



Руководство пользователя WIPO Sequence, версия 2.3.0

Цель настоящего документа — предоставить пользователям инструкции по выполнению основных операций в компьютерном приложении WIPO Sequence. Как правило, пользователями приложения являются заявители на получение патентов или их представители, желающие подать патентную заявку, которая содержит перечень последовательностей.

Последнее обновление: апрель 2023 года.

Руководство пользователя

WIPO Sequence, версия 2.3.0

1	ВВЕДЕНИЕ	6
	ОБЗОР	6
	СИСТЕМНЫЕ ТРЕБОВАНИЯ	6
	Установка	8
	Windows	8
	Linux	8
	OSX	8
	Тихая установка	9
	Удаление	9
	Windows	9
	Linux	9
	OSX	9
	Автоматическое обновление	10
2	ФУНКЦИИ ПРИЛОЖЕНИЯ	11
3	ОБЗОР ПРИЛОЖЕНИЯ	15
	ОСНОВНЫЕ ЭЛЕМЕНТЫ ПРИЛОЖЕНИЯ	15
	Представление	16
	Разделы	16
	Оверлей	16

Последнее обновление: апрель 2023 года.

Таблицы	17
Панели данных	18
Панель редактирования	18
Элемент выбора даты	19
PDF-ридер	20
Навигация при помощи клавиатуры	20
ОСНОВНОЕ ПРЕДСТАВЛЕНИЕ «ПРОЕКТЫ»	22
СТРАНИЦА ПРОЕКТА	23
СТРАНИЦА С ПОДРОБНОЙ ИНФОРМАЦИЕЙ О ПРОЕКТЕ	25
Основная информация	25
СПРАВКА	26
ВОЗМОЖНОСТЬ ИЗМЕНЕНИЯ НАСТРОЕК	27
4 ФУНКЦИИ ПРИЛОЖЕНИЯ	28
ОСНОВНАЯ СТРАНИЦА ПРОЕКТОВ	28
Создание проекта	28
Импорт проекта	29
Импорт перечня последовательностей	32
Проверка перечня последовательностей	36
Удаление проекта	39
ЛИЦА И ОРГАНИЗАЦИИ	40
Создание нового лица или организации	40
ПОЛЬЗОВАТЕЛЬСКИЕ ОРГАНИЗМЫ	41
Создание пользовательского организма	41
Экспорт пользовательских организмов	42
Импорт пользовательских организмов	43
НАСТРОЙКИ	45
СТРАНИЦА С ПОДРОБНОЙ ИНФОРМАЦИЕЙ О ПРОЕКТЕ	48

Печать проекта	48
Экспорт проекта	49
Импорт данных из другого проекта	50
Возможность проверки проекта	52
Создание перечня последовательностей	55
Раздел General Information («Общая информация»)	56
Подраздел «Application Identification» («Идентификация заявки»)	56
Подраздел «Priority Identification» («Идентификация приоритета»)	58
Подраздел «Applicant & Inventor» («Заявитель и изобретатель»)	58
Подраздел «Invention Title» («Название изобретения»)	60
Раздел Sequences («Последовательности»)	61
Создание последовательности	61
Импорт последовательности	64
Вставка последовательности	68
Изменение порядка отображения последовательностей	70
Массовое редактирование	72
Редактирование последовательности	76
Характеристики	77
Квалификаторы	85
ЗАВИСИМЫЕ ОТ ЯЗЫКА КВАЛИФИКАТОРЫ	90
ОТЧЕТ ОБ ИМПОРТЕ	95
Таблица отчета об импорте	96
Таблица измененных данных	97
ОТОБРАЖЕНИЕ ПЕРЕЧНЯ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ	98
5 ФОРМАТЫ ФАЙЛОВ	103
ST.25	103
ФАЙЛЫ С МНОЖЕСТВЕННЫМИ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЯМИ	103

НЕОБРАБОТАННЫЕ ДАННЫЕ (RAW)	103
FASTA	104
ФАЙЛ В ФОРМАТЕ FASTA С ОДНОЙ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЬЮ	104

1 ВВЕДЕНИЕ

ОБЗОР

WIPO Sequence — компьютерное приложение, которое позволяет пользователю:

- (i) **создавать/редактировать перечень последовательностей в формате XML, соответствующий стандарту ВОИС ST.26**
- (ii) **проверять соответствие перечня последовательностей в формате XML стандарту ВОИС ST.26.**

Стандарт ВОИС ST.26 доступен по адресу:

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

В настоящем документе представлена информация об использовании приложения WIPO Sequence заявителем или представителем заявителя. Список функций приложения приводится в разделе 2 настоящего документа.

СИСТЕМНЫЕ ТРЕБОВАНИЯ

Приложение WIPO Sequence совместимо со следующими операционными системами:

- Windows 10, версия 1803 (32-разрядная и 64-разрядная версии)
- Linux: Ubuntu, версия 18.04, и CentOS 7, версия 1804
- MacOS, версия 10.13 (64-разрядная версия)

Помимо перечисленных выше версий, приложение совместимо также со следующими операционными системами:

- Windows 7 и новее (32-разрядная и 64-разрядные версии)
- Ubuntu, версия 12.04 и новее
- MacOS, версия 10.9 (64-разрядная версия)

Минимальные требования к аппаратному обеспечению для работы WIPO Sequence:

- Процессор: 1,6 ГГц
- ОЗУ: 4 ГБ
- Объем свободного места на жестком диске: 1 ГБ (для хранения информации о перечне последовательностей может потребоваться дополнительный объем)

свободного места)

- Разрешение экрана: 1366x768

Установка

Windows

Для установки WIPO Sequence на компьютер как с 32-разрядной, так и с 64-разрядной версией Windows используется один и тот же установочный файл. Следуйте указаниям мастера установки.

Обратите внимание, что при использовании 32-разрядной версии Windows у пользователей могут возникнуть проблемы с производительностью или же приложение может работать ненадлежащим образом.

Файлы баз данных, в которых хранится информация о проектах, и журнал приложения находятся в следующем месте:

```
C:\Users\<имя пользователя>\AppData\Roaming\ST26_authoring
```

При обновлении или удалении приложения эти файлы не удаляются, то есть при переустановке приложения данные проектов сохраняются.

Linux

WIPO Sequence предоставляется в виде файла в формате AppImage (<https://appimage.org/>), который совместим с большинством дистрибутивов Linux, включая CentOS и Ubuntu. Чтобы запустить файл, дважды щелкните файл или запустите его выполнение из командной строки.

При запуске сначала появится диалоговое окно с вопросом о том, необходимо ли создать ярлык на рабочем столе.

OSX

WIPO Sequence предоставляется в виде файла в формате dmg для установки приложения на компьютер с 64-разрядной операционной системой MacOS. Чтобы установить приложение, дважды щелкните файл и следуйте указаниям мастера.

Файлы баз данных, в которых хранится информация о проектах, и журнал приложения находятся в следующем месте:

```
/Users/<имя пользователя>/Library/Application Support/ST26_authoring
```

При обновлении или удалении приложения эти файлы не удаляются, то есть при переустановке приложения данные проектов сохраняются.

Тихая установка

WIPO Sequence поддерживает тихую установку, для чего используются следующие флаги во время установки (с установочным файлом .exe):

- `/S`: для запуска тихой установки
- `/allusers`: для установки приложения таким образом, чтобы оно было доступно всем пользователям Windows на соответствующем компьютере (данная установка требует входа в систему с правами администратора).

Удаление

Windows

В WIPO Sequence встроен мастер удаления, который можно запустить из раздела «Установка и удаление программ» в Windows.

Чтобы полностью удалить файлы журнала и файлы, в которых хранятся данные проектов, удалите следующую папку:

```
C:\Users\<имя пользователя>\AppData\Roaming\ST26_authoring
```

Linux

Чтобы удалить приложение с компьютера с операционной системой Linux, удалите файл `AppImage`. Кроме того, чтобы удалить соответствующий пункт меню, удалите файл с расширением `.desktop`, который находится в следующем месте:

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

Чтобы полностью удалить файлы журнала и файлы, в которых хранятся данные проектов, удалите следующую папку:

```
/Users/<имя пользователя>/.config/ST26_authoring
```

OSX

Удалить приложение с компьютера с операционной системой OSX можно в разделе «Программы» приложения Finder.

Чтобы полностью удалить файлы журнала и файлы, в которых хранятся данные проектов, удалите следующую папку:

```
/Users/<имя пользователя>/Library/Application Support/ST26_authoring
```

Автоматическое обновление

После запуска WIPO Sequence проверяет наличие обновлений, и если обновление будет найдено, приложение предложит пользователю перейти на более новую стабильную версию.

Рекомендуется не пропускать обновление, чтобы используемая версия приложения соответствовала последней версии ST.26.

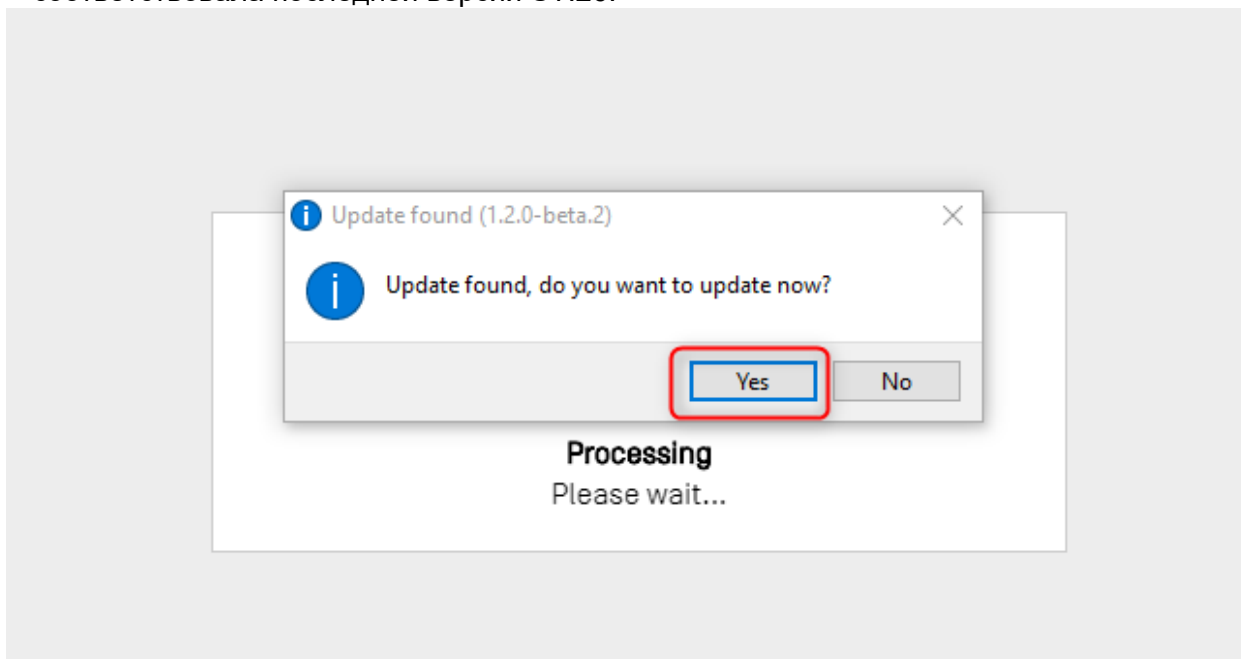


Рис. 1. Всплывающее окно автоматического обновления

Примечание:

Чтобы приложение могло обновляться автоматически, компьютер должен быть подключен к Интернету, а само приложение должно иметь разрешение на доступ к веб-сайту ВОИС по протоколу HTTP. Обратите внимание, что никакие пользовательские данные на сервер обновлений ВОИС не передаются.

Рекомендуется дождаться окончания загрузки и установки новой версии, а не переключать внимание с приложения.

2 ФУНКЦИИ ПРИЛОЖЕНИЯ

В данном разделе перечислены все функции, которые реализованы в текущей версии приложения:

Категория	Функция
Проекты	Создание проекта, в котором хранятся данные, относящиеся к одному перечню последовательностей
Проекты	Создание перечня последовательностей
Проекты	Редактирование атрибутов проекта
Проекты	Экспорт квалификаторов в свободном формате для трансляции (экспорт осуществляется в формате XLIFF)
Проекты	Экспорт всех данных проекта для последующего импорта в тот же самый или другой экземпляр системы (за исключением метаданных проекта)
Проекты	Отображение/экспорт сгенерированного перечня последовательностей в удобочитаемом формате (.html и .txt)
Проекты	Импорт всех данных, хранящихся в файле проекта (в формате .zip), в новый проект
Проекты	Импорт данных из файла перечня последовательностей стандарта ST.25 в новый проект
Проекты	Импорт данных из файла перечня последовательностей стандарта ST.26 в новый проект
Проекты	Импорт данных из последовательности в формате FASTA в существующий проект
Проекты	Импорт данных о последовательности из файла с множественными последовательностями (multi-sequence)
Проекты	Импорт в текущий (целевой) проект данных из другого (исходного) проекта
Проекты	Вывод на печать данных проекта

Проекты	Вывод на печать данных созданного перечня последовательностей стандарта ST.26
Проекты	Контроль изменения данных при импорте с формированием отчета, в котором указываются исходные и измененные данные
Проекты	Проверка файла перечня последовательностей стандарта ST.26 с представлением списка обнаруженных проблем в виде отчета о проверке, содержащего предупреждения и сообщения об ошибках
Проекты	Проверка данных проекта с представлением списка обнаруженных проблем в виде отчета о проверке, содержащего предупреждения и сообщения об ошибках
Проекты	Удаление проекта
Общая информация	Добавление в проект названия изобретения и кода соответствующего языка
Общая информация	Добавление в проект информации о заявке (текущей или предшествующей)
Общая информация	Добавление в проект информации о заявителе или изобретателе
Последовательности	Добавление в последовательность характеристики «source» и ее обязательных квалификаторов
Последовательности	Добавление характеристики в последовательность
Последовательности	Добавление квалификатора к характеристике
Последовательности	Создание последовательности в проекте
Последовательности	Массовое редактирование или добавление характеристик к диапазону последовательностей
Последовательности	Массовый пропуск серии последовательностей
Последовательности	Массовое удаление диапазона последовательностей
Последовательности	Создание последовательности и/или ее вставка в произвольную позицию в перечне
Последовательности	Импорт последовательности в существующий проект

Последовательности	Удаление последовательности
Последовательности	Автоматическое создание квалификатора трансляции и, при необходимости, связанной с ним аминокислотной последовательности, определяемой квалификатором «protein_id», для выбранной характеристики «CDS»
Последовательности	Редактирование данных квалификатора
Последовательности	Редактирование данных последовательности
Последовательности	Редактирование данных ключа характеристики
Последовательности	Указание местоположения для выбранной характеристики
Последовательности	Проверка отсутствия недопустимых символов в остатках
Последовательности	Выбор одного из заданных значений для атрибута молекулы аминокислотной последовательности
Последовательности	Трансляция последовательности нуклеиновых кислот согласно указанному номеру таблицы генетических кодов (по умолчанию значение генетического кода равняется 1)
Последовательности	Импорт пар квалификаторов в свободном формате вида источник-результат в формате XLIFF для обеспечения трансляции в проекте
Последовательности	Массовое редактирование аннотаций последовательностей, включая квалификатор «mol_type»
Последовательности	Массовое удаление диапазона последовательностей с помощью массового редактирования
Последовательности	Изменение порядка отображения последовательностей в перечне последовательностей
Пользовательские организмы	Добавление названия пользовательского организма в перечень названий организмов в системе
Пользовательские организмы	Экспорт перечня названий пользовательских организмов в текстовый файл, который впоследствии можно импортировать в другой экземпляр WIPO Sequence

Пользовательские организмы	Импорт перечня названий пользовательских организмов из файла формата XLIFF в существующий проект
Лицо/организация	Сохранение в приложении данных о заявителе или изобретателе (например, имени, соответствующего кода языка, перевода имени или его транслитерации латинскими символами (если применимо), адреса и прочих данных) для последующего использования в различных проектах
Лицо/организация	Создание нового лица или организации
Настройки	Настройка определенных параметров приложения, которые влияют на все проекты, созданные данным экземпляром

3 ОБЗОР ПРИЛОЖЕНИЯ

ОСНОВНЫЕ ЭЛЕМЕНТЫ ПРИЛОЖЕНИЯ

В этом разделе содержится подробная информация об основных элементах приложения. Эта информация призвана дать пользователю общее представление о компонентах приложения.

Страница является основным контейнером для представлений в приложении. В приложении имеется две основных страницы, содержащих следующие представления:

- Главная страница
 - Основное представление «Projects» (основное представление «Проекты»)
 - «Persons and Organizations» («Лица и организации»)
 - «Custom Organisms» («Пользовательские организмы»)
 - «Preferences» («Настройки»)
- Страница проекта (доступна из представления Projects («Проекты»))
 - «Project Detail» (Подробная информация о проекте)
 - «Verification Report» («Отчет о проверке»)
 - Language Dependent Qualifiers («Зависимые от языка квалификаторы»)
 - «Import Report» («Отчет об импорте»)
 - «Display Sequence Listing» («Отобразить перечень последовательностей»)

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

Рис. 2. Основное представление Project (основное представление «Проекты»)

Представление

Расположенные на одной странице элементы, содержащие некоторую информацию, называются представлениями.

Разделы

Некоторые представления могут содержать разделы. Разделы позволяют группировать различные элементы данных представления, содержащего большой объем информации.

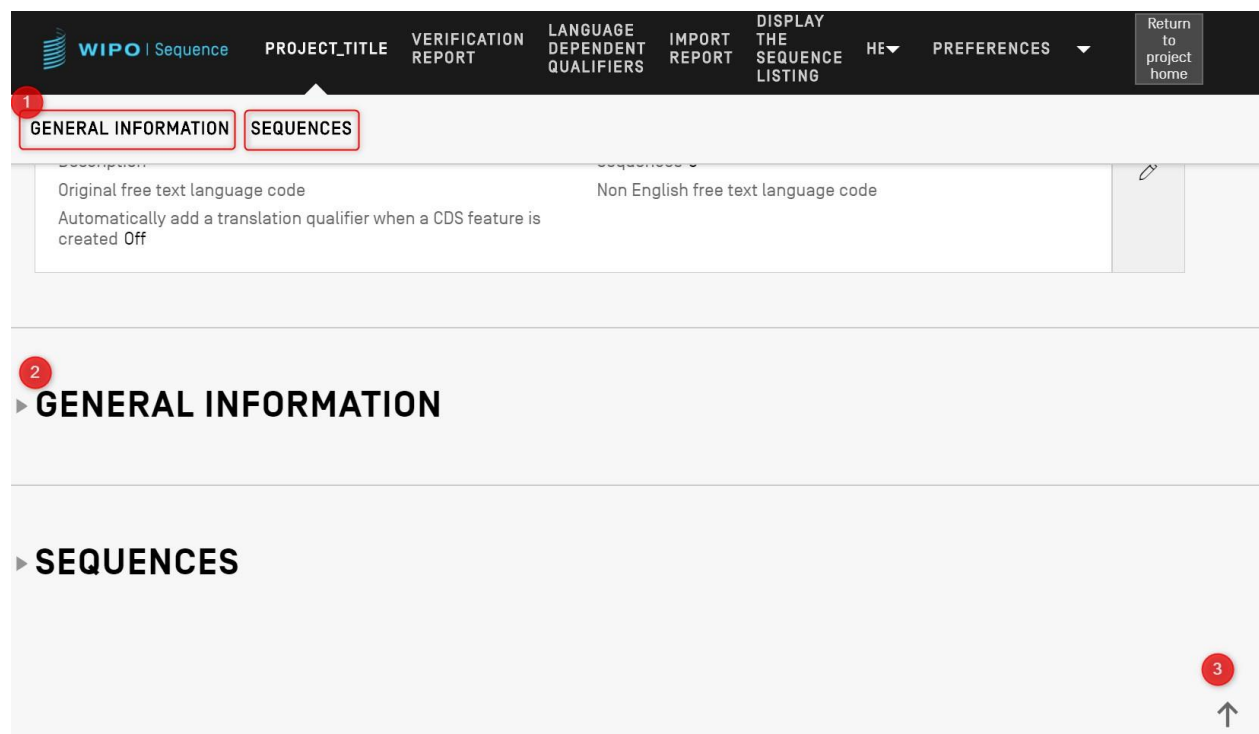


Рис. 3. Подробная информация о проекте

Подробная информация о проекте, как показано на Рис. 2, содержит два разворачивающихся раздела: «General Information» («Общая информация») и «Sequences» («Последовательности»). В верхней части окна имеется две ссылки, которые позволяют осуществлять переход к соответствующим разделам (1); для удобства навигации каждый раздел можно свернуть или развернуть (на это указывает маленький треугольник слева) (2); чтобы перейти к верхней части представления «Project Detail» («Подробная информация о проекте»), щелкните значок стрелки (3).

Оверлей

Когда необходимо заполнить или изменить данные на какой-либо панели, иногда поверх текущего представления появляется оверлей, при этом фон затемняется, как показано на Рис. 4.

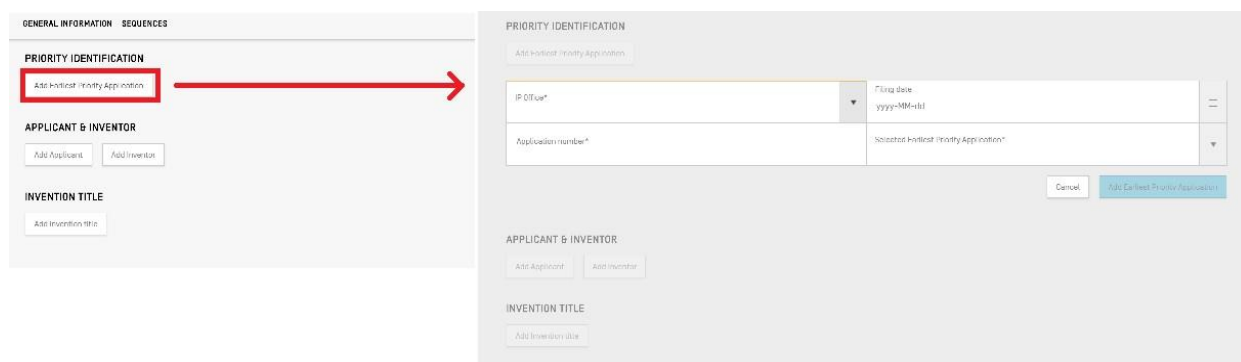


Рис. 4. Оверлей

Когда появляется оверлей, все расположенные за ним элементы становятся недоступными, а изменять можно только элементы, которые не закрыты оверлеем.

Таблицы

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

Рис. 5. Пример таблицы

Пример таблицы показан на Рис. 5. Если предусмотрена возможность поиска по таблице, можно ввести поисковый запрос и нажать кнопку поиска справа от строки поиска (1). Чтобы вернуться к полному списку элементов таблицы, очистите поле ввода поиска и нажмите кнопку поиска (1).

Если все записи в таблице не помещаются на одной странице, используйте кнопки под таблицей для перехода по страницам (2). Чтобы удалить запись из таблицы, щелкните значок корзины справа от соответствующей строки (3). Чтобы перейти в режим редактирования записи таблицы, щелкните подчеркнутое значение в соответствующей строке (подчеркивание означает, что элемент можно открыть для редактирования щелчком мыши) (4).

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

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

Cancel Save

Рис. 6. Редактирование таблицы

После выбора соответствующей записи на экране появится оверлей и под таблицей откроется панель редактирования.

Панели данных

Панели данных используются для отображения группы данных. Элементы на панели информации могут быть распределены по нескольким столбцам. Каждый элемент имеет название и значение, указывать которое не всегда обязательно.

▼ **GENERAL INFORMATION**

APPLICATION IDENTIFICATION 1

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

Рис. 7. Пример панели данных

Как показано на Рис. 6, если нажать на значок карандаша на панели данных (1), вместо панели данных появится панель редактирования.

Панель редактирования

После открытия панели редактирования вы увидите поля, которые можно изменять. Изменив значения в этих полях, вы можете внесенные изменения сохранить или отменить,

нажав кнопку «Save» («Сохранить») (1) или «Cancel» («Отменить») (2) соответственно (как показано на Рис. 8).

Примечание:

В нередактируемых полях значения выделены серым цветом.

▼ GENERAL INFORMATION

APPLICATION IDENTIFICATION

IP Office
GB

Application Identification*
 Before the assignment of the application number
 After the assignment of the application number

Applicant file reference*
ABC1234
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 Save

Рис. 8. Изменение панели

Элемент выбора даты

Если необходимо ввести дату, используйте элемент выбора даты. Нажмите на значок календаря (1), чтобы открыть элемент выбора даты (2), как показано на Рис. 9.

Year: 2019, Month: Feb

Calendar grid showing dates from 27 to 09.

Filing date: 2019-02-22

Рис. 9. Элемент выбора даты

Выбранная дата имеет серый фон (22-е число), а текущая дата выделена черным подчеркиванием (26-е число). Первым днем недели считается воскресенье.

Кроме того, можно просто ввести необходимую дату в соответствующем формате («гггг-мм-дд») (3).

PDF-ридер

При печати отчета о проверке определенного перечня последовательностей, отчета об импорте или информации о проекте, создается файл PDF, который открывается в PDF-ридере. Чтобы скачать файл и сохранить его, нажмите на значок загрузки в правом верхнем углу окна PDF-ридера (1), как показано на Рис. 10.



Рис. 10. Окно PDF-ридера

Навигация при помощи клавиатуры

WIPO Sequence поддерживает базовую навигацию при помощи клавиатуры. Клавиша TAB служит для перехода между элементами, а пробел — для постановки флажков и использования переключателей.

Фокус внимания при навигации виден на Рис. 11:

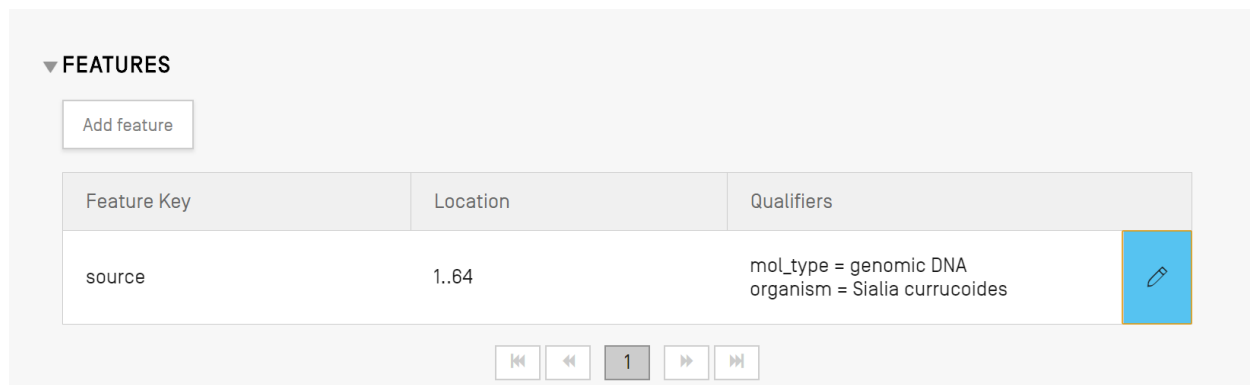
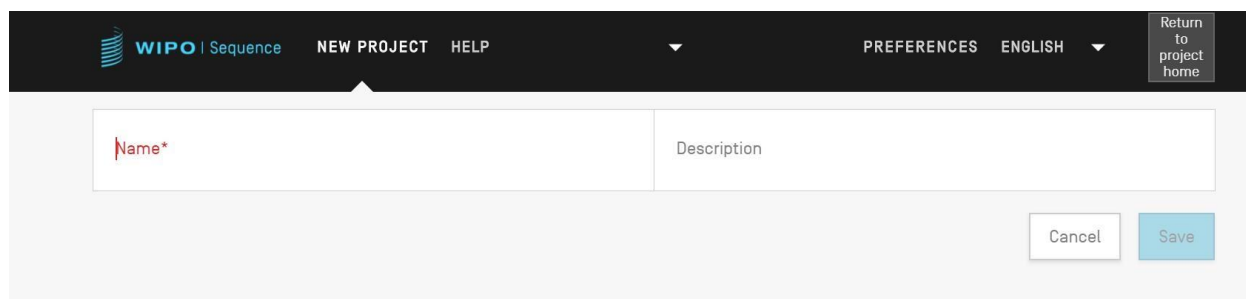


Рис. 11. Фокус на кнопке «Edit feature» («Редактировать характеристику»)

Курсор и фокус внимания — на поле ввода слева сверху.

Например, при создании нового проекта есть только одно обязательное поле: название. Курсор и фокус уже установлены на поле названия проекта, как показано на Рис. 12 ниже:



The screenshot shows the top navigation bar of the WIPO Sequence application. It includes the logo, 'NEW PROJECT', 'HELP', 'PREFERENCES', 'ENGLISH', and a 'Return to project home' button. Below the navigation bar is a form with two input fields: 'Name*' and 'Description'. The 'Name*' field is highlighted with a red border and has a cursor inside it. At the bottom right of the form are 'Cancel' and 'Save' buttons.

Рис. 12. Фокус курсора на обязательном поле

ОСНОВНОЕ ПРЕДСТАВЛЕНИЕ «ПРОЕКТЫ»

Главная страница приложения состоит из трех основных представлений:

Представление «**Projects**» («Проекты») (см. Рис. 13), представление «**Persons & Organizations**» («Лица и организации») (см. Рис. 14), а также представление «**Organisms**» (см. Рис. 15). Кроме того, в правом верхнем углу находится представление «**Preferences**» («Настройки») (см. Рис. 19), которое затрагивает все проекты.

Project name :	Applicant file reference :	Applicant name :	Invention title :	Status :	Creation Date :
cds_feature	15123-WO-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	aaaaaaaa	modified	2021-09-06
cds_feature	15123-WO-PCT[2]	Novozymes A/S	Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same	invalid	2021-09-02
cdsFeatures	15123-WO-PCT[2]	Novozymes A/S	Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same	modified	2021-09-01

Рис. 13. Основное представление «Projects» (основное представление «Проекты»)

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

Рис. 14. Представление «Persons & Organizations» («Лица и организации»)

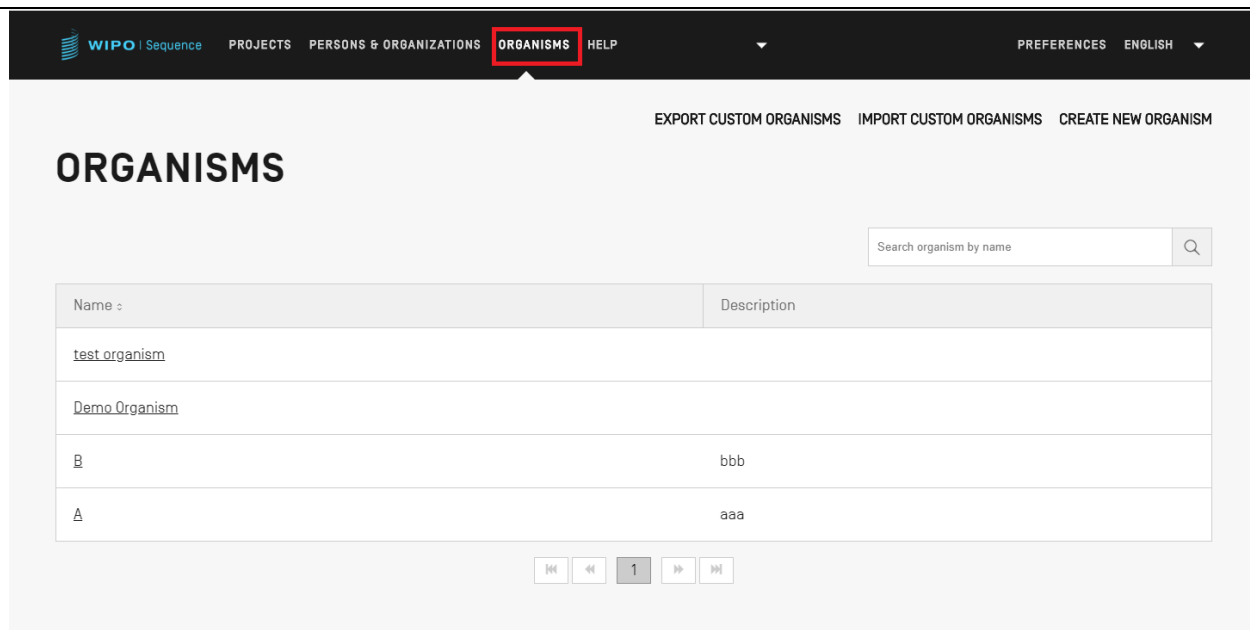


Рис. 15. Представление «Organisms» («Организмы»)

СТРАНИЦА ПРОЕКТА

Страница проекта состоит из шести представлений, между которыми можно переключаться для выполнения различных действий, как показано на Рис. 16:

1. «Project Detail» («Подробная информация о проекте») (1) (обозначается названием проекта, здесь показано как «Project» («Проект»)): основное представление, в котором указана все информация о проекте,
2. «Verification Report» («Отчет о проверке») (2): здесь доступен отчет о проверке,
3. «Language Dependent Qualifiers» («Зависимые от языка квалификаторы») (3): здесь доступны зависимые от языка квалификаторы в свободном формате и их экспорт/импорт,
4. Import Report («Отчет об импорте») (4): здесь доступен отчет об импорте,
5. «Display Sequence Listing» («Отобразить перечень последовательностей») (5): здесь доступны сгенерированные перечни последовательностей стандарта ST.26 в удобочитаемых форматах, и
6. «Help» («Справка»): здесь представлены ссылки на руководство пользователя, стандарт ВОИС ST.26 и база знаний по WIPO Sequence и стандарту ST.26 (6)
7. «Preferences» («Настройки») (7).

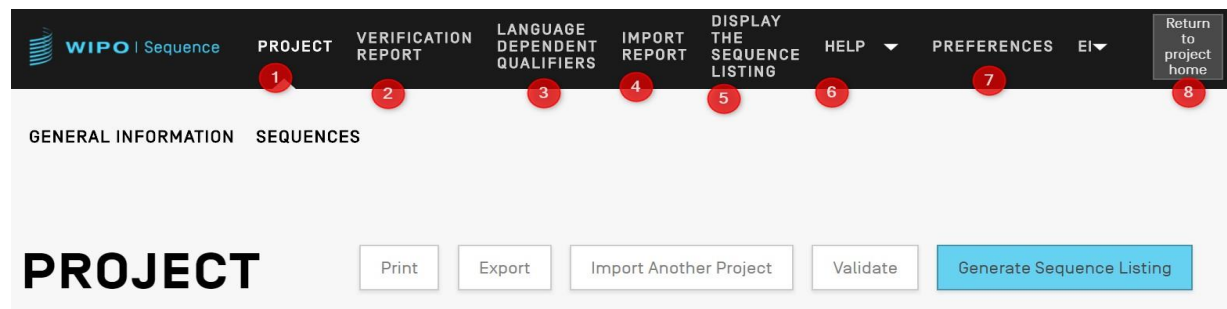


Рис. 16: Проверка названия проекта Панель инструментов «Project Detail» («Подробная информация о проекте»)

Чтобы вернуться к основной странице представления «Projects» («Проекты»), нажмите кнопку «Return to project home» («Назад к основному представлению «Проекты»») (8) справа в заголовке страницы / на панели инструментов.

СТРАНИЦА С ПОДРОБНОЙ ИНФОРМАЦИЕЙ О ПРОЕКТЕ

Основная информация

В верхней части окна представления «Project Detail» («Подробная информация о проекте») находится таблица с основной информацией о проекте, как показано на Рис. 17.

В этом разделе содержится следующая информация:

- название проекта;
- дата и время создания проекта;
- дата и время последнего обновления проекта;
- статус проекта (возможные значения: 'new'/'modified'/'generated'/'invalid'/'valid'/'warnings') — обратите внимание, что это поле не редактируемое;
- описание проекта (необязательно);
- название импортированного файла (если проект был импортирован);
- код оригинального языка текста в свободном формате для квалификаторов в свободном формате;
- число последовательностей (в поле «Sequences» («Последовательности»));
- флажок для автоматического добавления квалификатора трансляции при создании характеристики «CDS» (функция на уровне проекта);
- код языка для свободного текста не на английском языке.

The screenshot shows the 'GENERAL INFORMATION' tab for project 'ST26T-2136'. The interface includes a top navigation bar with options like 'WIPO | Sequence', 'ST26T-2136', 'VERIFICATION REPORT', 'LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS', 'IMPORT REPORT', 'DISPLAY THE SEQUENCE LISTING', 'HELP', 'PREFERENCES', 'ENGLISH', and 'Return to project home'. Below the navigation bar, there are buttons for 'Print', 'Export', 'Import Another Project', 'Validate', and 'Generate Sequence Listing'. The main content area displays project details in a table:

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	

Рис. 17. Основная информация

СПРАВКА

В данном приложении в справочном разделе пользователю доступны разные варианты получения помощи (см. Рис. 18).

В справке содержится следующая информация:

- ссылка на руководство пользователя¹;
- ссылка на базу знаний по стандарту ВОИС ST.26²;
- ссылка на форму для связи с группой поддержки WIPO Sequence;
- ссылка на стандарт ВОИС ST.26³;
- основная информация о компьютерном приложении WIPO Sequence.

¹ На момент публикации данная ссылка ведет к англоязычной версии руководства пользователя, доступной в режиме офлайн, или на остальных девяти языках РСТ в режиме онлайн

² На момент публикации данная ссылка ведет к базе знаний по WIPO Sequence и стандарту ST.26.

³ На момент публикации данная ссылка ведет к последней версии стандарта на английском, французском или испанском языках в режиме онлайн.

Примечание:

В комплекте с WIPO Sequence последней версии поставляется руководство пользователя и документ со стандартом ВОИС ST.26 только на английском языке. При выборе другого языка для графического интерфейса необходимо подключиться к Интернету, чтобы получить доступ к другим языковым версиям Стандарта и руководства пользователя. Однако ссылка будет предоставлена на ту языковую версию, которая соответствует выбору.

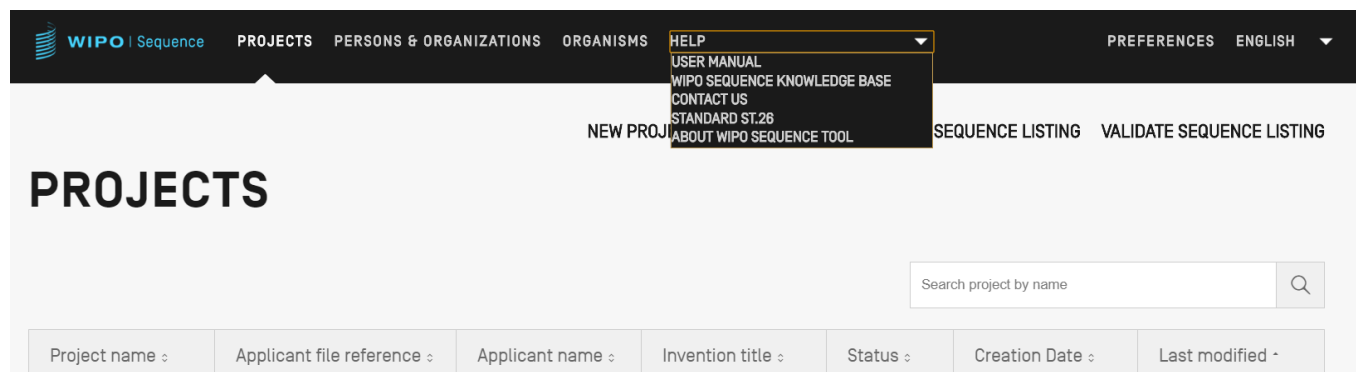


Рис. 18. Выпадающее меню «Help» («Справка»)

ВОЗМОЖНОСТЬ ИЗМЕНЕНИЯ НАСТРОЕК

В последнем представлении можно задать настройки, которые применяются ко всем проектам (см. Рис. 19). Подробная информация о каждом из параметров приводится найти ниже в соответствующем разделе «Функции приложения».

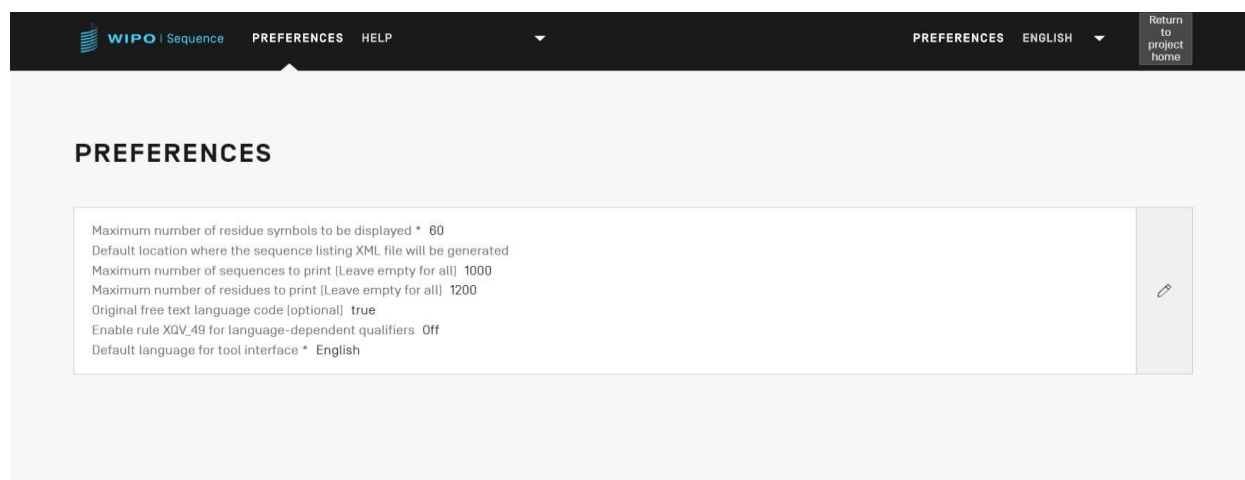


Рис. 19. Представление «Preferences» («Настройки»)

4 ФУНКЦИИ ПРИЛОЖЕНИЯ

ОСНОВНАЯ СТРАНИЦА ПРОЕКТОВ

В этом разделе подробно описаны различные функции основного представления «Projects» («Проекты»).

Проект представляет собой объектную структуру, которая используется приложением для хранения данных, необходимых для создания перечня последовательностей. В качестве значений для создаваемого перечня последовательностей приложение использует хранящиеся в проекте данные после их проверки на соответствие стандарту ВОИС ST.26.

В этом представлении отображается список созданных проектов, предоставляя пользователю возможность сортировки или использования функции поиска для фильтрации по названию проекта, ссылке на файл заявителя, имени заявителя, названию изобретения, статусу или дате создания.

Примечание:

Приложение отображает не более 1000 проектов. Если проект не отображается в представлении «Projects Home» («Проекты: домашняя страница»), пользователь должен использовать функцию поиска, чтобы найти проект по его названию, поскольку он по-прежнему хранится локально, но не будет виден в этом представлении.

Создание проекта

Чтобы создать новый проект, перейдите к основному представлению «Projects» (основное представление «Проекты»), где отображается перечень проектов (см. Рис. 20).

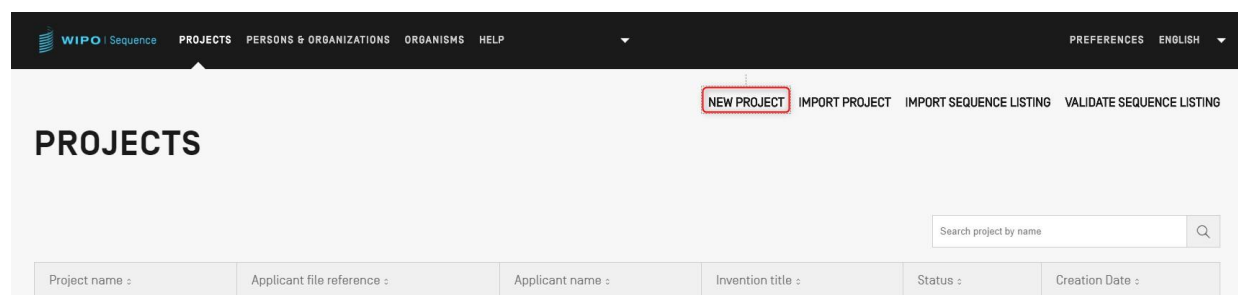


Рис. 20. Создание нового проекта, шаг 1

- 1) Нажмите «NEW PROJECT» («НОВЫЙ ПРОЕКТ») в верхней части окна, как показано на Рис. 20. Приложение запросит ввести «Name» («Название») (обязательно) и «Description» («Описание») (необязательно).

The screenshot shows a web form for creating a new project. At the top, there is a dark navigation bar with the WIPO logo and 'Sequence' text, followed by 'NEW PROJECT' and 'HELP' with a dropdown arrow. On the right side of the bar are 'PREFERENCES', 'ENGLISH' with a dropdown arrow, and a 'Return to project home' button. Below the navigation bar, the form consists of two input fields: 'Name*' and 'Description'. At the bottom right of the form are two buttons: 'Cancel' and 'Save'.

Рис. 21. Создание нового проекта, шаг 2

- 2) После ввода названия проекта в соответствующее поле станет активной кнопка «Save» («Сохранить»), и проект можно будет сохранить. На Рис. 22 показан перечень проектов в основном представлении «Project» (основное представление «Проекты»), в котором присутствует и данный новый проект.

The screenshot displays the 'PROJECTS' page. The top navigation bar contains 'WIPO | Sequence', 'PROJECTS', 'PERSONS & ORGANIZATIONS', 'ORGANISMS', 'HELP', 'PREFERENCES', and 'ENGLISH'. Below the navigation bar, there are sub-navigation links: 'NEW PROJECT', 'IMPORT PROJECT', 'IMPORT SEQUENCE LISTING', and 'VALIDATE SEQUENCE LISTING'. A search bar with the placeholder 'Search project by name' and a magnifying glass icon is located above the table. The table has the following columns: 'Project name', 'Applicant file reference', 'Applicant name', 'Invention title', 'Status', and 'Creation Date'. Two rows of project data are visible.

Project name	Applicant file reference	Applicant name	Invention title	Status	Creation Date
cds_feature	15123-WO-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

Рис. 22. Новый проект показан в кратком виде

Импорт проекта

Приложение позволяет импортировать проект, который был ранее экспортирован, как показано на Рис. 53. Чтобы импортировать файл проекта, перейдите к основному представлению «Projects» (основное представление «Проекты»), где отображается перечень проектов, как показано ниже на Рис. 23.

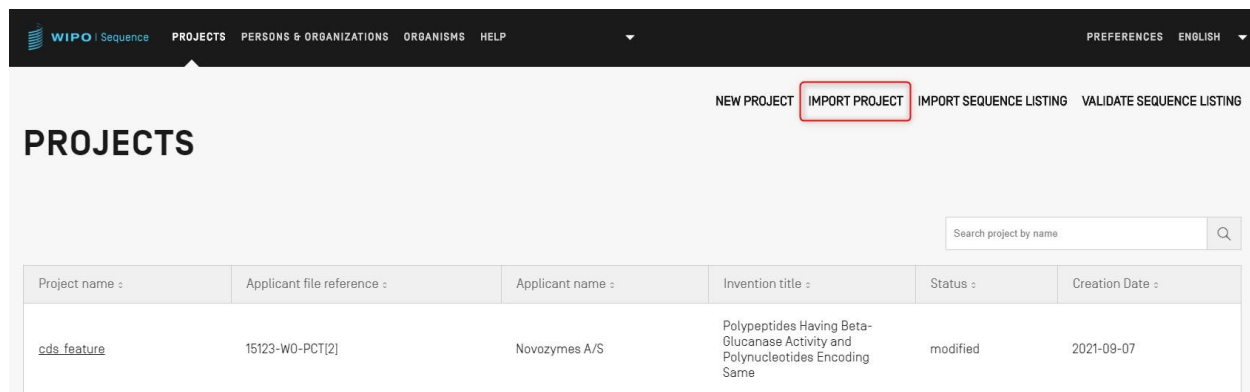


Рис. 23. Импорт проекта, шаг 1

- 1) Нажмите на ссылку «IMPORT PROJECT» («ИМПОРТИРОВАТЬ ПРОЕКТ») в верхней части окна, как показано на Рис. 23.

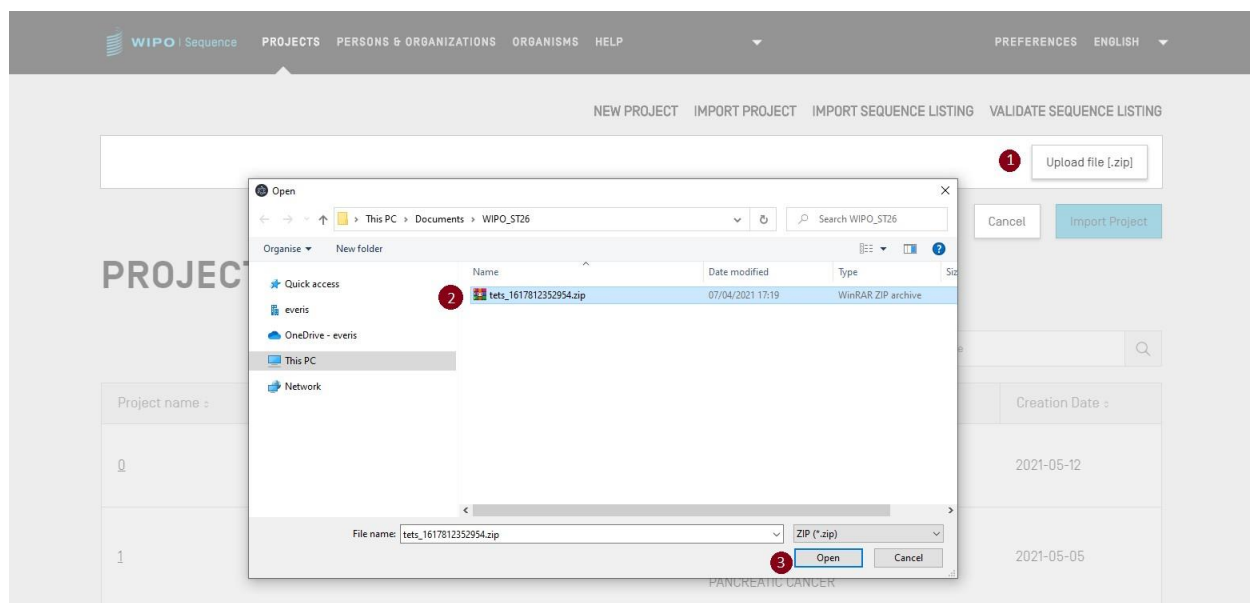


Рис. 24. Импорт проекта (диалоговое окно)

- 2) На появившемся оверлее нажмите кнопку «Upload file [.zip]» («Загрузить файл [.zip]») (1), как показано на Рис. 24.
- 3) В открывшемся диалоговом окне выберите файл проекта для импорта (2 и 3), как показано на Рис. 24.

The screenshot shows the 'Import Project' form in the WIPO Sequence application. At the top, there is a navigation bar with 'WIPO Sequence' and menu items: PROJECTS, PERSONS & ORGANIZATIONS, ORGANISMS, HELP. On the right, there are 'PREFERENCES' and 'ENGLISH' dropdown menus. Below the navigation bar, there are links for 'NEW PROJECT', 'IMPORT PROJECT', 'IMPORT SEQUENCE LISTING', and 'VALIDATE SEQUENCE LISTING'. The main form area contains a file upload field with the text 'st26t-2576 (1).xml_1640106895750.zip' and an 'Upload file (.zip)' button. Below this is a checkbox labeled 'Enter the sequences to be imported' with a red circle and the number '1' next to it. Underneath is a table with two columns: 'Sequence Number (ID)' and 'Position'. The table has two rows with '1' and '2' in the 'Sequence Number (ID)' column. Below the table is a pagination control showing '1' in a box. At the bottom of the form, there is a section titled 'Select Range of Sequence IDs.' with a red circle and the number '2' next to it. Below this section is a text input field containing '1-2'. A note below the input field says: '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 of the form are 'Cancel' and 'Import Project' buttons.

Рис. 25. Импорт проекта (выбор диапазона последовательностей)

- 4) Если флажок «Select Range Sequences» («Выберите диапазон последовательностей») не установлен, будут импортированы все последовательности. Если вы хотите выбрать, какие последовательности импортировать в проект, установите флажок «Select Range Sequences» («Выберите диапазон последовательностей») (1) и введите идентификационные номера желаемых последовательностей в соответствующее поле (2), как показано на Рис. 25. Можно указать отдельную последовательность, несколько последовательностей, разделенных запятыми, или диапазон последовательностей в формате $x-y$.

Пример: «1, 3, 7, 13-20, 30-50».

По умолчанию общее число последовательностей импортированного проекта будет отображаться в виде диапазона, т.е.: 1- общее число последовательностей

- 5) Затем нажмите синюю кнопку «Import Project» («Импортировать проект») (3), как показано на Рис. 25.

Если проект успешно импортирован, в верхней части окна появится синий баннер с соответствующим сообщением (см. Рис. 26).

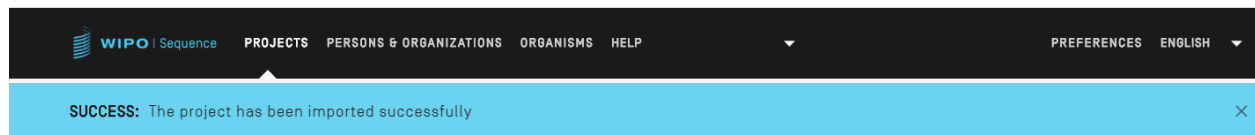


Рис. 26. Проект импортирован успешно (синий баннер)

Известная проблема: WIPO Sequence может генерировать множество неожиданных ошибок при импорте проекта, и неясно, чем это вызвано. В основном это происходит при зависании приложения. Если у вас возникли проблемы, попробуйте вновь запустить процесс импорта.

Импорт перечня последовательностей

Из основного представления «Projects» («Проекты») можно импортировать информацию о последовательностях только из перечня последовательностей стандарта ST.26 **или** стандарта ST.25. Используются следующие форматы файлов: *.xml для перечня стандарта ST.26 и *.txt для перечня стандарта ST.25.

- 1) Нажмите кнопку «IMPORT SEQUENCE LISTING» («ИМПОРТИРОВАТЬ ПЕРЕЧЕНЬ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ») в верхней части окна, как показано на Рис. 27.

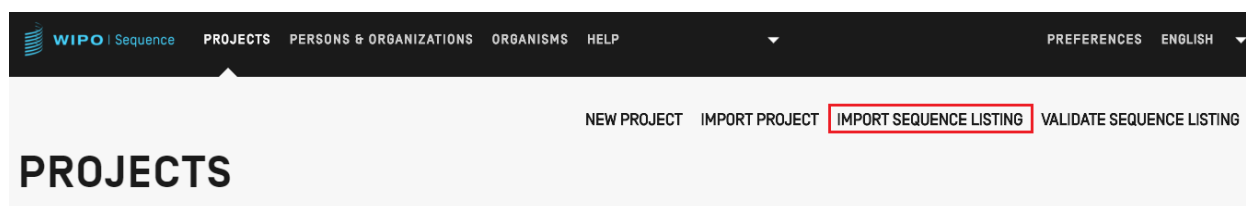
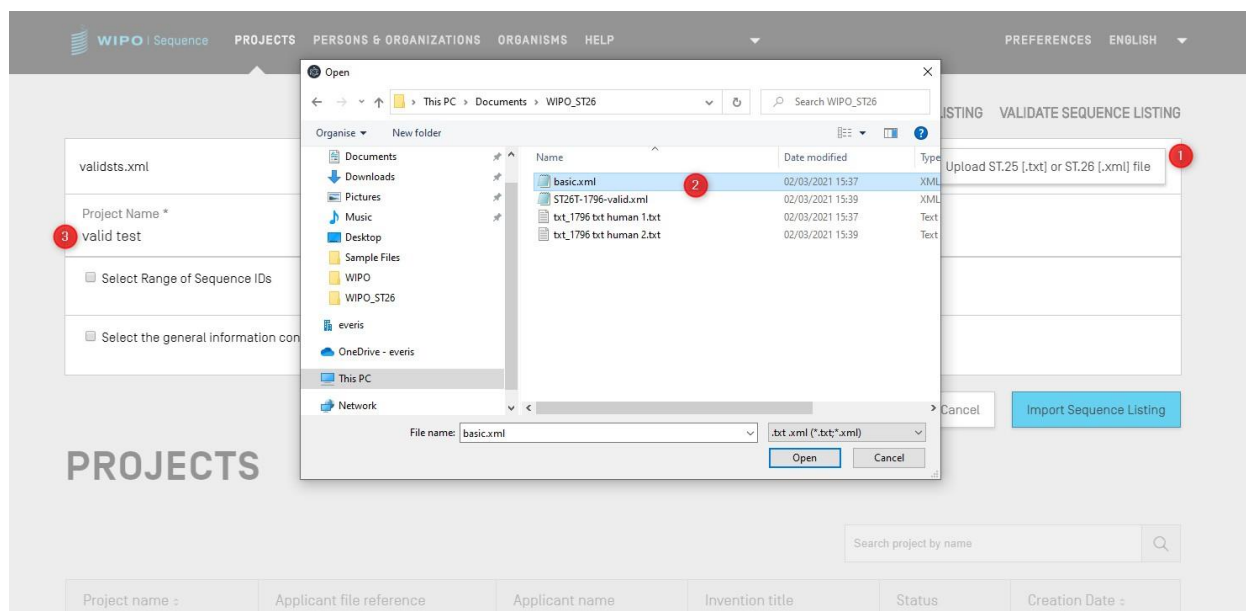


Рис. 27. Импорт перечня последовательностей, шаг 1

- 2) На появившемся оверлее (см. Рис. 28) нажмите кнопку «Upload file ST.25 [.txt] or ST.26 [.xml]» («Загрузить файл ST.25 [.txt] или ST.26 [.xml]») (1) и в открывшемся диалоговом окне (2) выберите нужный файл перечня последовательностей. Затем введите название создаваемого нового проекта в поле «Project Name» («Название проекта») (3).



Апрель 2023 года

Рис. 28. Импорт перечня последовательностей, диалоговое окно

Два основных флажка: «Select Range Sequences» («Выберите диапазон последовательностей») и «Select the general information contents to be imported» («Выберите общую информацию для импорта»), как показано на Рис. 29, позволяют указать, какие разделы должны быть импортированы в новый проект.

Sequence Number [ID]	Position
[1]	1

Рис. 29. Импорт перечня последовательностей, выбор последовательностей

Первый флажок позволяет указать, какие конкретно последовательности вы хотите импортировать из перечня последовательностей. Можно указать отдельную последовательность, несколько последовательностей, разделенных запятыми, или диапазон последовательностей в формате $x-y$.

Пример: «1, 3, 7, 13-20, 30-50».

По умолчанию общее число последовательностей импортированного перечня последовательностей будет отображаться в виде диапазона.

Таблица, показанная на Рис. 28, состоит из двух столбцов: в одном указан идентификационный номер соответствующей последовательности, а в другом — позиция, в которой данная последовательность будет отображаться в перечне последовательностей.

Project Name
Insectidal Proteins |

Select Range Sequences

Select the general information contents to be imported

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

The data for the selected attributes will be overwritten

Рис. 30. Импорт перечня последовательностей, выбор подразделов общей информации

Если установить второй флажок, появятся дополнительные флажки, позволяющие выбрать отдельные элементы, которые необходимо импортировать или игнорировать, как показано на Рис. 30 выше.

- 3) Нажмите синюю кнопку «Import Project» («Импортировать проект»), чтобы создать новый проект.

Если перечень последовательностей импортирован без ошибок, отобразится таблица «Changed Data» (таблица измененных данных), как показано на Рис. 31; в этой таблице содержится информация об автоматических изменениях, внесенных при импорте файла стандарта ST.25, файла с множественными последовательностями или файла с необработанными данными последовательностей, чтобы привести формат представления данных в соответствие со стандартом ST.26.

Примечание: обратите внимание, что для целей импорта перечня последовательностей характеристики и квалификаторы чувствительны к регистру и должны соответствовать значениям, приведенным в приложении I к стандарту ВОИС ST.26.

Важно также отметить, что перечни последовательностей, соответствующие требованиям стандарта ST.25, в которые происходит импорт, должны быть действительными, поскольку в противном случае функциональность WIPO Sequence не может быть гарантирована.

The screenshot shows the 'Import Report' page with a 'Print Report' button in the top right. Below the title is a section for 'Changed Data' containing a table with the following data:

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

Navigation buttons are visible at the bottom of the table area.

Рис. 31. Импорт перечня последовательностей, таблица измененных данных

При импорте файла стандарта ST.25 в представлении «Import Report» («Отчет об импорте») сперва будет показана таблица отчета об импорте, а затем — таблица измененных данных. Пример таблицы измененных данных показан на Рис. 31, а пример отчета об импорте — на Рис. 32.

The screenshot shows the 'Import Report' page with a 'Print Report' button in the top right. Below the title is a section for 'Import Report Messages' containing a table with the following data:

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

Рис. 32. Импорт перечня последовательностей, отчет об импорте

Теперь вы можете вернуться к основному представлению «Projects» (основное представление «Проекты») (2) или распечатать отчет об изменениях в формате PDF (1) (см. Рис. 32).

Инструкции по загрузке файла в формате PDF содержатся в разделе, изображенном на Рис. 10.

В процессе импорта может произойти сбой, если в файле перечня последовательностей есть ошибки. В этом случае при попытке импорта пользователь увидит уведомление о возникновении ошибки в процессе импорта в виде красного баннера (см. Рис. 33).

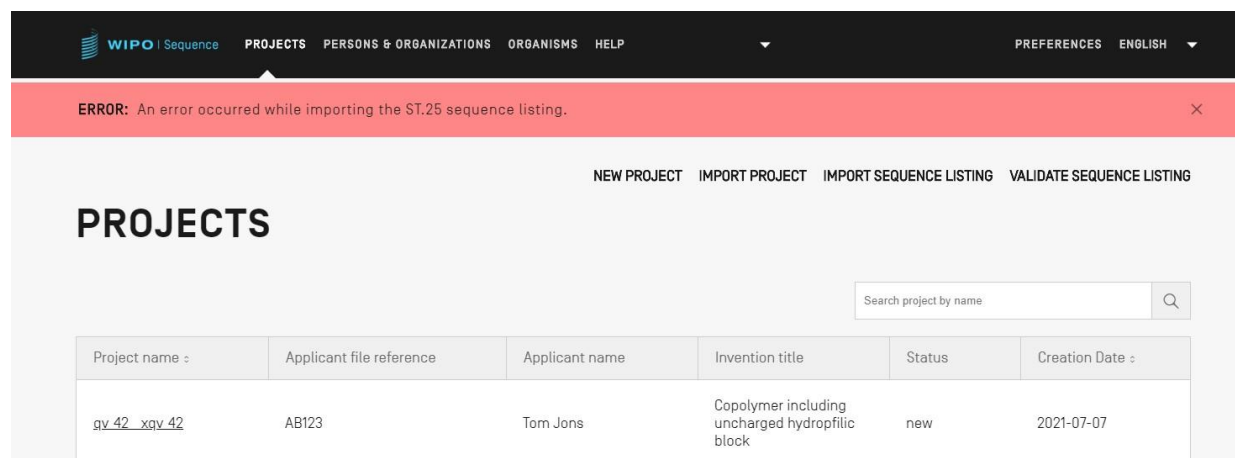


Рис. 33. Импорт перечня последовательностей стандарта ST.25, красный баннер

Наилучшим образом приложению функционирует при пороговом ограничении в 100 тыс. последовательностей. При работе с большими перечнями последовательностей пользователь может использовать следующее обходное решение: разделить процесс импорта на ряд шагов, выбрав определенный диапазон последовательностей для импорта, а затем импортировать эти последовательности в проект по частям. Например, перечень последовательностей размером примерно 100 тыс. последовательностей можно разбить на серию из 10 последовательностей по 10 тыс. единиц каждая и импортировать их по одной. Первые 10 тыс. будут использованы на этапе создания проекта.

Проверка перечня последовательностей

Файл перечня последовательностей стандарта ST.26 можно проверить, нажав кнопку «VALIDATE SEQUENCE LISTING» («ПРОВЕРИТЬ ПЕРЕЧЕНЬ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ») в правом верхнем углу представления «Projects» («Проекты»), как показано на Рис. 34.

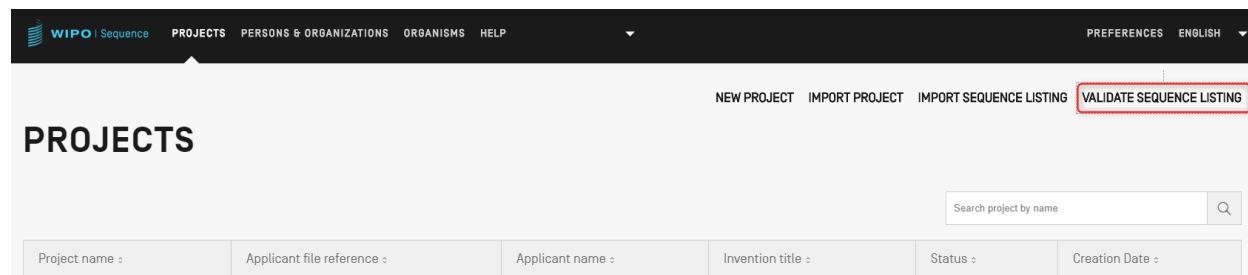


Рис. 34. Проверка перечня последовательностей

Затем нажмите кнопку «Upload file ST.26 [.xml]» («Загрузить файл стандарта ST.26 [.xml]») (1), как показано на Рис. 35, и выберите файл в открывшемся диалоговом окне (2). После

этого нажмите кнопку «Validate Sequence Listing» («Проверить перечень последовательностей») (3).

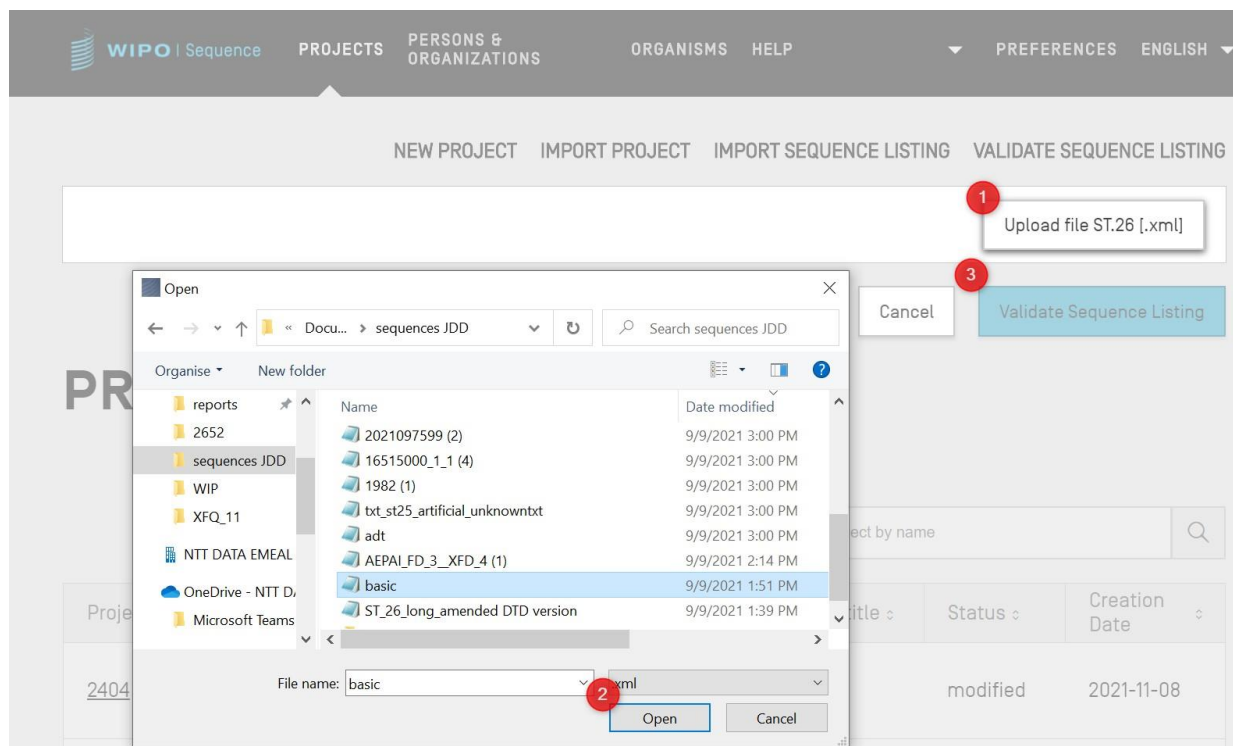


Рис. 35. Проверка перечня последовательностей, диалоговое окно

Если в перечне последовательностей не обнаружено ошибок, появится баннер, как показано на Рис. 36.



Рис. 36. Баннер, обозначающий успешное завершение проверки

Если в перечне последовательностей обнаружены ошибки, в установленном на компьютере браузере откроется отчет о проверке, в котором в табличной форме будут перечислены обнаруженные ошибки, как показано на Рис. 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

Рис. 37. Проверка перечня последовательностей, отчет о проверке

Расположение файла в формате HTML будет показано рядом с отчетом о проверке в формате XML (1) и (2) на тот случай, если понадобится скопировать файлы в другое место (см. Рис. 37).

Примечание: для корректного отображения файла необходимо разрешить запуск внутреннего скрипта (элемента управления ActiveX) в браузере IE на компьютере. Нажмите «Разрешить заблокированное содержимое» в браузере для корректной загрузки файла. В противном случае последовательности не будут отображаться в стандартном формате и их чтение будет затруднено.

Обратите внимание, что для проверки перечня последовательностей файл стандарта ST.26 должен соответствовать следующим требованиям:

файл должен иметь кодировку UTF-8 и должен содержать только допустимые символы согласно спецификации XML 1.0

файл должен содержать следующую строку DOCTYPE:

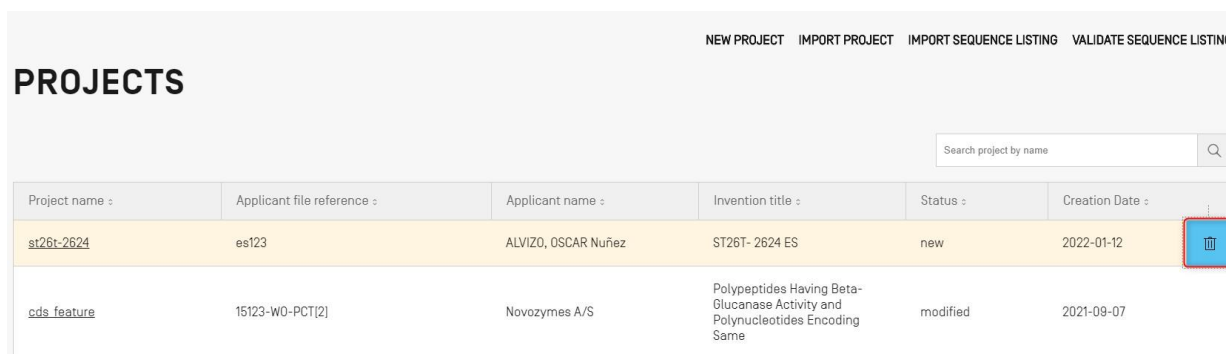
```
<!DOCTYPE ST26SequenceListing PUBLIC "-//WIPO//DTD Sequence Listing 1.3//EN" "ST26SequenceListing_V1_3.dtd">
```

атрибут «dtdVersion» должен соответствовать версии, указанной в определении типа документа (DTD):

файл должен соответствовать файлу определения типа документа ST26SequenceListing_V1_3.dtd⁴.

Удаление проекта

Чтобы удалить проект, перейдите к основному представлению «Projects» (основное представление «Проекты»), как показано на Рис. 38.



The screenshot shows a web interface for managing projects. At the top right, there are navigation links: NEW PROJECT, IMPORT PROJECT, IMPORT SEQUENCE LISTING, and VALIDATE SEQUENCE LISTING. Below these is a search bar labeled 'Search project by name'. The main content is a table with the following columns: Project name, Applicant file reference, Applicant name, Invention title, Status, and Creation Date. The first row of the table is highlighted in yellow and has a blue trash icon in its rightmost cell. The second row is also visible.


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	

Рис. 38: Удаление проекта, основное представление «Projects» (основное представление «Проекты»)

В таблице проектов щелкните значок корзины в той строке, которую желаете удалить.

⁴ Это последняя версия DTD на момент публикации данного документа

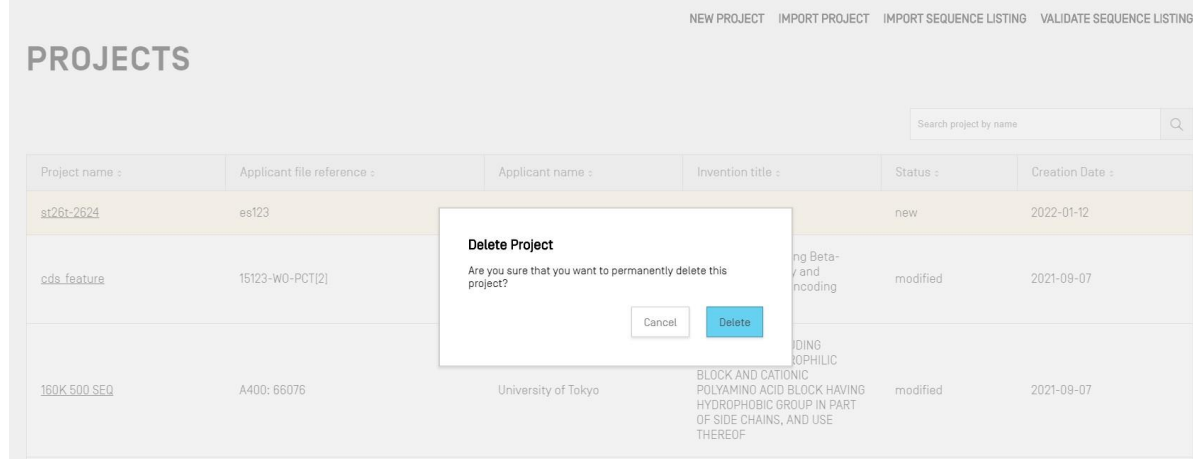


Рис. 39. Удаление проекта, диалоговое окно подтверждения

В появившемся диалоговом окне, изображенном на Рис. 39, нажмите «Delete» («Удалить»), чтобы подтвердить удаление выбранного проекта.

ЛИЦА И ОРГАНИЗАЦИИ

В этом разделе подробно описаны функции в рамках представления «Persons & Organizations» («Лица и организации»).

Создание нового лица или организации

Чтобы создать новое лицо или новую организацию, перейдите к представлению «Persons & Organizations» («Лица и организации»).

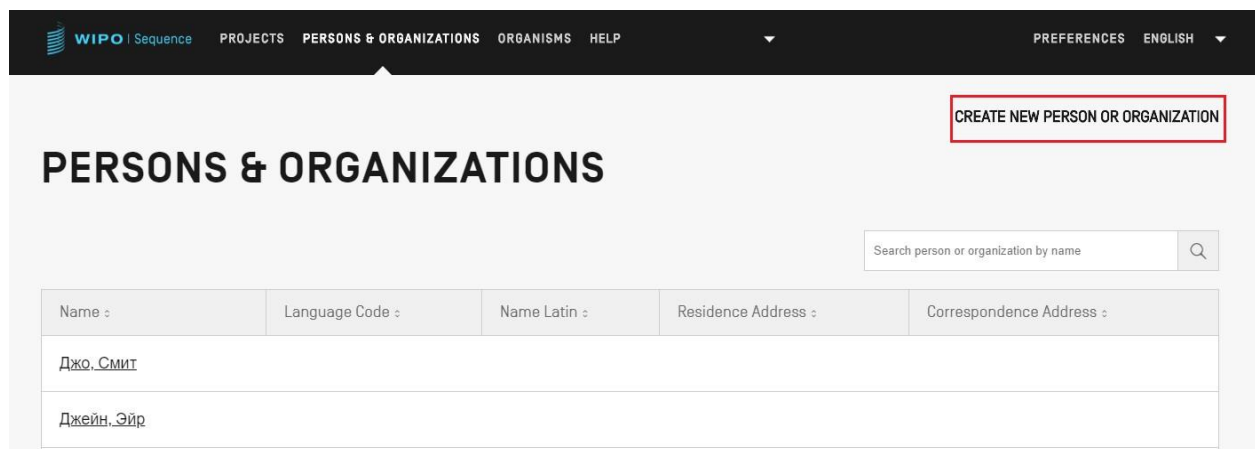


Рис. 40. Создание нового лица или организации, шаг 1

Нажмите ссылку «CREATE NEW PERSON OR ORGANIZATION» («СОЗДАТЬ НОВОЕ ЛИЦО ИЛИ ОРГАНИЗАЦИЮ») в верхней части окна, как показано на Рис. 40.

Name*	Residence Address
Language*	Correspondence Address
Name Latin	

Cancel Save

Рис. 41. Создание нового лица или организации, шаг 2

Затем необходимо заполнить по меньшей мере обязательные поля (отмеченные знаком «*»), содержащие данные о новом лице или новой организации. Для заявителя/изобретателя это только имя (если оно указано латинскими буквами) и язык.

Если вы указали имя лица или название организации не латинскими буквами, то в поле «Name Latin» («Имя латиницей») следует указать имя/название латинскими буквами. Если не указать имя/название латинскими буквами, это приведет к ошибке при проверке или создании перечня последовательностей стандарта ST.26.

ПОЛЬЗОВАТЕЛЬСКИЕ ОРГАНИЗМЫ

Для создания, редактирования, импорта, экспорта или удаления пользовательских организмов перейдите к представлению «Organisms» («Организмы»). Подробная информация о создании, экспорте или импорте пользовательских организмов приводится ниже на Рис. 42.

Создание пользовательского организма

EXPORT CUSTOM ORGANISMS IMPORT CUSTOM ORGANISMS **CREATE NEW ORGANISM**

ORGANISMS

Search organism by name

Name	Description
test_organism	Description example
Demo Organism	Description Demo example
B	bbb

Рис. 42. Создание нового организма, шаг 1

Для создания нового пользовательского организма нажмите ссылку «CREATE NEW ORGANISM» («СОЗДАТЬ НОВЫЙ ОРГАНИЗМ») в верхней части окна, как показано на Рис.

42. В открывшемся окне (Рис. 38) введите название нового организма и нажмите «Save» («Сохранить»). Если требуется описание этого пользовательского организма, его можно добавить дополнительно, как это показано на Рис. 43.

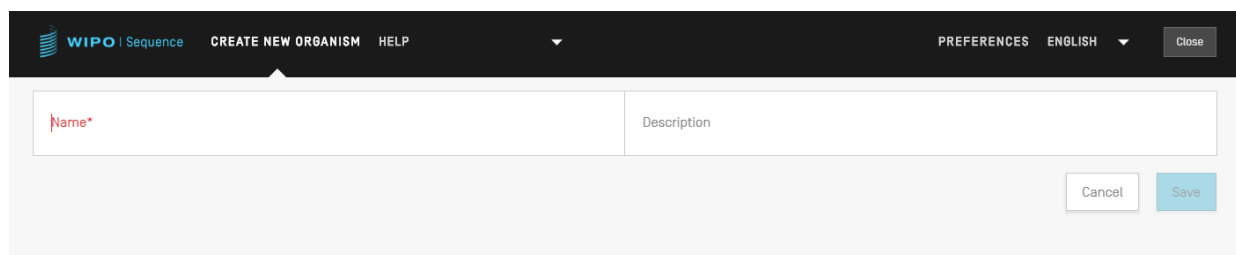
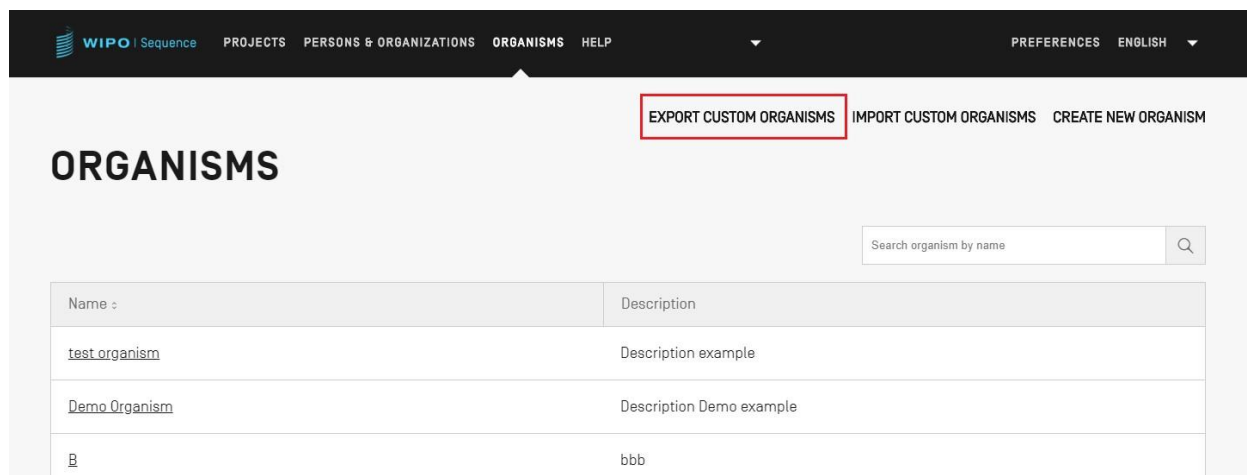


Рис. 43. Создание нового организма, шаг 2

Экспорт пользовательских организмов

Все пользовательские организмы, данные о которых хранятся в приложении, и их описание можно экспортировать и сохранить в текстовый файл, в который можно вносить изменения без использования программы и который впоследствии можно импортировать. Чтобы экспортировать перечень организмов, нажмите «EXPORT CUSTOM ORGANISMS» («ЭКСПОРТИРОВАТЬ ПОЛЬЗОВАТЕЛЬСКИЕ ОРГАНИЗМЫ»), как показано на Рис. 44.



Name :	Description
test.organism	Description example
Demo Organism	Description Demo example
b	bbb

Рис. 44. Экспорт пользовательских организмов, шаг 1

Затем откроется диалоговое окно, позволяющее указать имя файла и выбрать место его сохранения, как показано на Рис. 45.

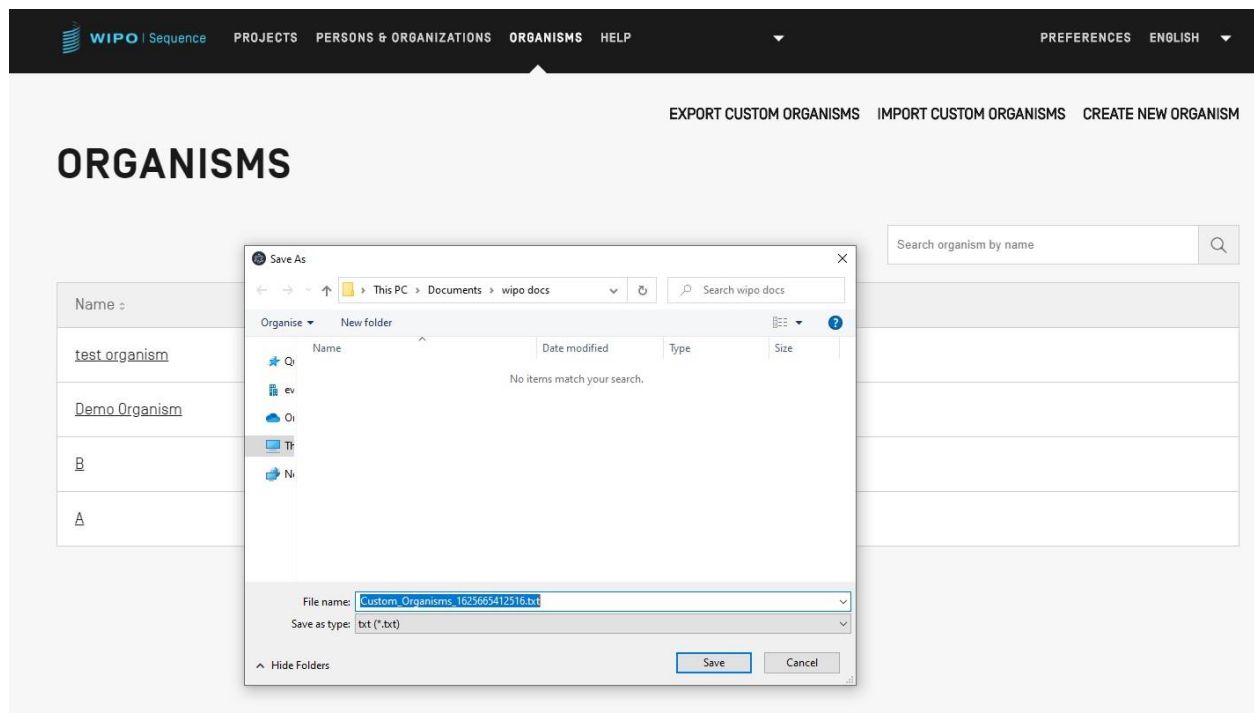


Рис. 45. Экспорт пользовательских организмов, диалоговое окно

Экспортированный файл представляет собой файл в формате txt, содержащий название и описание организма, причем файл может быть отредактирован и импортирован в приложение (см. Рис. 46).

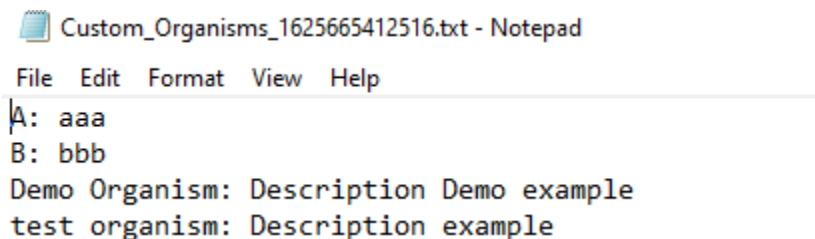


Рис. 46. Пример текстового файла с данными о пользовательском организме

Импорт пользовательских организмов

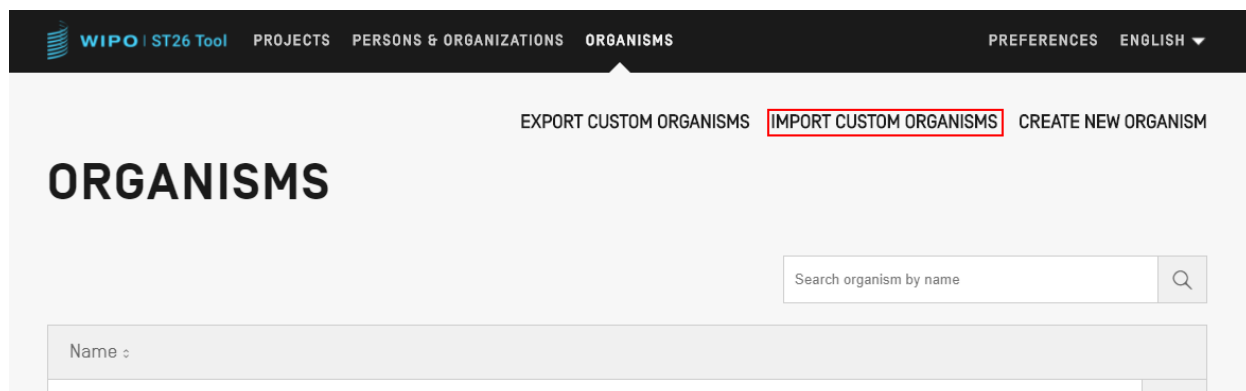


Рис. 47. Импорт пользовательских организмов, шаг 1

Чтобы импортировать перечень пользовательских организмов, нажмите ссылку «IMPORT CUSTOM ORGANISMS» («ИМПОРТИРОВАТЬ ПОЛЬЗОВАТЕЛЬСКИЕ ОРГАНИЗМЫ») в верхней части окна, как показано на Рис. 47. Под таблицей организмов появится оверлей, как показано на Рис. 43.

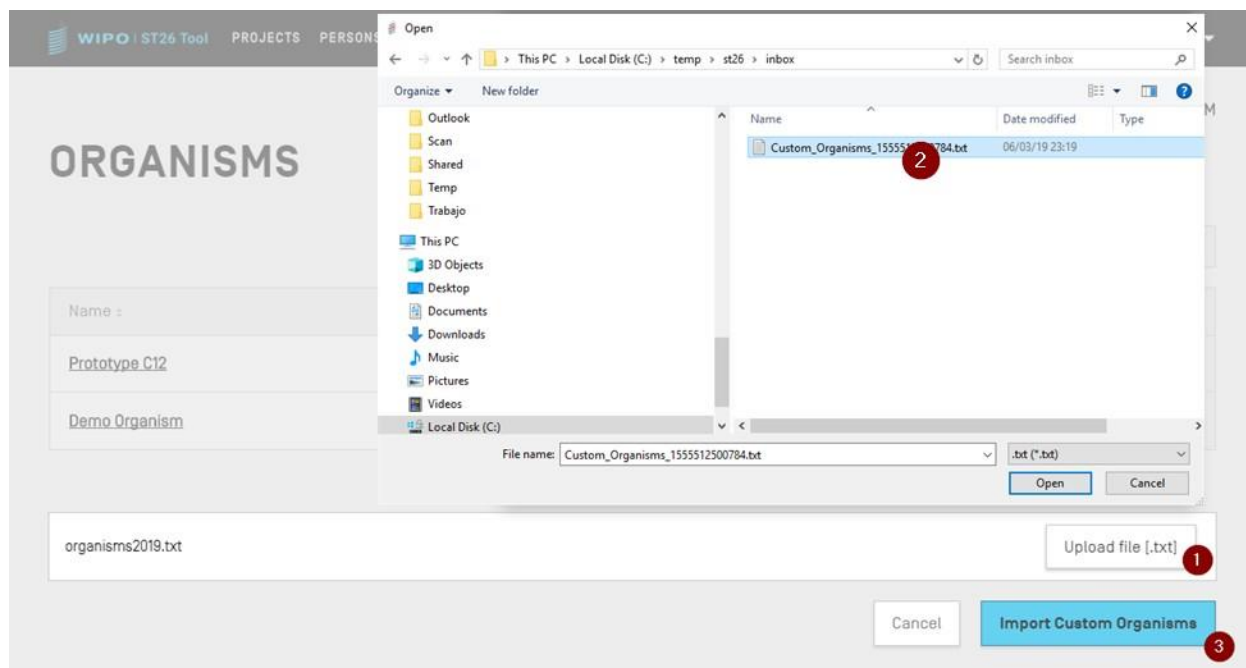


Рис. 48. Импорт пользовательских организмов, диалоговое окно

- 1) Нажмите на кнопку «Upload file [.txt]» («Загрузить файл [.txt]») (1), указанную на Рис. 48
- 2) В открывшемся диалоговом окне выберите файл с названиями пользовательских организмов (2).
- 3) Нажмите синюю кнопку «Import Custom Organisms» («Импортировать пользовательские организмы») (3).

Примечание:

Импортируемый файл должен представлять собой текстовый файл (*.txt), содержащий перечень имен пользовательских организмов в виде простого текста (UTF-8), причем каждый элемент должен быть указан с новой строки.

НАСТРОЙКИ

В представлении «System Preferences» («Настройки») можно изменять ряд параметров WIPO Sequence. Заданные параметры будут применяться к каждому проекту, создаваемому или редактируемому в приложении (см. Рис. 44).

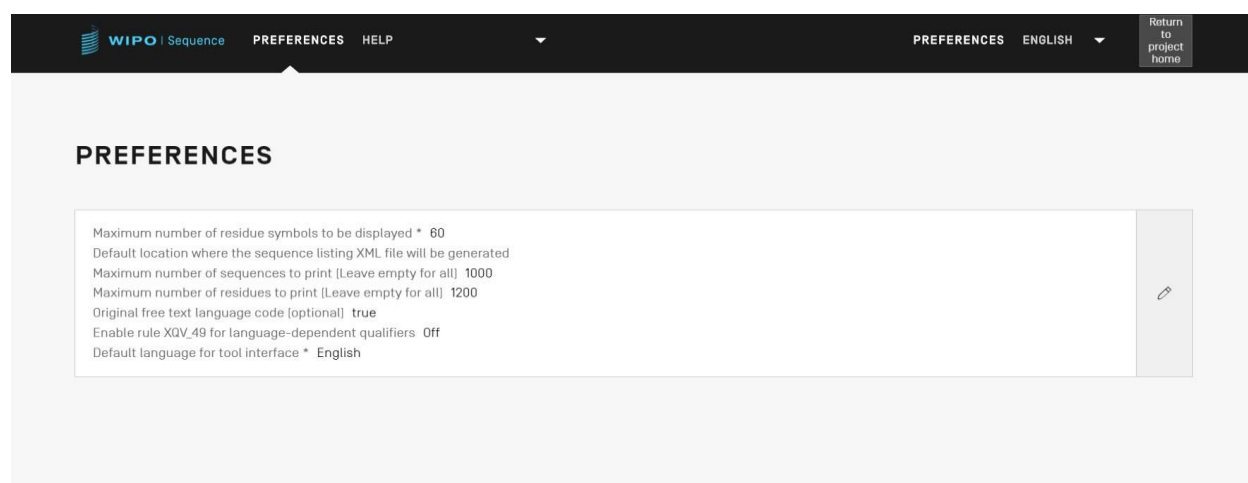


Рис. 49. Системные настройки

Чтобы изменить параметры системы, нажмите на значок карандаша (см. выше), и откроется панель редактирования, как показано на Рис. 49:

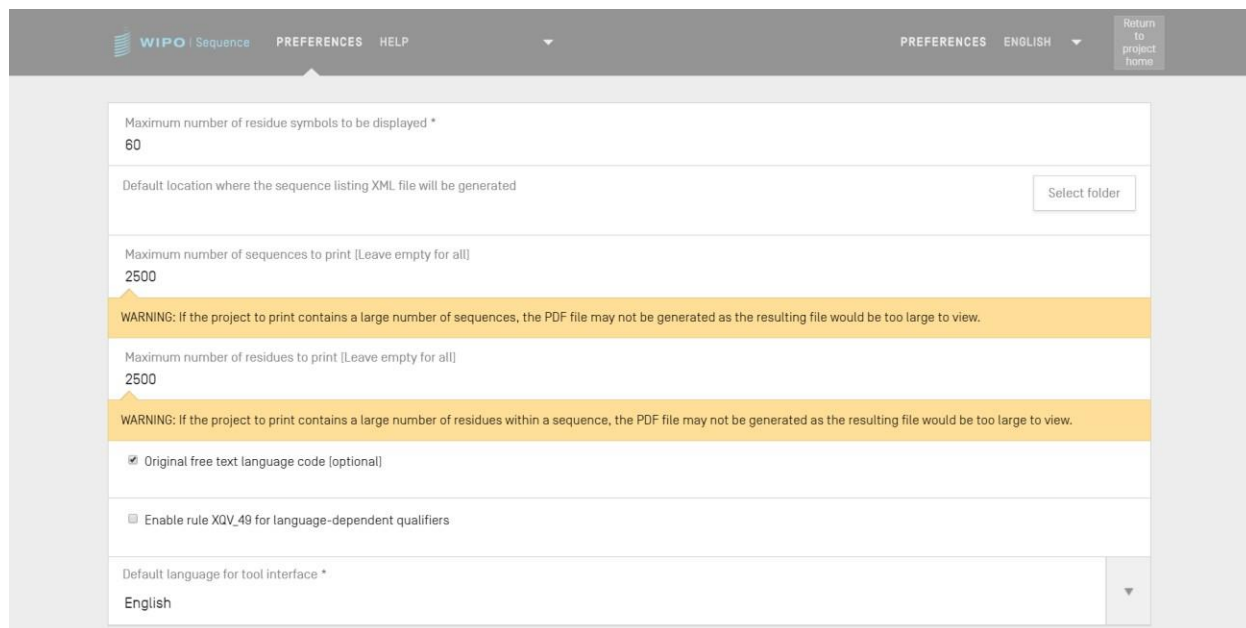


Рис. 50. Изменение настроек

Изменять можно следующие параметры (по порядку):

- **«Maximum number of residue symbols to be displayed» («Максимальное число символов остатков для отображения»):** этот параметр задает число остатков, которое будет отображаться в строке при отображении последовательности. Значение параметра по умолчанию — 60 остатков.
- **«Default location where the ST.26 sequence listing file (.xml) will be generated» («Расположение по умолчанию, где будет создан файл с перечнем последовательностей в соответствии со стандартом ST.26 (в формате .xml)»):** Это расположение указывать не нужно.
- **«Maximum number of sequences to print [Leave empty for all]» («Максимальное число последовательностей для печати [оставьте пустым, чтобы отправить все последовательности на печать]»):** значение параметра по умолчанию — 1000 последовательностей.
- **«Maximum number of residues to print [Leave empty for all]» («Максимальное число остатков для печати [оставьте пустым, чтобы отправить все остатки на печать]»):** значение параметра по умолчанию — 1200 остатков.
- **«Original Free Text language code» («Код оригинального языка текста в свободном формате»):** если этот флажок установлен, и не указан код оригинального языка текста в свободном формате, то при проверке будет выдано предупреждение. По умолчанию этот параметр не отмечен флажком.
- **«Enable XQV_49» («Включить XQV_49»):** если этот флажок установлен, и для

зависимого от языка квалификатора в свободном формате не указано значение на английском языке, то будет выдано предупреждение. По умолчанию этот параметр не отмечен флажком.

- **«Default interface language» («Язык интерфейса по умолчанию»):** это язык, на котором при запуске WIPO Sequence будет отображаться интерфейс. Язык по умолчанию: английский.

Примечание:

Третий и четвертый параметры актуальны при выводе проекта на печать в формате PDF. Обратите внимание: если перечень последовательностей чрезвычайно объемный, соответствующий файл в формате PDF может содержать несколько тысяч страниц и его невозможно будет отобразить.

СТРАНИЦА С ПОДРОБНОЙ ИНФОРМАЦИЕЙ О ПРОЕКТЕ

В этом разделе подробно описаны функции в рамках представления «Project Details» («Подобная информация о проекте»).

Печать проекта

Чтобы вывести проект на печать, откройте соответствующий проект и нажмите кнопку «Print» («Печать») в верхней части окна, как показано на Рис. 51.

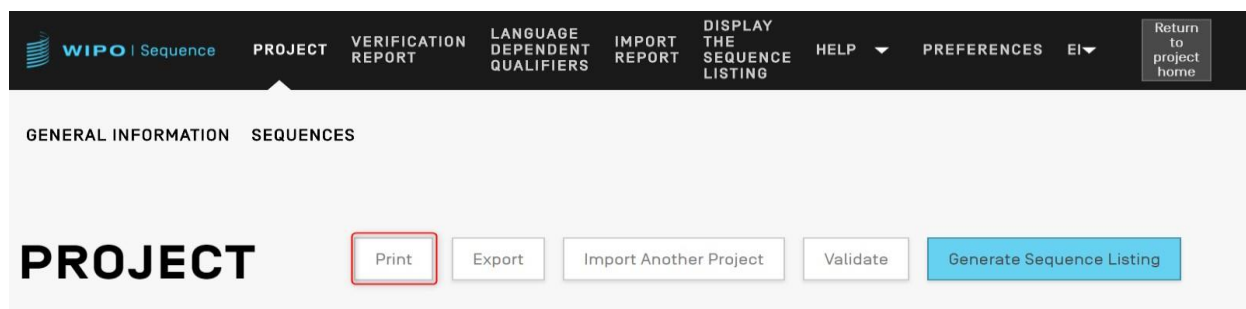


Рис. 51. Печать проекта, шаг 1

На появившейся панели с двумя флажками отметьте, какую информацию из проекта необходимо вывести на печать — данные из раздела «General Information» («Общая информация») и/или данные из раздела «Sequences» («Последовательности») (см. Рис. 52).

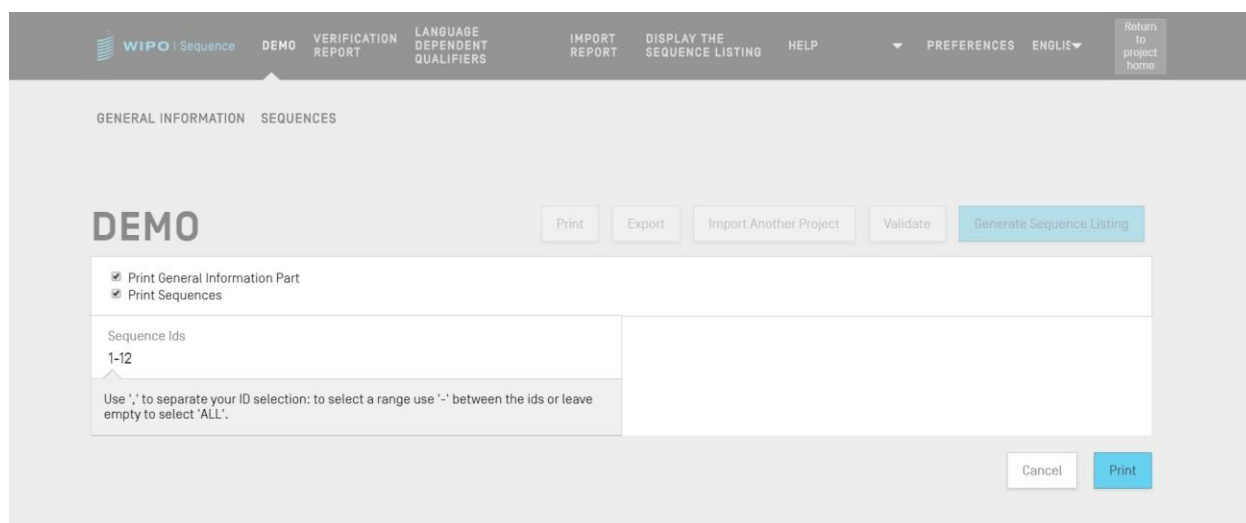


Рис. 52. Печать проекта, шаг 2

Если установить флажок «Print Sequences» («Распечатать последовательности»), в появившемся поле «Sequence Ids» («Идентификационные номера последовательностей»)

можно указать диапазон идентификационных номеров последовательностей, которые необходимо распечатать, а если это поле оставить пустым, то на печать будут выведены все последовательности.

По умолчанию общее число последовательностей проекта будет отображаться в виде диапазона.

При нажатии синей кнопки «Print» («Печать») в PDF-ридере откроется для просмотра файл в формате PDF (если при его создании не возникло ошибок).

Инструкции по загрузке файла в формате PDF приведены на Рис. 9.

Экспорт проекта

Проект можно экспортировать в файл .zip, чтобы создать резервную копию проекта или импортировать его на другом компьютере, на котором установлено приложение WIPO Sequence, для этого выполните шаги, описанные в разделе ниже с Рис. 53.

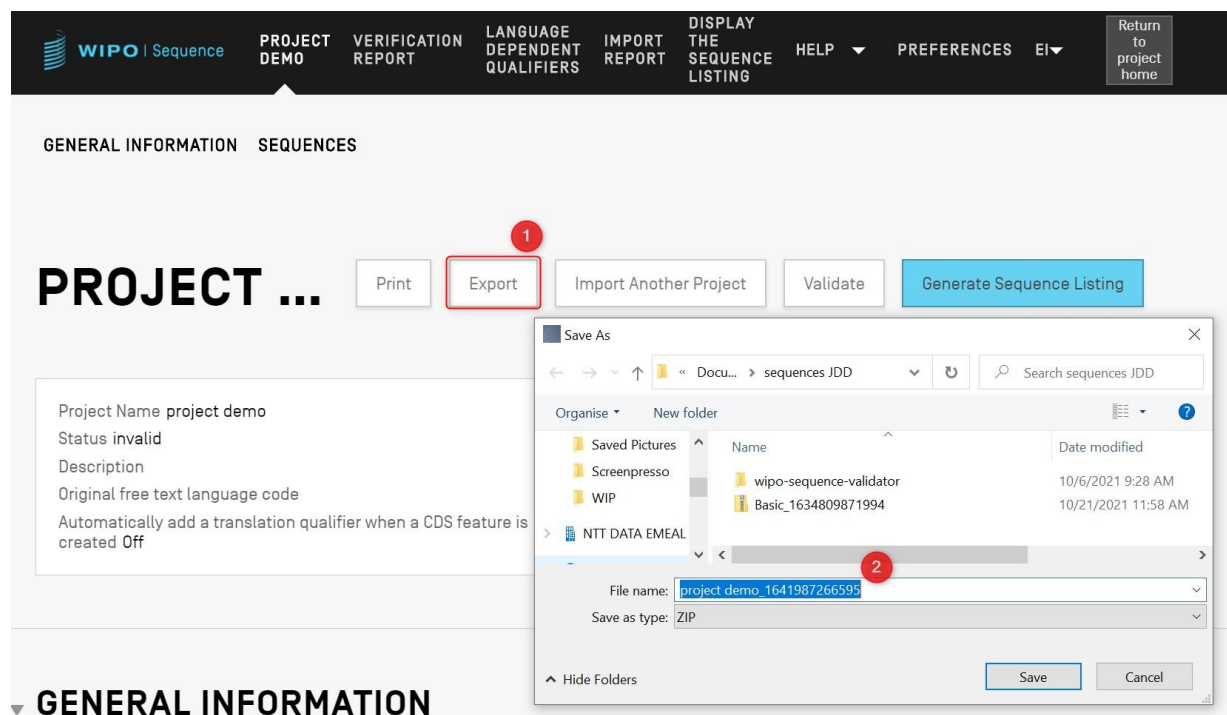


Рис. 53. Экспорт проекта, диалоговое окно

- 1) Нажмите кнопку «Export» («Экспортировать») в верхней части окна представления «Project Detail» («Подробная информация о проекте»).
- 2) В появившемся диалоговом окне укажите имя файла и желаемое место сохранения проекта.

Если проект экспортирован успешно, в верхней части окна появится синий баннер с указанием имени сохраненного файла и места его сохранения, как показано на Рис. 54.

Апрель 2023 года

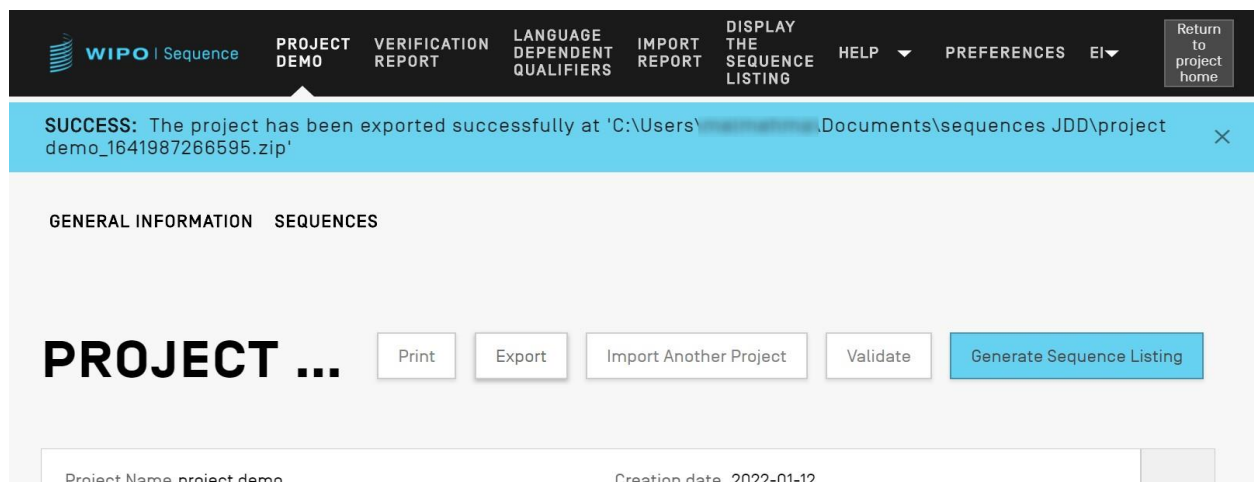


Рис. 54. Экспорт проекта, проект экспортирован успешно

Импорт данных из другого проекта

Приложение позволяет копировать информацию из других проектов, сохраненных в приложении, в текущий открытый проект. В проект можно импортировать данные в раздел «General Information» («Общая информация»), раздел «Sequences» («Последовательности») или оба раздела.

Примечание: при импорте данных в раздел «General Information» («Общая информация») импортированные данные заменят текущие данные в соответствующем разделе, а при импорте данных в раздел «Sequences» («Последовательности») импортированные последовательности будут добавлены к текущему перечню последовательностей в проекте.

Нажмите кнопку «Import Another Project» («Импортировать другой проект») в верхней части окна представления «Project Detail» («Подробная информация о проекте»), как показано на Рис. 55.

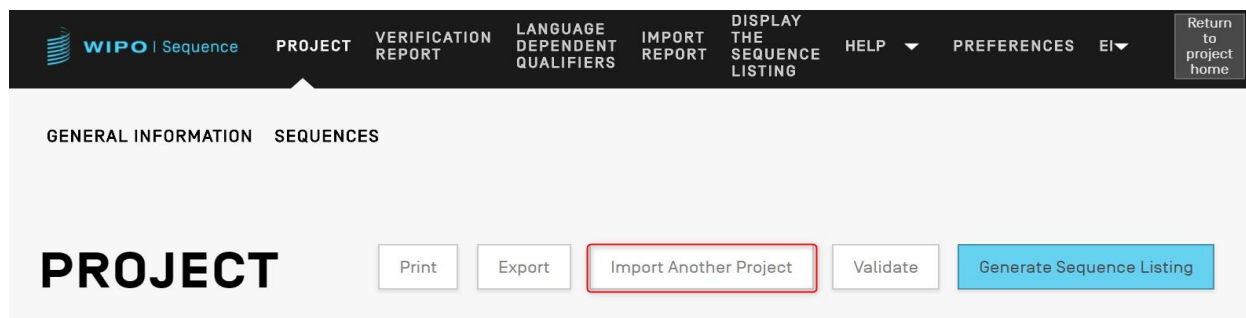


Рис. 55. Импорт другого проекта, шаг 1

На экране появится оверлей, как показано на Рис. 56. Сначала выберите проект, из которого желаете импортировать данные.

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

Рис. 56. Импорт другого проекта, шаг 2

Затем, как показано на Рис. 57, вы можете указать, желаете ли импортировать данные из раздела «General Information» («Общая информация») (1) проекта, а также желаете ли импортировать последовательности (2), указав диапазон идентификационных номеров последовательностей (3), чтобы импортировать в проект отдельные последовательности.

По умолчанию общее число последовательностей проекта будет отображаться в виде диапазона.

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.

1-6	Total Sequences
	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

Рис. 57. Импорт другого проекта, шаг 3

Если установить флажок «General Information» («Общая информация»), появится таблица, содержащая все данные из раздела «General Information» («Общая информация») обоих проектов — текущего (исходного) проекта и целевого (итогового) проекта.

Примечание:

Если пользователь не установит флажок «Select the general information contents to be imported» («Выберите общую информацию для импорта»), то общая информация из перечня последовательностей импортирована в проект не будет.

Выберите, какие данные из раздела «General Information» («Общая информация») исходного проекта необходимо заменить данными из аналогичного раздела целевого проекта, как показано на Рис. 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

Рис. 58. Импорт другого проекта, шаг 4

После того как вы решите, какие данные из раздела «General Information» («Общая информация») и какие последовательности будут импортированы в проект, нажмите синюю кнопку «Import Project» («Импортировать проект»), как показано в нижней части Рис. 58.

SUCCESS: The project has been imported successfully.

Рис. 59. Импорт другого проекта, успешное завершение процедуры

Как показано на Рис. Рис. 59, если элементы были импортированы правильно, появится синий баннер.

Возможность проверки проекта

Перед созданием перечня последовательностей в виде файла XML стандарта ST.26 выполняется предварительная проверка проекта. Проверка проекта происходит всякий раз

перед созданием перечня последовательностей, при этом данную проверку можно выполнять и отдельно.

Чтобы выполнить проверку проекта, нажмите на кнопку «Validate» («Подтвердить соответствие») в верхней части окна представления «Project Detail» («Подробная информация о проекте»), как показано на Рис. 60.

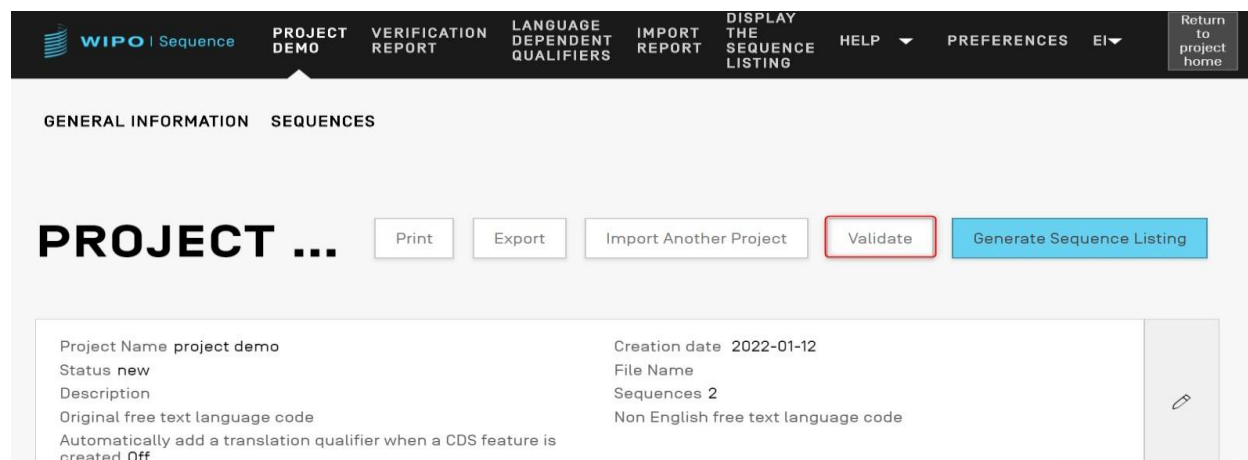


Рис. 60. Проверка проекта, шаг 1

После завершения проверки открывается представление «Verification Report» («Отчет о проверке»), где указываются все обнаруженные несоответствия. На Рис. 61 показан баннер, который отображается в случае успешной проверки.

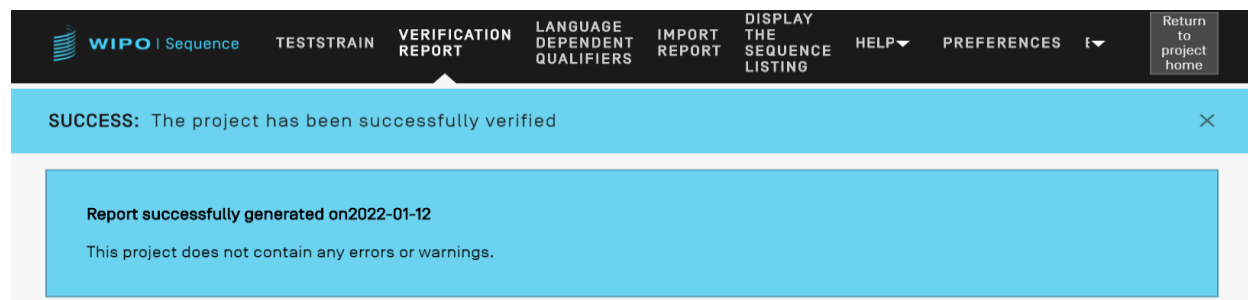


Рис. 61. Успешное завершение проверки проекта

Если в процессе проверки обнаружены какие-либо несоответствия, создается отчет о проверке, содержащий таблицу, в которой подробно указано, какие правила и рекомендации нарушены. Пример отчета показан на Рис. 62. В каждой строке указывается важность несоответствия: ERROR («ОШИБКА» — такие несоответствия необходимо устранить) или WARNING («ПРЕДУПРЕЖДЕНИЕ» — такие несоответствия можно игнорировать).

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		Application Identification	The mandatory IP Office Code is missing.	-	

Рис. 62. Проверка проекта, ошибки/предупреждения

Создание перечня последовательностей

И последняя, возможно, самая важная операция, которую можно выполнить в проекте, — создать перечень последовательностей. Чтобы создать перечень последовательностей, нажмите синюю кнопку «Generate Sequence Listing» («Создать перечень последовательностей») в верхней части окна представления «Project Detail» («Подробная информация о проекте»), как показано на Рис. 63. При этом автоматически запустится процесс проверки проекта.

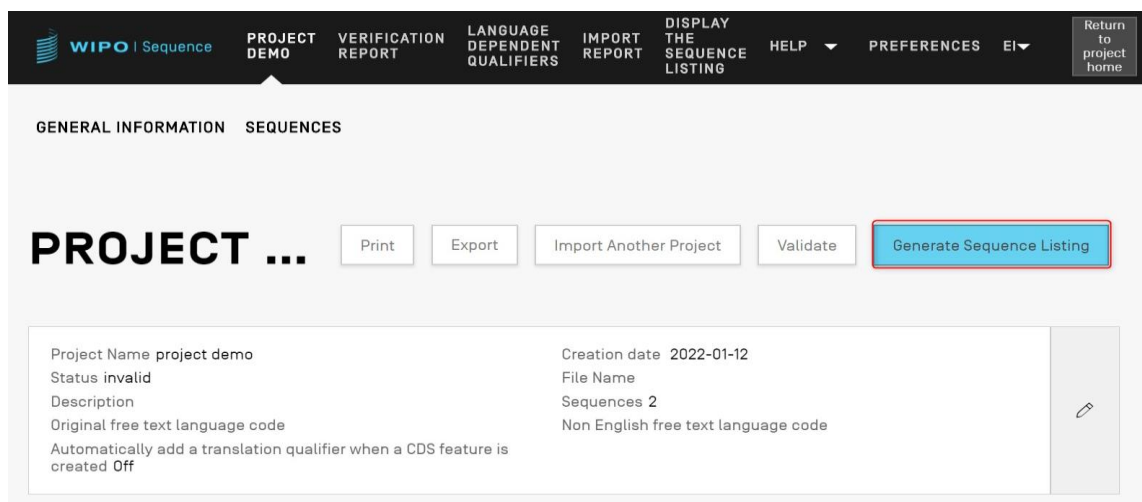
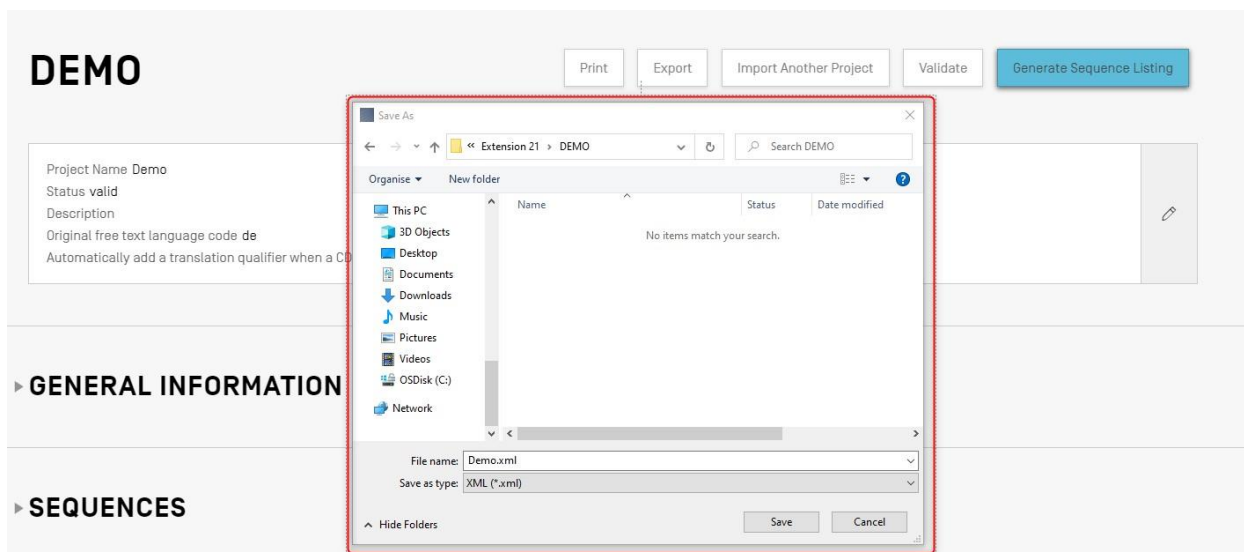


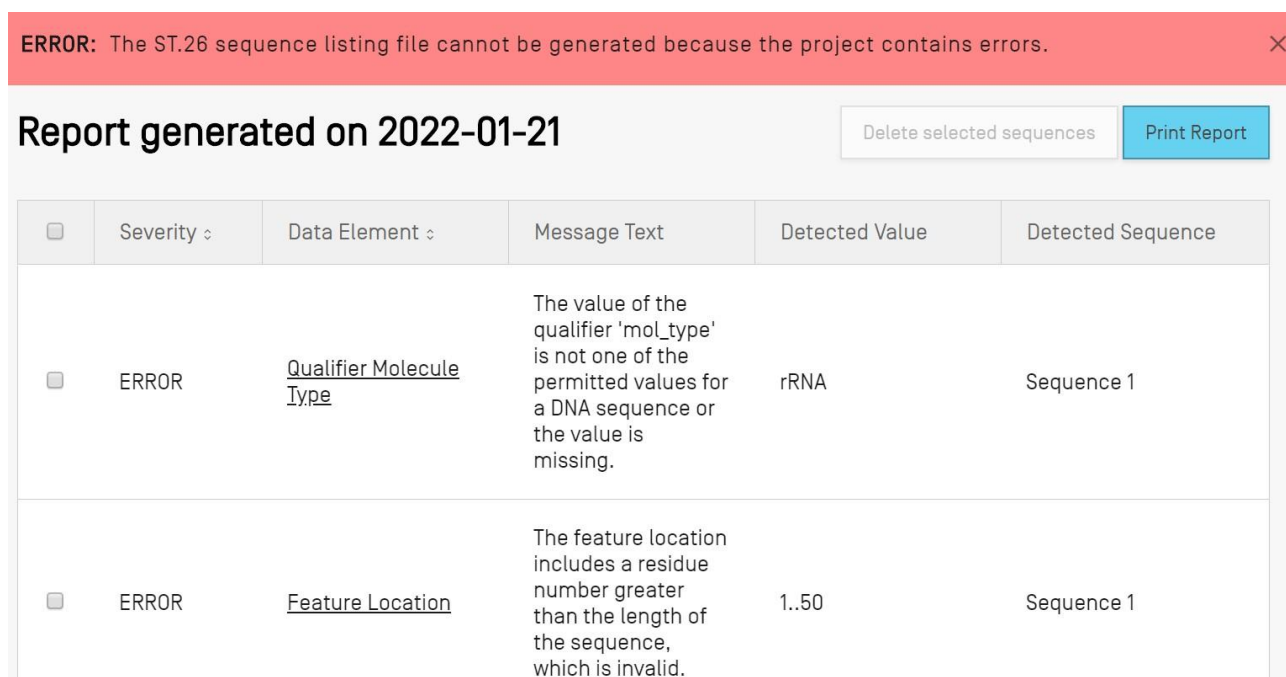
Рис. 63. Создание перечня последовательностей

Если в процессе проверки проекта не будет обнаружено ошибок, откроется диалоговое окно, в котором необходимо указать место сохранения сгенерированного перечня последовательностей стандарта ST.26 (.xml), как показано на Рис. 64.



Примечание: при использовании дистрибутива Linux существует известная проблема: в имени файла по умолчанию появляется лишний символ «\». Чтобы решить эту проблему, вручную удалите лишний символ «\» перед сохранением.

Если в процессе проверки проекта будут обнаружены ошибки, вы увидите отчет о проверке и красный баннер, как показано на Рис. 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

Рис. 65. Создание перечня последовательностей, ошибки/предупреждения

Раздел General Information («Общая информация»)

В разделе «General Information» («Общая информация») можно ввести информацию, относящуюся к самой заявке на патент, с тем чтобы увязать сгенерированный перечень последовательностей с соответствующей заявкой.

Подраздел «Application Identification» («Идентификация заявки»)

В подразделе «Application Identification» («Идентификация заявки») раздела «General Information» («Общая информация») содержатся данные о статусе патентной заявки, с которой связан выбранный проект, и прочие сведения об этой заявке (см. Рис. 66).

GENERAL INFORMATION

APPLICATION IDENTIFICATION

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



Рис. 66. Изменение данных в подразделе «Application Identification» («Идентификация заявки»)

Чтобы изменить данные в подразделе «Application Identification» («Идентификация заявки»), нажмите на значок карандаша справа от подраздела, как указано выше. Затем введите необходимые данные, как показано на Рис. 67:

- 1) если заявке уже присвоен номер, выберите код ведомства интеллектуальной собственности (ведомства ИС), в которое была подана заявка. Коды ведомств ИС соответствуют кодам, указанным в стандарте ВОИС ST.3;
- 2) укажите, известен ли вам уже номер заявки или нет, выбрав соответствующий переключатель;
- 3) если номер заявки еще не известен, укажите в данном поле номер дела заявителя;
- 4) если номер заявки уже присвоен, укажите этот номер;
- 5) если дата подачи заявки определена, укажите дату подачи, используя элемент выбора даты;
- 6) нажмите синюю кнопку «Save» («Сохранить»).

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

Рис. 67. Идентификация заявки, панель редактирования

Примечание: независимо от введенных данных, в отчете о проверке всегда будет появляться предупреждение «Идентификационный номер заявки отсутствует. Если номер заявки был присвоен, обязательно введите его».

Подраздел «Priority Identification» («Идентификация приоритета»)

Чтобы добавить в проект приоритетную заявку, нажмите кнопку «Add Earliest Priority Identification» («Добавить наиболее раннюю приоритетную заявку») в разделе «General Information» («Общая информация») в окне представления «Project Detail» («Подробная информация о проекте»), как показано на Рис. 68.

▼ **GENERAL INFORMATION**

APPLICATION IDENTIFICATION

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

PRIORITY IDENTIFICATION

Add Priority Application

Рис. 68. Редактирование/добавление приоритетной заявки, шаг 1

Чтобы установить выбранную приоритетную заявку в качестве наиболее ранней, выберите «Yes» («Да») в раскрывающемся списке в поле «Selected Earliest Priority Application» («Выбрана наиболее ранняя приоритетная заявка»). При создании перечня последовательностей данная заявка будет указана в качестве наиболее ранней приоритетной заявки.

Для завершения нажмите в оверлее синюю кнопку «Add Earliest Priority Application» («Добавить наиболее раннюю приоритетную заявку»), как показано на Рис. 69.

PRIORITY IDENTIFICATION

Add Priority Application

IP Office*	▼	Filing date Date	
Application number*		Selected Earliest Priority Application*	▼

Cancel Add Priority Application

Рис. 69. Наиболее ранняя приоритетная заявка, панель редактирования

Подраздел «Applicant & Inventor» («Заявитель и изобретатель»)

Чтобы добавить в проект данные о новом заявителе или изобретателе, нажмите кнопку «Add Inventor» («Добавить изобретателя») или «Add Applicant» («Добавить заявителя») в разделе «General Information» («Общая информация») в окне представления «Project Detail» («Подробная информация о проекте»). В обоих случаях необходимо выполнить идентичные действия, поэтому приводятся лишь общие инструкции, при этом описанные действия необходимо повторить дважды, если в проекте необходимо указать как заявителя, так и изобретателя, даже если заявитель является также изобретателем.

Появится оверлей с двумя переключателями, как показано на Рис. 70. Если выбран переключатель «Existing applicant/inventor» («Существующий заявитель/изобретатель»), то заявителя (изобретателя) можно выбрать в раскрывающемся списке, в котором перечислены лица и организации, сохраненные в локальной копии приложения. На Рис. 70 показан список из трех существующих заявителей, включая «John Smith».

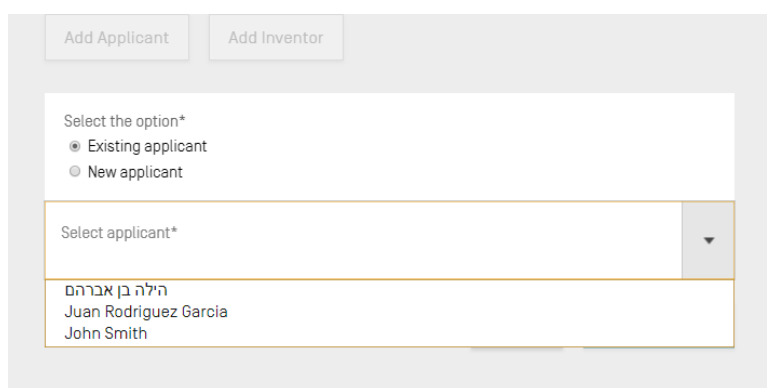
The image shows a user interface for adding an applicant or inventor. At the top, there are two buttons: 'Add Applicant' and 'Add Inventor'. Below them is a section titled 'Select the option*' with two radio buttons: 'Existing applicant' (which is selected) and 'New applicant'. Underneath is a dropdown menu labeled 'Select applicant*' with a downward arrow. The dropdown is open, showing a list of names: 'הילה בן אברהם', 'Juan Rodriguez Garcia', and 'John Smith'.

Рис. 70. Добавление существующего заявителя/изобретателя

Если выбран переключатель «New applicant/inventor» («Новый заявитель/изобретатель»), откроется панель редактирования и вам необходимо будет заполнить те же поля, что и при создании нового лица или новой организации (см. Рис. 71).

Примечание: обратите внимание, что для того, чтобы перечень последовательностей считался действительным, требуется только один заявитель. Таким образом, один заявитель и/или изобретатель должен быть обозначен как основной. В генерируемом списке последовательностей будет отображаться именно этот заявитель/изобретатель.

После того как будут заполнены все необходимые данные, нажмите кнопку «Add Applicant/Inventor» («Добавить заявителя/изобретателя»), как показано на Рис. 71. Поскольку обязательные поля, указанные ниже, еще не включены, пользователь не может добавить заявителя, а синяя кнопка «Add Applicant» («Добавить заявителя») выделена серым цветом.

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

Рис. 71. Добавление нового заявителя/изобретателя

Подраздел «Invention Title» («Название изобретения»)

Подраздел «Invention Title» («Название изобретения») — последний в разделе «General Information» («Общая информация»).

- 7) Чтобы добавить новое название изобретения, нажмите кнопку «Add Invention title» («Добавить название изобретения»), как показано на Рис. 72.

INVENTION TITLE

Add Invention title

Invention title* Language*

Cancel Add Invention title

Рис. 72. Добавление названия изобретения, панель редактирования

- 8) В появившееся оверлее введите название изобретения и укажите, на каком языке это название.
- 9) Нажмите синюю кнопку «Add Invention title» («Добавить название изобретения»).

Примечание: согласно стандарту ВОИС ST.26, в перечне последовательностей обязательно должно быть указано название изобретения на языке подачи. Вместе с тем проект может дополнительно включать более одного названия изобретения на других языках, но только одно название изобретения на каждом языке. Чтобы добавить каждое новое название изобретения, выполните описанные выше шаги.

Раздел Sequences («Последовательности»)

В разделе «Sequences» («Последовательности») в окне представления «Project Detail» («Подробная информация о проекте») указывается техническая информация, относящаяся непосредственно к последовательностям.

Чтобы создать/импортировать/вставить/сортировать последовательности, прокрутите содержимое окна представления «Project Detail» («Подробная информация о проекте») вниз до раздела «Sequences» («Последовательности»). В нижеследующих подразделах приводятся инструкции по выполнению указанных действий.

Создание последовательности

- 1) Нажмите кнопку «Create new sequence» («Создать новую последовательность»), как показано на Рис. 73.

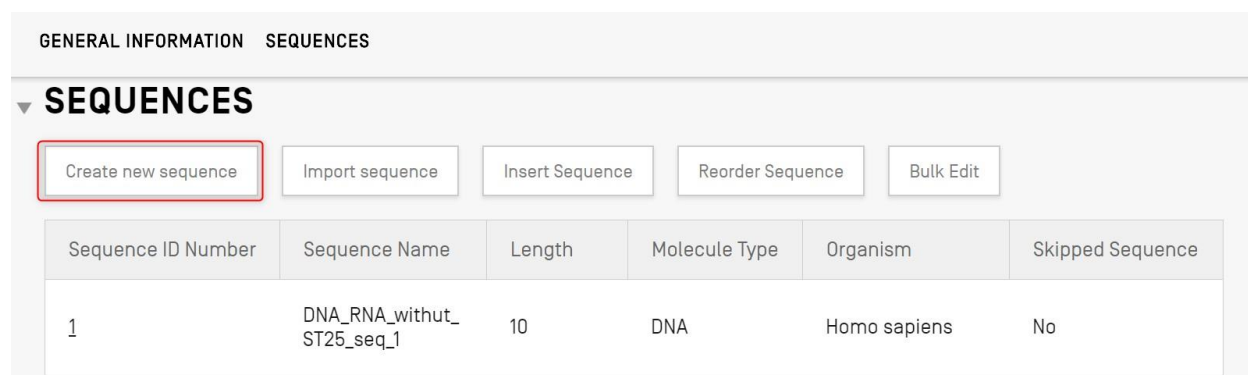


Рис. 73. Создание новой последовательности, шаг 1

Остальные шаги показаны на Рис. 74:

- 2) В необязательном для заполнения поле «Sequence name» («Название последовательности») можно указать название последовательности, чтобы упростить дальнейшую работу с последовательностью. Если оставить это поле пустым, каждой новой последовательности по умолчанию присваивается название, состоящее из букв «Seq» и номера в порядке возрастания («Seq_1», «Seq_2», «Seq_3») (1).

В раскрывающемся списке выберите один из трех типов молекул, предусмотренных стандартом ST.26 («DNA», «RNA» и «AA») (2). Саму последовательность введите в текстовое поле «Residues» («Остатки») ⁵ (3). Обратите внимание, что, если вы желаете создать последовательность, содержащую как сегменты ДНК, так и сегменты РНК, в качестве основного типа молекулы следует выбрать «DNA».

⁵См. стандарт ВОИС ST.26, приложение I, разделы 1 и 3, в которых приводятся таблицы допустимых символов нуклеотидов и символов аминокислот.

Необходимо также указать название организма для создаваемой последовательности, поскольку это поле обязательно для заполнения. Название организма можно выбрать из списка predetermined организмов, хранящихся в базе данных приложения, либо из списка пользовательских организмов, созданных и сохраненных локально пользователем. Пользователь может просто начать вводить название организма, и появится раскрывающийся список с вариантами из обоих этих источников (4).

Организм можно классифицировать, выбрав в раскрывающемся списке соответствующий квалификатор «Molecule Type» («Тип молекулы»)⁶ (5), при этом значения квалификатора в списке зависят от выбранного типа молекулы.

Если установлен флажок «Mark as an intentionally skipped sequence» («Отметить как намеренно пропущенную последовательность») (6), будут сняты все ограничения на ввод значений в обязательные для заполнения поля панели «Sequence» («Последовательность»), а сохраненная последовательность будет проигнорирована при проверке проекта и создании перечня последовательностей (значение остатков будет указано как «000»).

Если установить флажок «The sequence contains both DNA & RNA segments» («Эта последовательность содержит фрагменты как ДНК, так и РНК») (6), появятся дополнительные поля, в которых можно описать каждый фрагмент ДНК и РНК с помощью характеристики «misc_feature». Местоположение каждого из указанных фрагментов последовательности сохраняется в отдельном ключе «misc_feature» (7), при этом внутри каждого ключа «misc_feature» содержится квалификатор «note», указывающий тип молекулы, и текст, введенный в текстовое поле «Further Text» («Прочий текст»). Можно создать столько ключей «misc_feature», сколько необходимо, нажав кнопку «Add new 'misc_feature' feature» («Добавить новую характеристику 'misc_feature'»), причем это необходимо сделать для всех фрагментов последовательности — **как фрагментов ДНК, так и фрагментов РНК.**

⁶См. стандарт ВОИС ST.26, приложение I, разделы 6 и 8, в которых приводятся значения квалификатора «mol_type» для нуклеотидов и аминокислот соответственно.

The screenshot shows the 'Create sequence' interface with the following elements:

- 1**: 'Sequence Name' field with 'Name/Description for sequence'.
- 2**: 'Molecule Type*' dropdown menu showing 'DNA'.
- 3**: 'Residues*' text area containing a long sequence of nucleotides.
- 4**: 'Organism name *' field with 'Saaristoia firma'.
- 5**: 'Qualifier Molecule Type' dropdown menu showing 'genomic DNA'.
- 6**: Checkboxes for 'Mark as an intentionally skipped sequence' and 'The sequence contains both DNA & RNA fragments'.
- 7**: A table with columns 'Molecule Type', 'Location', and 'Further Text'. The first row shows 'RNA' and '7..13'.

Buttons at the bottom: 'Cancel', 'Add new 'misc_feature' feature', 'Create sequence', and 'Create & Display Sequence'.

Рис. 74. Создание новой последовательности, панель редактирования

- 3) Для завершения нажмите серую кнопку «Create sequence» («Создать последовательность») или синюю кнопку «Create & Display Sequence» («Создать и отобразить последовательность»).

Если нажать синюю кнопку «Create & Display Sequence» («Создать и отобразить последовательность»), после создания последовательности соответствующая последовательность отобразится в окне представления «Project Detail» («Подробная информация о проекте») под разделом «Sequences» («Последовательности»), чтобы можно было проверить введенные значения.

Созданная последовательность отображается последней в перечне последовательностей под присвоенным ей в порядке возрастания идентификационным номером последовательности. Пример созданной последовательности показан на Рис. 75.

Подробная информация о том, как изменить порядок отображения последовательностей в перечне, приводится на Рис. 85 и Рис. 86.

▼ **SEQUENCE 2**

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

▼ **FEATURES**

Add feature

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

▼ **SEQUENCE**

```

atctacttca ttgaatctac ttcattgaat ctacttcaatt gaatctactt cattgaatct acttcaattga atctacttca 80
ttgaatctac ttcattgaat ctacttcaatt gaatctactt cattgaatct acttcaattga atctacttca ttgaatctac 160
ttcattgaat ctacttcaatt gaatctactt cattgaatct acttcaattga acttacttca ttgaatctac ttcattgaat 240
ctacttcaatt gaatctactt cattgaatct acttcaattga atctacttca ttgaatctac ttcattgaat ctacttcaatt 320
gaatctactt cattgaatct acttcaattga atctacttca ttgaatctac ttcattgaat ctacttcaatt gaatctactt 400

```

Рис. 75. Новая последовательность, сохраненная в проекте

Импорт последовательности

Последовательности можно импортировать в проект прямо из файлов. Допустимые форматы файлов⁷: **файлы с необработанными данными (RAW)**, **файлы с множественными последовательностями (multi-sequence)**, **файлы в формате FASTA** и **файлы стандарта ST.26 или ST.25**. При импорте последовательностей WIPO Sequence автоматически определяет формат соответствующего файла.

- 1) Нажмите кнопку «Import sequence» («Импортировать последовательность»), как показано на Рис. 76.

GENERAL INFORMATION SEQUENCES

▼ **SEQUENCES**

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

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

Рис. 76. Импорт последовательности, шаг 1

- 2) Нажмите «Upload file [.txt, .xml]» («Загрузить файл [.txt, .xml]»), как показано на Рис. 77.

⁷ См. раздел «Форматы файлов» настоящего документа.

В открывшемся диалоговом окне выберите файл, содержащий данные последовательности для импорта. При импорте файла приложение определяет формат файла и выполняет ряд проверок.

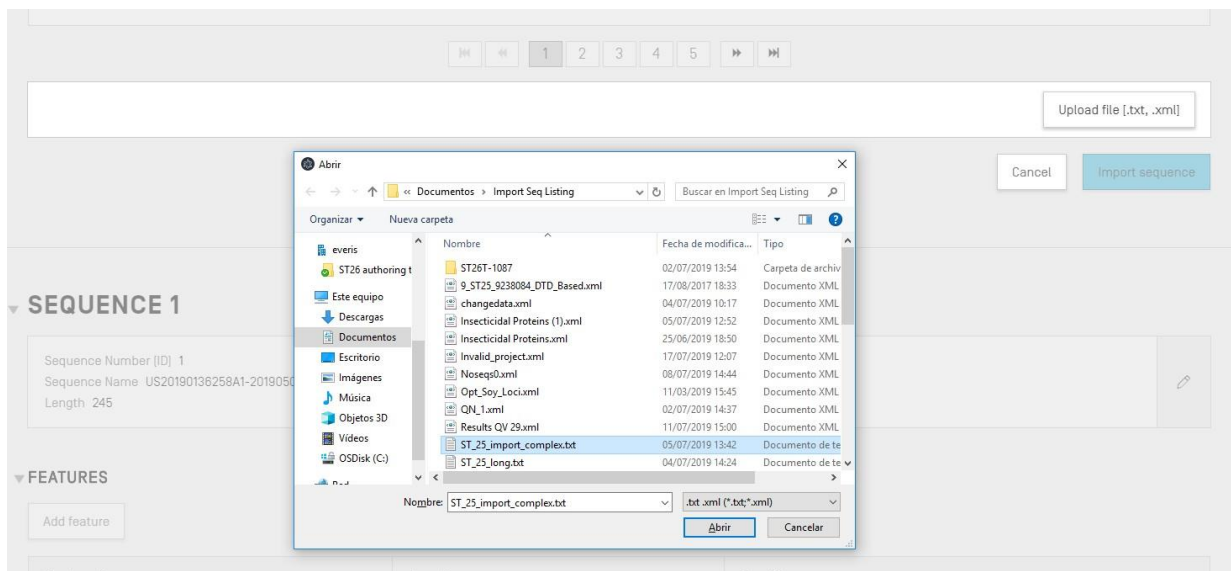


Рис. 77. Импорт последовательности, диалоговое окно

Приложение поддерживает пять форматов файлов для импорта последовательностей: файлы с необработанными данными (RAW), файлы с множественными последовательностями (multi-sequence), файлы в формате FASTA и файлы стандарта ST.26 или ST.25. Информация относительно указанных форматов приводится в последнем разделе настоящего документа.

Если выбран файл стандарта ST.25 или ST.26 (см. Рис. 78), сначала появится флажок «Select Range Sequences» («Выберите диапазон последовательностей») (1). Если установить этот флажок, появится таблица (2) с идентификационными номерами всех содержащихся в файле последовательностей, при этом последовательности отображаются в таблице в том порядке, в котором они будут добавлены в перечень последовательностей в проекте.

Если не требуется импортировать в проект все последовательности, укажите идентификационные номера последовательностей, которые необходимо импортировать (3).

Можно указать отдельную последовательность, несколько последовательностей, разделенных запятыми, или диапазон последовательностей в формате $x-y$.

Например: «1, 3, 7, 13-20, 30-50».

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

Enter the sequences to be imported

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

Рис. 78. Импорт последовательности из файла стандарта ST.25/ST.26

При импорте файла с множественными последовательностями (multi-sequence) (см. Рис. 79) появится флажок «Select Range Sequences» («Выберите диапазон последовательностей») (1); если установить этот флажок, появится таблица предварительного просмотра с идентификационными номерами содержащихся в файле последовательностей и сведениями о каждой последовательности в столбце «Detail» («Подробности») (2), включая название последовательности, тип молекулы и название организма.

Укажите идентификационные номера тех последовательностей, которые желаете импортировать в перечень последовательностей в проекте (3). По умолчанию общее число последовательностей выбранного файла с перечнем последовательностей будет отображаться в виде диапазона.

The screenshot shows the 'Import sequence' dialog box. At the top, the file path is 'C:\Users\...Downloads\multisequence_u_t.txt' and there is an 'Upload file [.txt, .xml, .FASTA]' button. A checkbox 'Enter the sequences to be imported' is checked. A table with 2 columns, 'Sequence Number [ID]' and 'Position', contains four rows of sequence data. Below the table is a pagination control showing '1'. A text input field 'Select Range of Sequence IDs.' contains '1-4'. A note below the input field explains the use of commas and dashes for sequence ranges. At the bottom right are 'Cancel' and 'Import sequence' buttons.

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

Рис. 79. Импорт последовательности из файла с множественными последовательностями

Последние два типа файлов, которые поддерживаются функцией импорта последовательности – файлы с необработанными данными (RAW) и файлы формата FASTA (см. раздел, посвященный форматам файлов). Эти форматы позволяют указать только одну последовательность в каждом файле. Когда для импорта выбирается файл с необработанными данными (RAW), приложение открывает панель редактирования, которая показана на Рис. 80, а когда выбирается файл в формате FASTA, на экран выводится панель редактирования как на Рис. 81. Далее необходимо заполнить обязательные поля.

The screenshot shows the 'Import sequence' dialog box for a RAW file. The file path is 'C:\Users\...3AAraw.txt' and there is an 'Upload file [.txt, .xml, .FASTA]' button. A yellow warning banner states: 'The file selected is in raw format. Please select the sequence molecule type in order to import the sequence.' Below the banner is a form with two rows of input fields. The first row has 'Sequence Name' and 'Molecule Type*'. The second row has 'Organism name *' and 'Qualifier Molecule Type'. At the bottom right are 'Cancel' and 'Import sequence' buttons.

Рис. 80. Импорт последовательности из файла с необработанными данными [RAW]

The screenshot shows the 'Import sequence' interface. At the top, there is a file path 'C:\Users\...' and a file named 'FASTA\IDNasequence.fasta' with an 'Upload file [.txt, .xml, .FASTA]' button. Below this is a table with two columns: 'Sequence Number [ID]' and 'Description'. The table contains one row with '1' in the first column and a long description of a hypothetical protein gene. Below the table are navigation buttons: '<<', '<', '1', '>', '>>'. Underneath is another table with columns 'Sequence Number [ID]' and 'Sequence Name', containing the number '1'. Below this is a 'Molecule Type*' dropdown menu. A yellow banner with the text 'Please select the sequence molecule type for the sequence that you would like to import.' is displayed. Below the banner are two input fields: 'Organism name*' and 'Qualifier Molecule Type*'. At the bottom left is a checkbox 'Check to save description as a note.'. At the bottom right are 'Cancel' and 'Import sequence' buttons.

Рис. 81. Импорт последовательности из файла с необработанными данными [FASTA]

- 3) Для завершения нажмите синюю кнопку «Import sequence» («Импортировать последовательность»).

По завершении импорта откроется отчет об импорте, который показан на Рис. 127.

Вставка последовательности

Чтобы вставить последовательность в определенную позицию в перечне последовательностей, нажмите кнопку «Insert Sequence» («Вставить последовательность») вверху раздела «Sequences» («Последовательности») (эта кнопка выделена на Рис. 82).

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	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

Рис. 82. Вставка последовательности, шаг 1

Появится оверлей с панелью (см. Рис. 83). Укажите всю информацию, необходимую для создания последовательности (см. Рис. 73), а в поле в верхнем левом углу панели введите номер позиции, в которой последовательность должна отобразиться в перечне последовательностей (это поле выделено на Рис. 83).

Sequence Number (ID)*
3

Sequence Name
inserted sequence

Molecule Type*
DNA

Residues*
gtaggaatgtaggaatgtaggaatctacatgtaggaatgtaggaatgtaggaatctacatgtaggaatgtaggaatgtaggaatctacatgtaggaatgtaggaatgtaggaatctacatgtaggaatgtaggaatgtaggaatctacatgtaggaatgtaggaatgtaggaatctacat

Organism name *
Wohlfahrtiopsis bishoppi

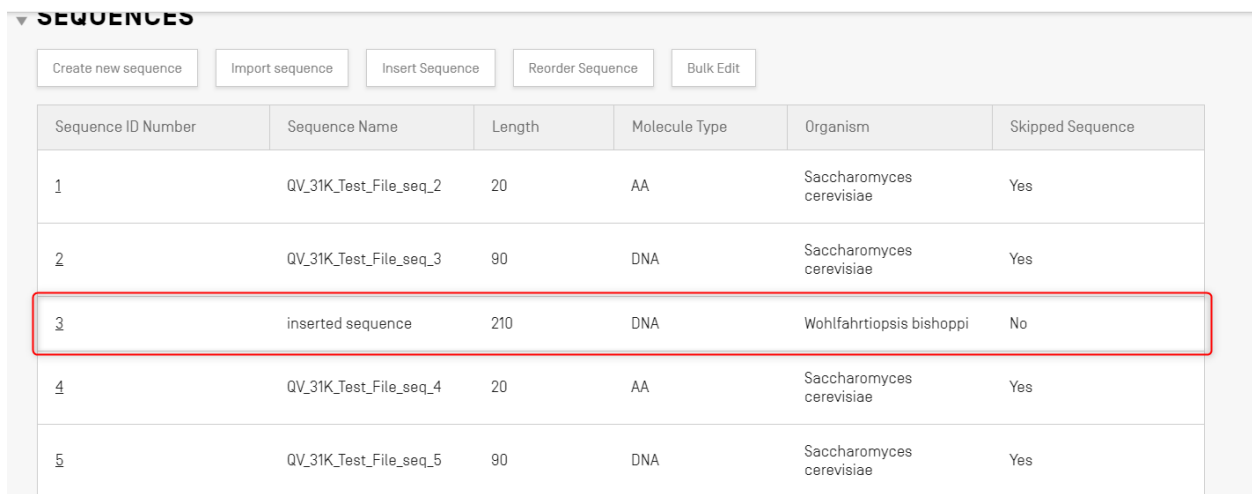
Qualifier Molecule Type
genomic DNA

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

Cancel **Insert sequence** **Insert & Display Sequence**

Рис. 83. Вставка последовательности, панель редактирования

Для завершения нажмите кнопку «Insert sequence» («Вставить последовательность») или «Insert & Display Sequence» («Вставить и отобразить последовательность») (эти кнопки выделены на Рис. 83).



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

Рис. 84. Последовательность вставлена в заданную позицию

Если нажать синюю кнопку «Insert & Display Sequence» («Вставить и отобразить последовательность»), после создания последовательности в окне представления «Project Detail» («Подробная информация о проекте») под перечнем последовательностей отобразится таблица последовательностей (таблицу можно свернуть или развернуть), как показано на Рис. 84.

Изменение порядка отображения последовательностей

Порядок отображения последовательностей в перечне последовательностей в проекте можно изменить. Действия, которые необходимо для этого выполнить, показаны на Рис. 85 (начало) – 87 (результат).

- 1) Нажмите кнопку «Reorder Sequence» («Сортировать последовательность»), как показано на Рис. 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

Рис. 85. Изменение порядка отображения последовательностей

- 2) Укажите последовательности, которые необходимо переместить, и позицию, в которую они должны быть помещены относительно текущего порядка в перечне последовательностей, как показано на Рис. 86.

10 20190509-1458 Artificial sequence
S00001_seq_SEQ ID NO 15

1 2 3 4 5

Sequence Number (ID)*
3

New Sequence Position
2

To select a range use "-" between the ids

Cancel Reorder Sequence

Рис. 86. Изменение порядка отображения последовательностей, панель редактирования

- 3) Как показано на Рис. 87, последовательность теперь отображается под номером 2.

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

Рис. 87. Последовательность(-и) показаны в переупорядоченном виде

Массовое редактирование

Для внесения изменений в несколько последовательностей можно использовать функцию «Bulk Edit» («Массовое редактирование»). Несмотря на то что вы можете редактировать последовательности по отдельности, в проектах с большим числом последовательностей это представляется нецелесообразным.

- 1) Нажмите на кнопку «Bulk edit» («Массовое редактирование»), как показано на Рис. 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

Рис. 88. Массовое редактирование, шаг 1

- 2) Выберите «Type of bulk edit» («Тип массового редактирования») для квалификатора «Molecule Type» («Тип молекулы»), «Organism» (Организм) или «Feature» («Характеристика»):

Type of bulk edit*
Qualifier molecule type

Select the type of bulk edit to continue

Molecule Type*
DNA

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

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

Enter one or more of the following DNA sequences to edit the qualifier 'mol_type'.

Select Range of Sequence IDs*
Use commas to separate individual sequences [for example: "2,5,8"]; use a dash to indicate a range of sequences [for example: "2-8"].

Qualifier Molecule Type*

Рис. 89. Массовое редактирование, шаг 2

Как показано на Рис. 89, система сообщает пользователю, что значение квалификатора «mol_type» может быть изменено **ТОЛЬКО** для последовательностей нуклеиновых кислот (поскольку для последовательностей аминокислот это же значение автоматически устанавливается системой как «protein»).

- 3) После выбора типа молекулы система предложит пользователю выбрать тип последовательности нуклеиновых кислот, к которым будет применено массовое редактирование.

Type of bulk edit*
Qualifier molecule type

Select the type of bulk edit to continue

Molecule Type*
DNA

Qualifier Molecule Type*
unassigned DNA

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

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

Enter one or more of the following DNA sequences to edit the qualifier 'mol_type'.

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

Select Range of Sequence IDs*
3,7

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

Рис. 90. Массовое редактирование, определен квалификатор «mol_type»

Как показано на Рис. 90, система также предупреждает пользователя о том, что квалификатор «mol_type» для последовательностей, в которых «Organism»

(«Организм») — «synthetic sequence» («синтетическая последовательность»), должен иметь значение «other DNA» («Другая ДНК») или «other RNA» («Другая РНК»), и если эти значения будут изменены, то при проверке проекта будет выдана ошибка.

- 4) Для выбора система отображает перечень последовательностей, подлежащих массовому редактированию.

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

Рис. 91. Массовое редактирование, обновленный квалификатор «mol_type»

Если тип массового редактирования — «Organism» («Организм»):

- 1) В поле «Type of bulk edit» («Тип массового редактирования») выберите «Organism» («Организм») (1) согласно Рис. 92. Введите диапазон идентификационных номеров последовательностей («SEQ ID»), которые будут отредактированы (2). Затем, например в случае изменения значения «Organism» («Организм») на «synthetic construct», система выдаст уведомление о том, что квалификатор «mol_type» («Тип молекулы») будет автоматически изменен на «other DNA» («Другая ДНК») или «other RNA» («Другая РНК») в соответствии с типом молекулы (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

Рис. 92. Массовое редактирование, организм, шаг 1

Если тип массового редактирования — «Feature» («Характеристика»):

1) В поле «Type of bulk edit» («Тип массового редактирования») выберите «Features» («Характеристики»)(см. Рис. 93) (1). Затем необходимо указать, желаете ли вы отредактировать существующие характеристики или добавить новые (2). Введите «Molecule Type» («Тип молекулы») (3) и диапазон идентификационных номеров последовательностей, которые будут отредактированы (4). Если вы выбрали функцию «Edit feature» («Редактировать характеристику») (2), то в случае изменения значения местоположения характеристики (6) на «complement(join(1..30,61..90))», система обновит все существующие характеристики «CDS» (5) для последовательностей («SEQ ID») 5 и 8 на указанное значение.

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

Рис. 93. Массовое редактирование, характеристика, шаг 1

2) Если вы выбрали функцию массового редактирования характеристики «Add feature» («Добавить характеристику») (см. Рис. 94), то к каждой из выбранных последовательностей («SEQ ID») 1,2,7 (3) будет добавлена новая характеристика «CHAIN» («ЦЕПОЧКА») (4) со значением местоположения характеристики «1..13» (5).

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	Daboia russelii	protein
7	40000 sequences_seq_7	15	AA	Wabasso hilairoides	protein

Рис. 94. Типы массового редактирования: добавление характеристики

3) Если вы выбрали тип массового редактирования «Bulk Skip» («Массовый пропуск»), см. Рис. 95. Диапазон последовательностей, которые должны быть пропущены, указывается как диапазон идентификационных номеров последовательностей («SEQ ID») (1).

Рис. 95. Типы массового редактирования: массовый пропуск

Редактирование последовательности

Чтобы внести изменения в последовательность, нажмите на идентификационный номер соответствующей последовательности, как показано на Рис. 96 («Sequence ID» («Идентификационный номер последовательности») 1).

Примечание:

Все перечни последовательностей, соответствующие стандарту ВОИС ST.26, должны начинаться с SEQ ID #1 и нумероваться последовательно в соответствии с длиной последовательности.

SEQUENCES

Create new sequence Import sequence Insert Sequence Reorder Sequence Bulk Edit

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

Рис. 96. Редактирование последовательности

В окне представления «Project Detail» («Подробная информация о проекте») под разделом «Sequences» («Последовательности») появится новый раздел, как показано на Рис. 97.

Этот раздел с информацией о последовательности состоит из панели редактирования «Basic Information» («Основная информация»), выделенной сверху, таблицы «Features» («Характеристики») в середине и панели редактирования остатков «Sequence» («Последовательность») внизу.

GENERAL INFORMATION SEQUENCES

SEQUENCE 1

Sequence Number [ID] 1 Molecule Type AA
 Sequence Name ST25_221_BINDING_edited_seq_1 Organism synthetic construct
 Length 10

FEATURES

Add feature

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

SEQUENCE

ACCEBROOXXX 10

< 1/1 >

Рис. 97. Редактирование последовательности, панель редактирования

Характеристики

Согласно стандарту ВОИС ST.26, для каждой последовательности должен быть указан по меньшей мере один связанный с ней ключ характеристики: «source», в зависимости от типа молекулы. Каждая характеристика «source» должна иметь два обязательных квалификатора: «organism» («Организм») и «mol_type» («Тип молекулы»).

Таблица «Features» («Характеристики») состоит из трех столбцов: «Feature key» (ключ характеристики), «Location» (местоположение характеристики в генетической последовательности) и «Qualifiers» (квалификаторы, связанные с каждой отдельной характеристикой последовательности).

Местоположение характеристики указывает на то, к какому фрагменту последовательности данная характеристика относится. В стандарте ВОИС ST.26 приводятся допустимые форматы указания местоположения характеристики, а именно:

- Номер единичного остатка: x
- Номера остатков, ограничивающие некоторый участок последовательности: x..y
- Остатки до первого или после последнего указанного номера остатка: <x, >x,
<x..y, x..>y, <x..>y
- участок между двумя соседними нуклеотидами: x^y;
- номера остатков, соединенных внутрицепочечной поперечной связью: x..y.

Для составления сложных описаний местоположения можно использовать **операторы** местоположения:

- «**join** (местоположение, местоположение, ... местоположение)»: местоположения объединяются (друг за другом), образуя одну непрерывную последовательность;
- «**order** (местоположение, местоположение, ... местоположение)»: элементы следуют в указанном порядке, при этом не подразумевается необходимость их объединения;
- «**complement** (местоположение)»: указывает, что характеристика расположена на нити ДНК, являющейся комплементарной относительно диапазона последовательности, определенного указателем местоположения, при считывании в направлении от 5' к 3' или в направлении, имитирующем направление от 5' к 3'.

Чтобы добавить новую характеристику в последовательность, нажмите кнопку «Add feature» («Добавить характеристику») в разделе «Features» («Характеристики») выбранной последовательности (эта кнопка выделена на Рис. 98).

▼ **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

« ‹ 1 › »

▼ **SEQUENCE**

gatagtagtgt atatatagta gtatgatgat gatagtagga t 41

Рис. 98. Добавление характеристики в последовательность

Затем в появившемся оверлее (как показано на Рис. 99) выберите в раскрывающемся списке необходимое значение ключа характеристики⁸ и укажите местоположение характеристики в последовательности, к которой эта характеристика относится.

▼ **FEATURES**

Add feature

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

« ‹ 1 › »

Feature 1

Feature Key*	Feature Location*
D_segment	4..15

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

▼ **QUALIFIERS**

Add qualifier

Cancel Create Feature

Рис. 99. Добавление характеристики, оверлей

На этом этапе к характеристике можно также добавить квалификаторы, подробная информация о которых приводится в следующем разделе.

⁸ См. стандарт ВОИС ST.26, приложение I, разделы 5 и 7, в которых приводятся таблицы ключей характеристик для нуклеотидов и аминокислот.

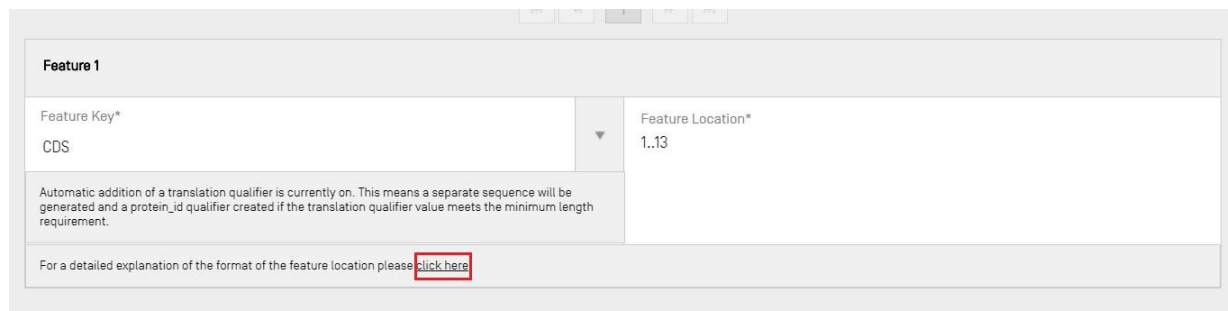


Рис. 100. Всплывающая ссылка на подробное объяснение касательно местоположения характеристики

Была добавлена ссылка на подробное пояснение формата указания местоположения характеристики. Ссылка находится в конце предложения (слова «click here»). Ссылка выделена на Рис. 100, чтобы пользователю было легче ее найти.

Для завершения нажмите синюю кнопку «Create Feature» («Создать характеристику»), как показано на Рис. 99.

Характеристика «CDS»

Характеристика «CDS» используется для описания кодирующей последовательности белка⁹. Характеристика «CDS» может по желанию включать аминокислотную трансляцию сегмента последовательности, к которому она относится, и если это удовлетворяет требованию минимальной длины, то она будет отображаться в проекте как отдельная последовательность. Идентификационный номер полученной в результате трансляции аминокислотной последовательности указывается в квалификаторе «protein_id» характеристики «CDS» исходной последовательности.

При создании характеристики «CDS» для последовательности к характеристике «CDS» может быть автоматически добавлен квалификатор «translation» (со значением генетического кода, по умолчанию равным 1 – «Standard Code») со значением транслированного остаточного фрагмента последовательности, как указано в местоположении характеристики. Путем установки флажка в разделе «Basic Information» («Основная информация») в верхней части страницы с подробной информацией о странице (см. Рис. 102) также могут быть созданы соответствующий «protein id» и отдельная аминокислотная последовательность. Этот квалификатор не является обязательным и может быть удален после создания. Можно вручную создать квалификаторы «translation» и «protein_id» и указать идентификационный номер полученной в результате трансляции последовательности, который был также создан пользователем.

Примечание:

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

Начиная с версии 2.1.0 флажок «Automatically add a translation qualifier...» («Автоматически добавлять квалификатор “translation”...») установлен по умолчанию

Автоматическое создание характеристики «CDS»

Чтобы создать квалификатор характеристики «CDS», выполните следующие действия:

- 1) в разделе с информацией о конкретной последовательности нажмите кнопку «Add feature» («Добавить характеристику») и в качестве ключа характеристики выберите «CDS». Если в разделе «Basic Information» («Основная информация») установлен флажок «automatically add a translation qualifier» («автоматически добавлять квалификатор “translation”»), то при добавлении в нуклеотидную последовательность характеристики «CDS» автоматически добавляются квалификатор «translation», его значение, а также квалификатор «protein_id» и связанная с ним отдельная аминокислотная последовательность (при необходимости).
- 2) Квалификатор «translation» также может быть создан вручную.

▼ QUALIFIERS

Add qualifier

Qualifier Name *
translation

Select Genetic Code
1 - Standard Code

Sequence Name

Qualifier Value

Automatic Translation is ON. Leave this field blank to automatically generate the translation qualifier value, protein_id qualifier, and associated amino acid sequence.

Cancel Create Qualifier

Рис. 101. Создание квалификатора «translation»

- 3) по завершении редактирования характеристики и связанных с ней квалификаторов нажмите кнопку «Create Feature» («Создать характеристику»), чтобы сохранить характеристику. Результат создания характеристики «CDS» показан на Рис. 102.

▼ FEATURES

Add feature

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

1

Рис. 102: Новая характеристика «CDS» в таблице характеристик

Затем приложение **создает в проекте новую последовательность*** со следующими атрибутами:

- **«Sequence ID Number» («Идентификационный номер последовательности»):** следующее по порядку доступное значение идентификационного номера последовательности;
- **«Length» («Длина»):** длина транслированной последовательности;
- **«Sequence Name» («Название последовательности»):** значение, указанное в поле «Sequence Name» («Название последовательности») квалификатора «translation». Если название не было указано, последовательности будет присвоено название по умолчанию («Seq_#»);
- **«Molecule Type» («Тип молекулы»):** «AA»;
- **«Organism Name» («Название организма»):** то же значение, что и для исходной последовательности;
- **«Qualifier Molecule Type» («Квалификатор типа молекулы»):** «protein»;
- **«Sequence Residues» («Остатки последовательности»):** полученные в результате трансляции исходной последовательности значения.

Результат, полученный после завершения этого процесса, показан на Рис. 103.

The screenshot displays the 'SEQUENCE 3' entry in the system. It includes a summary card with the following details:

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

Below the summary card is the 'FEATURES' section, which contains a table of sequence features:

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

At the bottom of the features table, there are navigation controls including a page indicator showing '1'.

Рис. 103. Характеристика «CDS», сгенерированная аминокислотная последовательность

Примечание относительно создания транслированной последовательности

Отдельная транслированная последовательность создается только в том случае, если в ней определено не менее четырех специально определенных остатков (т. е. AXTG считается как 3 символа).

Если квалификатор «translation» будет изменен таким образом, что его значение будет включать менее четырех специально определенных остатков, соответствующая транслированная последовательность будет удалена, а также будет удален квалификатор «protein_id».

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

Рис. 104. Флажок автоматического создания квалификатора трансляции — для выключения функции снимите флажок

Рекомендации по характеристикам «CDS» при включении псевдоквалификатора или псевдогенового квалификатора:

Для исправления этой ошибки необходимо отключить автотрансляцию для проекта, открыть характеристику «CDS» и удалить квалификаторы «translation» («Трансляция») и «protein_id», и затем обновить характеристику.

Если при добавлении псевдоквалификатора или псевдогенового квалификатора к характеристике «CDS» автотрансляция не отключена (если указанный на Рис. 105 флажок не снят), то при обновлении характеристики «CDS» будет автоматически добавлен квалификатор трансляции. Для исправления этой ошибки необходимо отключить автотрансляцию для проекта, открыть характеристику «CDS» и удалить квалификаторы «translation» («Трансляция») и «protein_id», и затем обновить характеристику.

The screenshot shows the 'PROJECT ...' settings page. At the top, there is a navigation bar with options: 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, there are tabs for 'GENERAL INFORMATION' and 'SEQUENCES'. The main content area has a header 'PROJECT ...' followed by buttons for 'Print', 'Export', 'Import Another Project', 'Validate', and 'Generate Sequence Listing'. A table of project details is shown below, with a red box highlighting the checkbox 'Automatically add a translation qualifier when a CDS feature is created' which is checked. Other details include Project Name (project demo), Creation date (2022-01-12), File Name (Sequences 2), and Non English free text language code.

Рис. 105. Автоматическое создание квалификатора трансляции: «ON» («ВКЛЮЧЕНО»)

Если вы желаете, чтобы квалификатор «translation» был создан автоматически, значение таблицы трансляции и название последовательности можно ввести на панели редактирования квалификатора. При создании характеристики приложение выполнит трансляцию, а затем добавит квалификатор «protein_id» к характеристике и новую последовательность с полученным в результате трансляции значением.

Трансляция будет выполнена повторно, только если изменится местоположение характеристики или значение одного из квалификаторов «transl_table», «transl_except» или «codon_start» — в этих случаях соответствующая последовательность будет обновлена.

Примечание:

Если значение квалификатора «translation» изменяется, связанная с ним последовательность обновляется автоматически. Однако если будет изменена связанная с квалификатором «translation» нуклеотидная последовательность, значение самого квалификатора не изменится. Если квалификатор «protein_id» будет изменен после создания, связь между связанной с квалификатором последовательностью и исходной последовательностью будет утеряна.

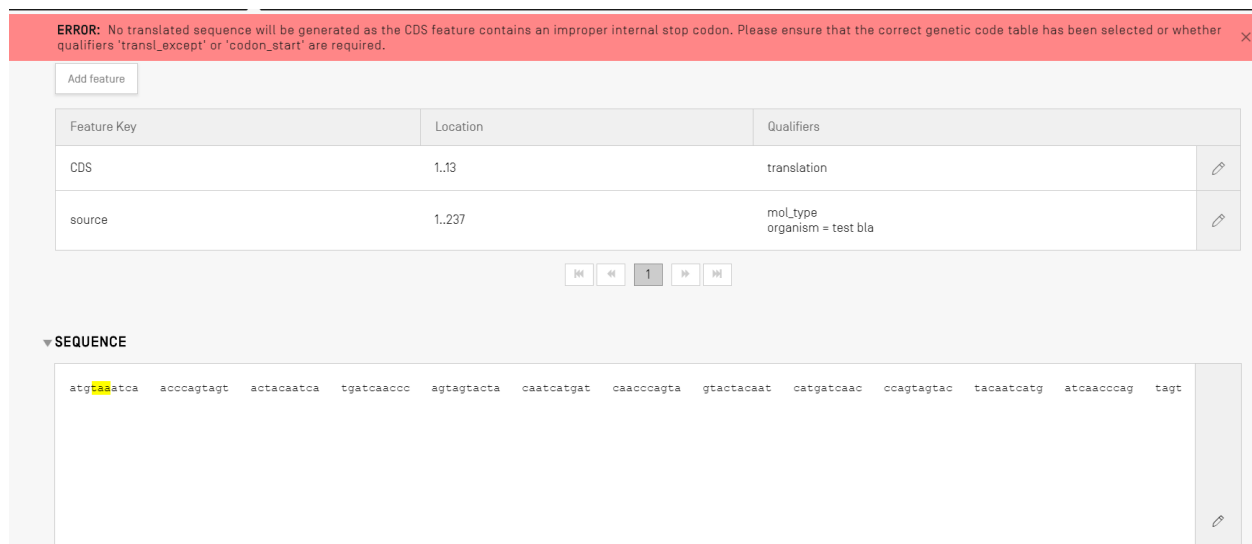
Рекомендации по использованию стоп-кодона

Как правило, стоп-кодоны используются только в конце характеристики «CDS» и указывают на окончание кодируемой аминокислотной последовательности. Их никогда не следует использовать в середине характеристики «CDS», если только у нее нет квалификатора «transl_except», который указывает, что стоп-кодон должен быть транслирован в определенную аминокислоту.

Если в середине характеристики «CDS» обнаружен стоп-кодон (отмечено желтым цветом ниже) и при этом отсутствует квалификатор «transl_except», указывающий, что стоп-кодон должен быть транслирован в определенную аминокислоту, как показано на Рис. 106,

Апрель 2023 года

программа остановит трансляцию в этой точке и на экране появится красный баннер с уведомлением о том, что трансляция не может быть выполнена.



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

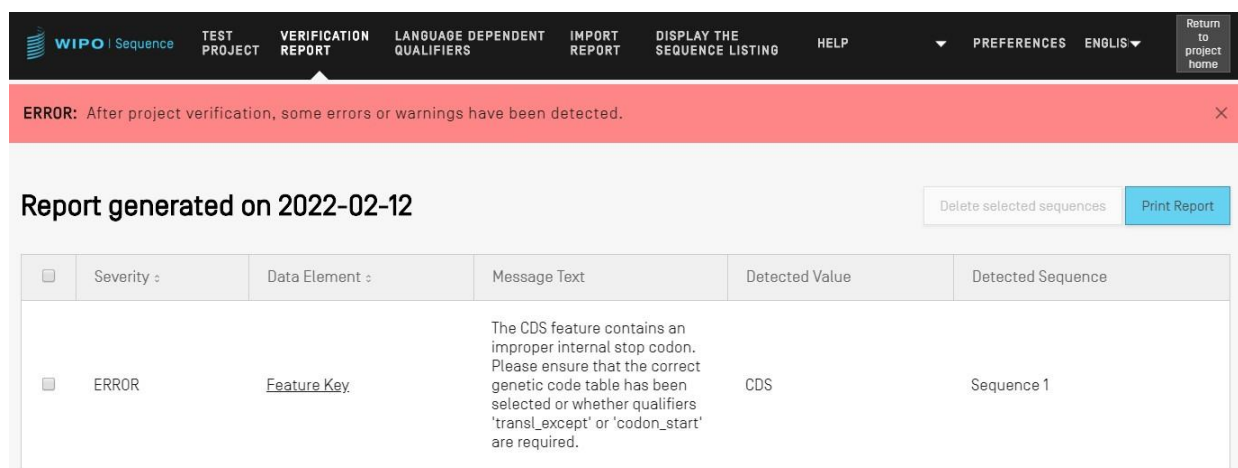
Feature Key	Location	Qualifiers
CDS	1..13	translation
source	1..237	mol_type organism = test bla

▼ SEQUENCE

atg taa atca acccagtagt actacaatca tgatcaaccc agtagtacta caaccatgat caaaccagta gtactacaat catgatcaac ccagtagtac tacaatcatg accaaccag tagt

Рис. 106. Включено автоматическое создание квалификатора трансляции, последовательность с неправильным стоп-кодом

Отчет о проверке будет содержать ошибку, указывающую пользователю на наличие проблемы с кодирующей последовательностью, как показано на Рис. 107.



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

Report generated on 2022-02-12

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

Рис. 107. Ошибка характеристики «CDS»: неправильный внутренний стоп-кодон

Квалификаторы

Чтобы просмотреть квалификаторы какой-либо характеристики, выберите желаемую характеристику из таблицы «Features» («Характеристики») соответствующей последовательности. В примере, показанном на Рис. 108, выбран значок карандаша для характеристики «source».

The screenshot displays the 'GENERAL INFORMATION SEQUENCES' section. At the top, a table lists sequence details: Seq_3, 4, AA, Caballerocotyla klawei, No. Below this is a navigation bar with a '1' button. The 'SEQUENCE 2' section shows metadata: Sequence Number (ID) 2, Molecule Type DNA, Sequence Name ST25_221_BINDING_edited_seq_2, Organism Caballerocotyla biparastica, and Length 237. The 'FEATURES' section includes an 'Add feature' button and 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 red box highlights the pencil icon in the 'source' row. A navigation bar with a '1' button is at the bottom.

Рис. 108. Добавление/редактирование квалификатора, шаг 1

Если нажать на значок с карандашом, отмеченный на Рис. 108, появится оверлей с данными соответствующей характеристики, как показано на Рис. 109.

The overlay shows the 'Feature 2' details. The 'Feature Key' is 'source' and the 'Feature Location*' is '1..237'. A link for a detailed explanation of the feature location format is provided. Below this is the 'QUALIFIERS' section with an 'Add qualifier' button (marked with a red '2'). The table below shows the qualifiers:

Qualifier Name	Qualifier Value
mol_type	
organism	Caballerocotyla biparastica

Red circles '1' and '2' mark the pencil icon and the 'Add qualifier' button, respectively. 'Cancel' and 'Update feature' buttons are at the bottom right.

Рис. 109. Добавление/редактирование квалификатора, шаг 2

Существующие квалификаторы можно редактировать, щелкнув значок карандаша справа от соответствующей строки (1), также к выбранной характеристике можно добавить новый квалификатор, нажав кнопку «Add qualifier» («Добавить квалификатор») (2).

При редактировании или добавлении квалификатора появляется два поля, как показано на

Рис. 110: «Qualifier name» («Название квалификатора») ¹⁰ (значение необходимо выбрать из раскрывающегося списка) и «Qualifier value» («Значение квалификатора»).

Рис. 110. Панель редактирования квалификатора

Поле «Qualifier value» («Значение квалификатора») изменяется в зависимости от типа квалификатора:

- **квалификаторы с predetermined значениями.** В этом случае поле «Qualifier value» («Значение квалификатора») представляет собой раскрывающийся список, в котором можно выбрать одно из predetermined значений квалификатора, как показано на Рис. 111 ниже:

Рис. 111. Квалификаторы с predetermined значениями

- **квалификаторы в свободном формате.** В этом случае поле «Qualifier value» («Значение квалификатора») представляет собой поле для ввода произвольного текста. В дополнение к полям «Qualifier Name» («Название квалификатора») и «Qualifier Value» («Значение квалификатора»), которые могут содержать текст только на английском языке, имеется два дополнительных поля, позволяющие пользователю указать код языка (например, «ru») и соответствующее значение квалификатора не на английском языке, как показано на Рис. 112 ниже:

¹⁰ См. стандарт ВОИС ST.26, приложение I, разделы 6 и 8, в которых приводятся все возможные квалификаторы для нуклеотидов и аминокислот.

Рис. 112. Квалификаторы в свободном формате

Полю «Language» («Язык») присваивается то же значение, что и полю «Non English Free text language code» («Код языка свободного текста не на английском языке») в окне с подробной информацией о проекте.

Пользователь может указать несколько значений не на английском языке для каждого выбранного языка либо путем ввода вручную, либо путем импорта соответствующего языка из файла XLIFF;

- **квалификаторы в предопределенном формате.** В этом случае поле «Qualifier value» («Значение квалификатора») представляет собой поле для ввода произвольного текста, при этом введенный текст проверяется на соответствие определенным правилам, изложенным в разделе 6 приложения I к стандарту ВОИС ST.26¹¹. В показанном ниже на Рис. 113 примере дата указана в неверном формате:

Рис. 113. Квалификаторы в предопределенном формате

- **квалификаторы без значений.** В этом случае поле «Qualifier value» («Значение квалификатора») не редактируется, как показано в примере ниже на Рис. 114.

Рис. 114. Квалификаторы без значений

Примечание:

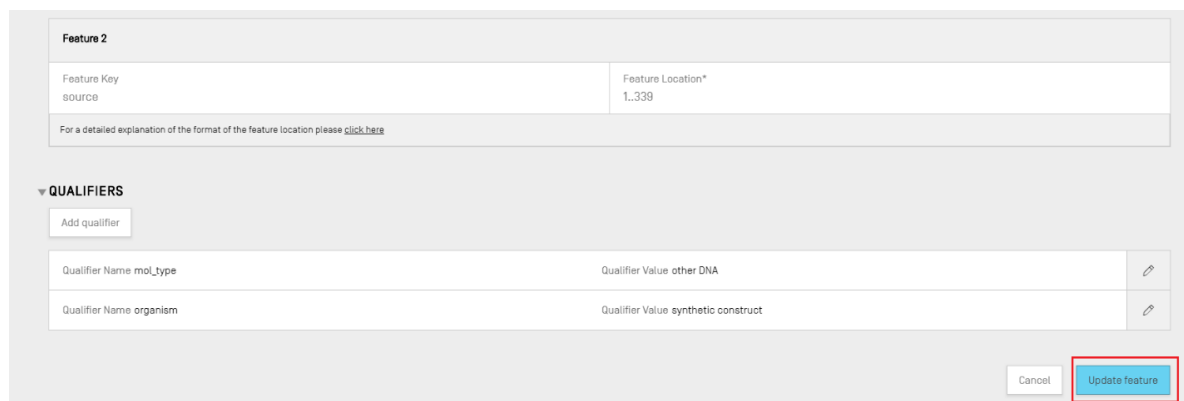
Местоположение характеристики для характеристики «source» нельзя редактировать после его создания, а квалификаторы «mol_type» и «organism» можно только редактировать, но не удалять.

По завершении нажмите синюю кнопку «Create Qualifier» («Создать квалификатор»), чтобы добавить созданный квалификатор, или синюю кнопку «Save» («Сохранить»), чтобы сохранить

¹¹ См. стандарт ВОИС ST.26, приложение I, раздел 6, в котором приводятся правила, касающиеся данных квалификаторов.

изменения, внесенные в существующий квалификатор.

После добавления/изменения квалификатора(ов) нажмите кнопку «Update feature» («Обновить характеристику») в нижней части оверлея с данными характеристики, как показано на Рис. 115 .



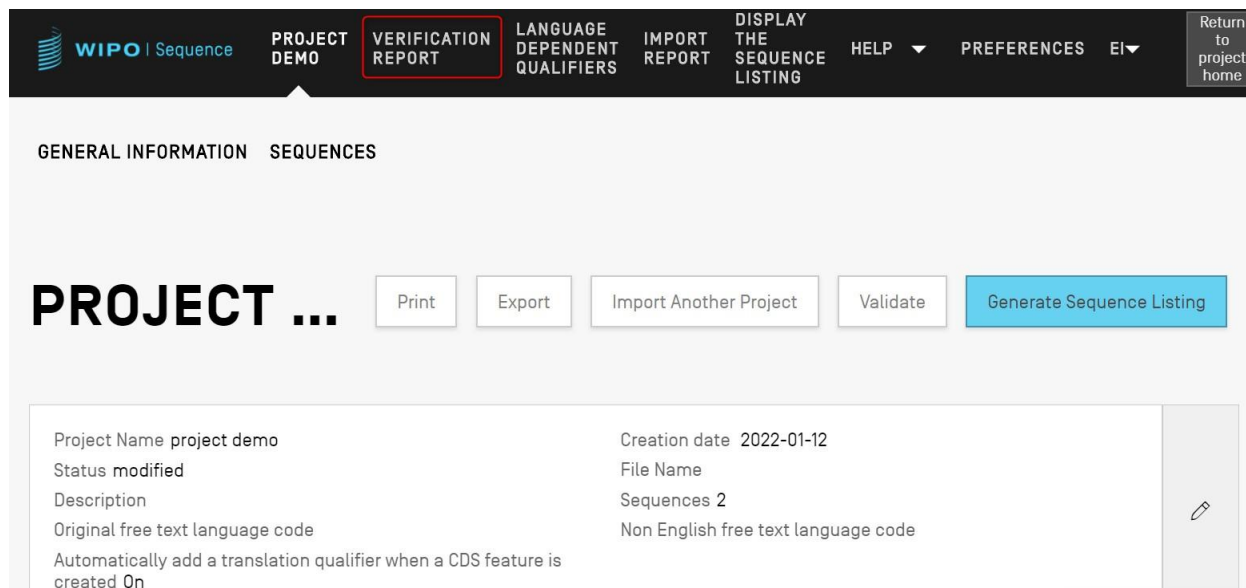
Feature 2	
Feature Key source	Feature Location* 1..339
For a detailed explanation of the format of the feature location please click here	
▼ QUALIFIERS	
Add qualifier	
Qualifier Name mol_type	Qualifier Value other DNA
Qualifier Name organism	Qualifier Value synthetic construct
Cancel Update feature	

Рис. 115. Обновление характеристики после редактирования квалификатора

ОТЧЕТ О ПРОВЕРКЕ

Чтобы открыть отчет о проверке перечня последовательностей, в окне представления «Project Detail» («Подробная информация о проекте») нажмите ссылку «VERIFICATION REPORT» («ОТЧЕТ О ПРОВЕРКЕ») в строке меню в верхней части окна.

Дополнительная информация о создании отчета о проверке приводится на Рис. 34.



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

GENERAL INFORMATION SEQUENCES

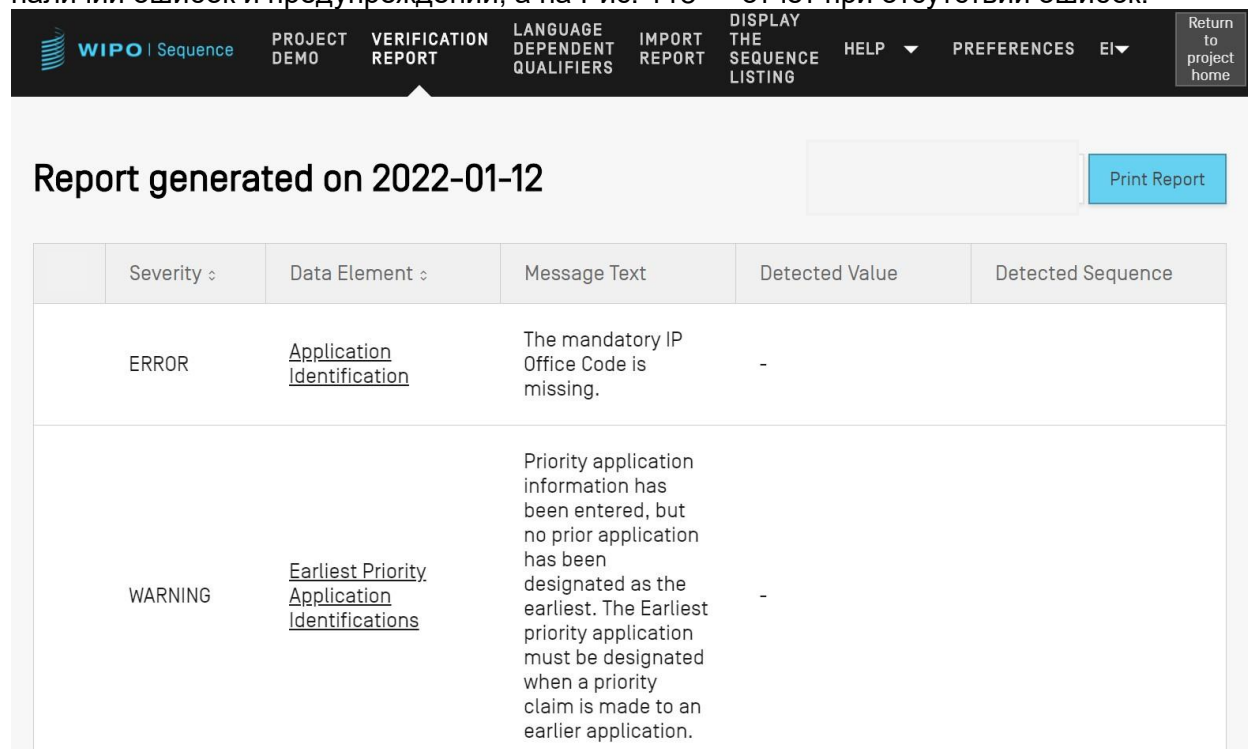
PROJECT ...

Print Export Import Another Project Validate Generate Sequence Listing

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

Рис. 116. Просмотр отчета о проверке, шаг 1

В зависимости от того, обнаружены ли ошибки при проверке перечня последовательностей или нет, отчет о проверке может выглядеть по-разному: на Рис. 117 показан отчет при наличии ошибок и предупреждений, а на Рис. 118 — отчет при отсутствии ошибок.



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 is a table with the following structure:

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.	-	

Рис. 117. Пример отчета о проверке, ошибки/предупреждения

Отчет о проверке можно экспортировать в формате PDF, нажав кнопку «Print Report» («Распечатать отчет») в правом верхнем углу, как показано на Рис. 117. Сгенерированный отчет откроется в PDF-ридере, как показано на Рис. 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.'

Рис. 118. Отчет о проверке, ошибок/предупреждений не обнаружено

ЗАВИСИМЫЕ ОТ ЯЗЫКА КВАЛИФИКАТОРЫ

В данном разделе подробно описаны функции в рамках представления «Language Dependent Qualifiers» («Зависимые от языка квалификаторы»). Квалификаторы, которые позволяют в качестве значения вводить произвольный текст, отображаются в представлении «LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS» («ЗАВИСИМЫЕ ОТ ЯЗЫКА КВАЛИФИКАТОРЫ») на странице с информацией о проекте.

Всякий раз при добавлении в текущий проект зависимого от языка квалификатора этот квалификатор будет также отображен в указанном представлении, как показано на Рис. 119.

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	

Рис. 119. Зависимые от языка квалификаторы

Связанное с квалификатором переведенное значение произвольного текста можно изменить, щелкнув значение соответствующего квалификатора в столбце «Qualifier Name» («Название квалификатора»), как показано на Рис. 110, что откроет оверлей с панелью редактирования под таблицей.

Пользователь должен предоставить код исходного языка и код целевого языка для экспорта квалификаторов в свободном формате в виде файла формата XLIFF, где переведенные значения должны быть представлены переводчиками перед импортом XLIFF-файла.

ИМПОРТ КВАЛИФИКАТОРОВ В СВОБОДНОМ ФОРМАТЕ

Если нажать кнопку «IMPORT FREE TEXT QUALIFIERS» («ИМПОРТ КВАЛИФИКАТОРОВ В СВОБОДНОМ ФОРМАТЕ»), откроется окно для выбора файла (.XLIFF), который необходимо импортировать. Для обеспечения правильного сопоставления значений исходного и целевого языков предусмотрено несколько этапов проверки.

Выбранный файл должен содержать следующие данные:

- название проекта;
- код целевого языка;
- код исходного языка;
- для каждого элемента в файле XLIFF:

- уникальный идентификатор квалификатора (в следующем формате: номер с предшествующей буквой «q»)
- значение квалификатора на исходном языке
- значение квалификатора на целевом языке

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

Рис. 120. Пример надлежащего файла в формате XLIFF

После того, как выбран файл для импорта, пользователю будет предложено подтвердить свой выбор путем прохождения ряда этапов проверки (см. Рис. 121 — Рис. 125).

- Приложение сравнивает название проекта из импортируемого файла с названием выбранного проекта:

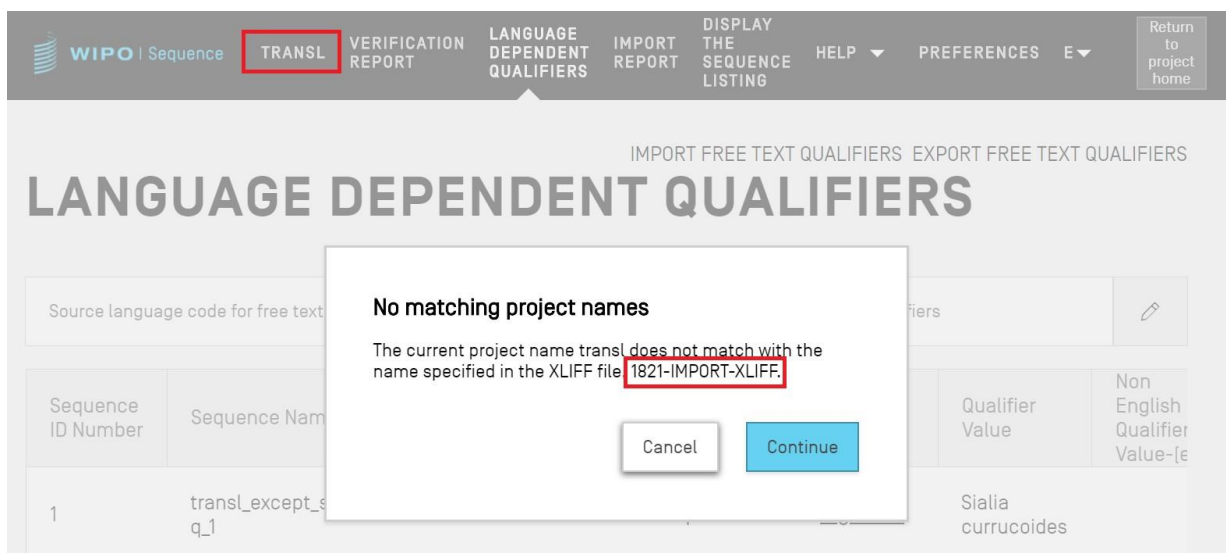


Рис. 121. Проверка названия проекта

- Система сообщит пользователю, если какие-либо квалификаторы не удалось сопоставить:

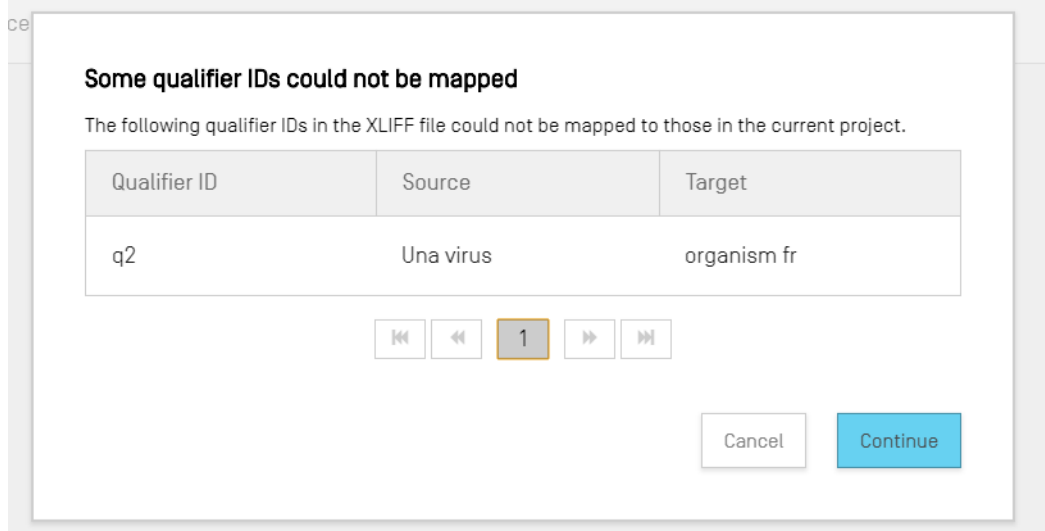


Рис. 122. Этап проверки сопоставления квалификаторов

- Система сообщит пользователю об изменениях, связанных с исходным языком и значениями квалификаторов:

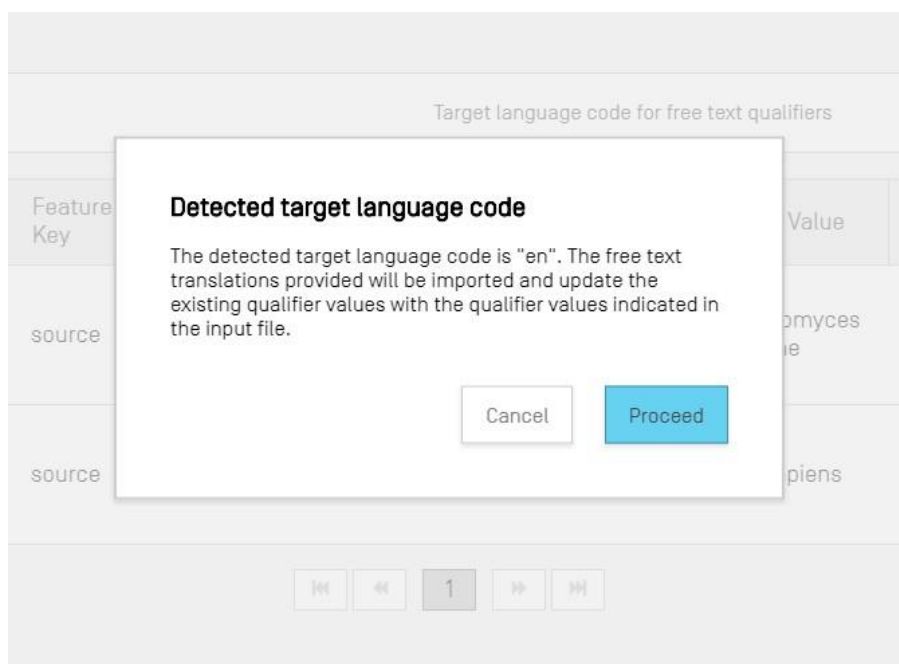


Рис. 123. Этап проверки исходного языка

- Система сообщит пользователю об изменениях, связанных с целевым языком и переведенными значениями квалификаторов:

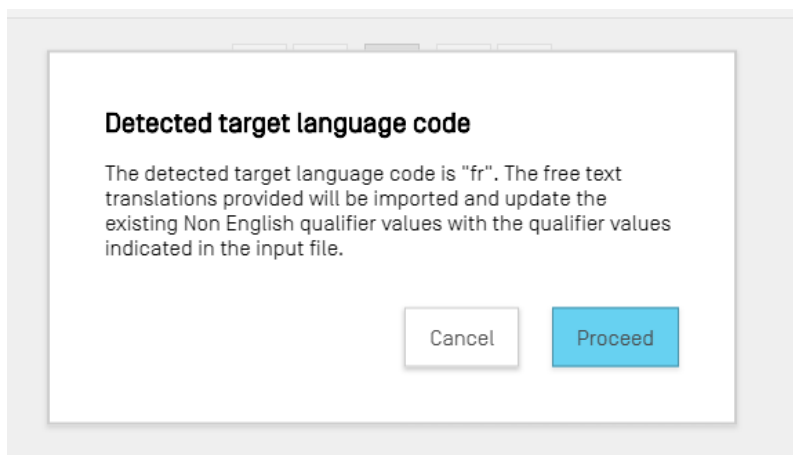


Рис. 124. Этап проверки целевого языка

После указанных проверок в верхней части окна приложения появится синий баннер со следующим сообщением: «SUCCESS: THE FREE TEXT QUALIFIER HAS BEEN IMPORTED SUCCESSFULLY» («ОПЕРАЦИЯ ЗАВЕРШЕНА УСПЕШНО: КВАЛИФИКАТОР В СВОБОДНОМ ФОРМАТЕ УСПЕШНО ИМПОРТИРОВАН»), а также отобразится отчет с подробным указанием соответствующих предыдущих и текущих импортированных значений зависимых от языка квалификаторов в свободном формате.

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

SUCCESS: The free text qualifiers have been imported correctly

IMPORT FREE TEXT QUALIFIERS REPORT < RETURN TO FREE TEXT QUALIFIERS

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		

Рис. 125. Отчет об импорте квалификаторов в свободном формате

Можно вернуться на страницу с квалификаторами в свободном формате, нажав кнопку «RETURN TO FREE TEXT QUALIFIERS» («ВОЗВРАТ К КВАЛИФИКАТОРАМ В

СВОБОДНОМ ФОРМАТЕ») как показано на Рис. 125.

ЭКСПОРТ КВАЛИФИКАТОРОВ В СВОБОДНОМ ФОРМАТЕ

Если нажать кнопку «EXPORT FREE TEXT QUALIFIERS» («ЭКСПОРТИРОВАТЬ КВАЛИФИКАТОРЫ В СВОБОДНОМ ФОРМАТЕ») и в появившемся диалоговом окне указать имя файла и место, куда следует сохранить текстовый файл с квалификаторами в свободном формате, то **все** имеющиеся в проекте квалификаторы в свободном формате будут экспортированы и сохранены в файле в формате XLIFF.

Этот файл будет содержать следующие данные:

- исходный язык проекта;
- целевой язык проекта;
- значения квалификаторов в свободном формате;
- переведенные значения квалификаторов в свободном формате ¹²;
- соответствующую информацию о квалификаторах и характеристиках, как показано в таблице на Рис. 119.

Этот файл можно просматривать, редактировать и вновь импортировать в приложение после перевода, как показано на Рис. 121 — 125.

ОТЧЕТ ОБ ИМПОРТЕ

В этом разделе подробно описаны функции в рамках представления «Import Report» («Отчет об импорте»).

Если проект импортируется из перечня последовательностей (стандарта ST.25 или ST.26) или когда пользователь импортирует несколько последовательностей из файла (файла стандарта ST.26 или ST.25, файла с необработанными данными (RAW), файла в формате FASTA или файла с множественными последовательностями (multi-sequence)), соответствующий отчет об импорте будет включать таблицу со всеми изменениями, внесенными в импортированные данные при адаптации их к правильному формату для включения в проект.

Если проект создан не путем импорта другого проекта и если в проект не импортировалась ни одна последовательность, в представлении «Отчет об импорте» отображается баннер, показанный на Рис. 126.

¹² Перевод на язык, соответствующий коду языка текста в свободном формате не на английском языке, указанному в проекте при экспорте.

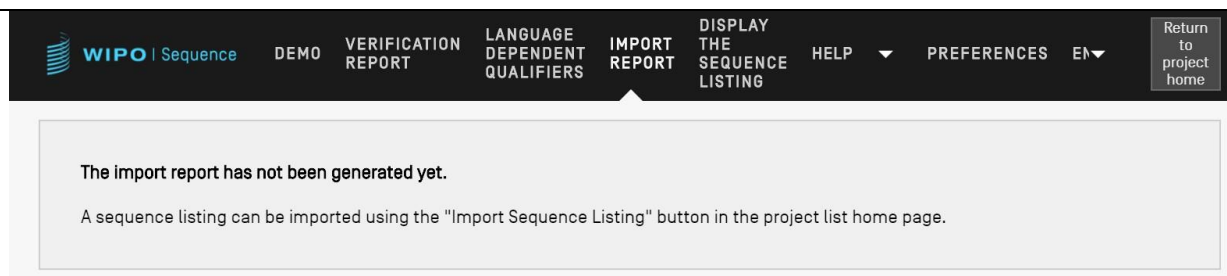


Рис. 126. Представление «Отчет об импорте», импорт не выполнялся

Если импорт выполнен успешно и проект создан, в представлении «Import Report» («Отчет об импорте») могут отображаться следующие две таблицы:

- «Import Report» (таблица отчета об импорте) (см. Рис. 127);
- «Changed Data» (таблица измененных данных) (см. Рис. 128).

Таблица отчета об импорте

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.	

Рис. 127. Пример отчета об импорте

Таблица отчета об импорте отображается только при возникновении ошибок при импорте файла и содержит следующие столбцы:

- «Type of note» («Тип примечания»): «INDIVIDUAL» («ИНДИВИДУАЛЬНОЕ») для

сообщения, относящегося к определенной последовательности или «GLOBAL» («ГЛОБАЛЬНОЕ») для сообщения, относящегося к одной или нескольким последовательностям;

- **«Data element» («Элемент данных»):** из исходного файла для перечней последовательностей стандарта ST.25;
- **«Message text» («Текст сообщения»):** подробное сообщение с информацией о выявленной проблеме и изменениях, внесенных для ее устранения (если таковые имеются);
- **«Detected sequence» («Обнаруженная последовательность»):** номер импортированной последовательности, к которой относится сообщение (если примечание имеет тип «INDIVIDUAL» («ИНДИВИДУАЛЬНОЕ»), в противном случае это поле остается пустым).

Таблица измененных данных

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

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

Рис. 128. Пример таблицы измененных данных

В этой таблице отображаются все данные, которые были преобразованы или изменены в процессе импорта. Таблица содержит следующие столбцы (см. Рис. 127):

- **«Origin Tag» («Исходная метка»):** код элемента данных для данного типа элемента (для

перечней последовательностей стандарта ST.25);

- **«Origin Element Name» («Название исходного элемента»):** соответствующее название для данного типа элемента;
- **«Origin Element Value» («Значение исходного элемента»):** соответствующее значение исходного элемента в исходном файле;
- **«Target Element Name» («Название целевого элемента»):** эквивалентное название элемента, в котором информация будет храниться в проекте, в формате, соответствующем стандарту ST.26;
- **«Target Element Value» («Значение целевого элемента»):** значение, которое будет установлено для целевого элемента в проекте;
- **«Transformation» («Преобразование»):** описание изменений/преобразований, внесенных в элемент;
- **«Sequence ID Number» («Идентификационный номер последовательности»):** идентификационный номер соответствующей последовательности, к которой относится подвергшийся преобразованию элемент.

ОТОБРАЖЕНИЕ ПЕРЕЧНЯ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ

В этом разделе подробно описаны функции в рамках представления «Display the Sequence Listing» («Отобразить перечень последовательностей»).

Приложение WIPO Sequence позволяет создавать перечень последовательностей в более удобочитаемом для человека формате, чем XML. При переходе к представлению «DISPLAY THE SEQUENCE LISTING» («ОТОБРАЗИТЬ ПЕРЕЧЕНЬ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ») сначала отображается синий баннер с сообщением о том, что файл перечня последовательностей был успешно сгенерирован, а также два варианта отображения перечня последовательностей — в формате .html или .txt (см. Рис. 129).

Подробная информация о создании перечня последовательностей приводится в разделе с Рис. 63.

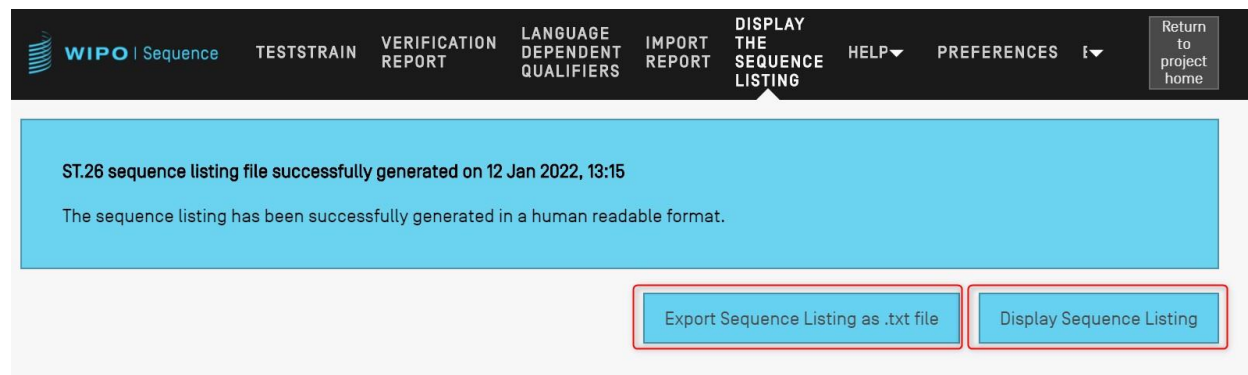


Рис. 129. Отображение перечня последовательностей, перечень сгенерирован успешно

Если перечень последовательностей для данного проекта не был успешно сгенерирован, то в представлении «Display Sequence Listing» («Отобразить перечень последовательностей») кнопки «Display Sequence Listing» («Отобразить перечень последовательностей») и «Export Sequence Listing as .txt file» («Экспортировать перечень последовательностей в виде файла .txt») будут неактивны и будет отображаться сообщение об ошибке, как показано на Рис. 130. Рис. 130

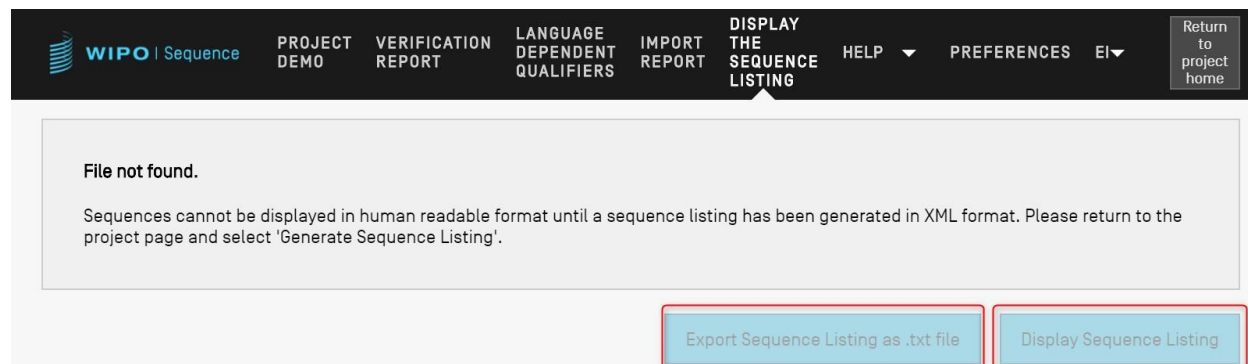
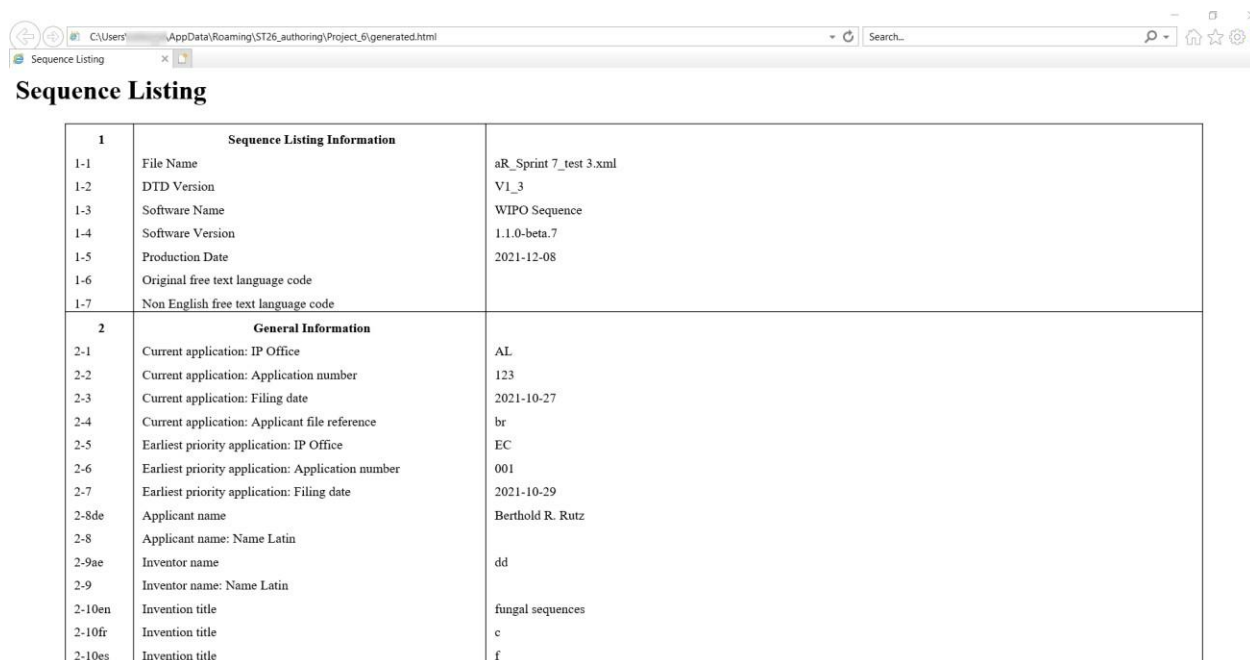


Рис. 130. Отображение перечня последовательностей, файл не найден

При нажатии кнопки «Display Sequence Listing» («Отобразить перечень последовательностей») в браузере, установленном на компьютере в качестве браузера по умолчанию, откроется файл в формате HTML. Это — файл в формате XML стандарта ST.26, отформатированный таким образом, чтобы значения определенных полей были более наглядны для пользователя. Пример показан на Рис. 131.

Примечание:

Чтобы отобразить перечень последовательностей на другом языке, необходимо заново создать перечень последовательностей. Сначала укажите в разделе «General Information» («Общая информация») новый код языка для свободного текста не на английском языке, а затем повторите шаги, описанные выше.



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	fungus sequences
2-10fr	Invention title	c
2-10es	Invention title	f

Рис. 131. Отображение перечня последовательностей, пример в формате HTML

Примечание: путь к соответствующему файлу в формате HTML показан в адресной строке браузера, если понадобится скопировать файл отчета в другое место.

При нажатии кнопки «Export Sequence Listing as .txt file» («Экспортировать перечень последовательностей в виде файла .txt») откроется текстовый файл. Это — файл в формате XML стандарта ST.26, отформатированный таким образом, чтобы значения определенных полей были более наглядны для пользователя. Пример показан на Рис. 130.

```

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 gctgatgatc 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

```

Рис. 132. Отображение перечня последовательностей, пример в формате TXT

Если размер сгенерированного перечня последовательностей превышает 100 Мб, вместо перечня последовательностей в формате HTML будет отображена страница HTML, представленная на Рис. 133 .



Рис. 133. Отображение перечня последовательностей, HTML-версия слишком велика для отображения

5 ФОРМАТЫ ФАЙЛОВ

В WIPO Sequence можно импортировать файлы следующих форматов.

ST.25

Дополнительная информация о формате файлов согласно стандарту ВОИС ST.25 доступна по следующей ссылке:

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

ФАЙЛЫ С МНОЖЕСТВЕННЫМИ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЯМИ

Файлы с множественными последовательностями¹³ (multi-sequence) могут содержать данные об одной или нескольких последовательностях, включая название, тип молекулы и название организма; это — один из допустимых форматов для импорта файлов при использовании приложения PatentIn.

Первая строка непустого текста представляет собой заголовок и содержит следующие элементы:

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

Данные последовательности начинаются со следующей после заголовка строки. Каждая новая последовательность в файле начинается с новой строки после генетического кода предыдущей последовательности. Ниже приводится пример из двух последовательностей, определенных в файле формата множественных последовательностей (multi-sequence).

Пример:

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

```
uuuuucuuaauuguuuucuccsuacugscuuaucauaauggauugucguaguggcuuuccuaucgucucssccacc  
gssuaccasaascgacugcscgacgsggauiiacaauaguaucassaacagcauaacaaaaagaauagacgaa  
gagggguugcigauggugucgcccagcggcguagcagaaggaguggcggagggg
```

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

```
attgaugtuagtgauguggtautgaugtuagutguagtautgaugtauuauuaugtggtgagututuga  
uatguaautgautugtugutattgaugtuagtgauguggtautgaugtuagutguagtautgaugtauu  
auuaugtggtgagututugauatguaautgautugtugutuagt
```

НЕОБРАБОТАННЫЕ ДАННЫЕ (RAW)

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

Этот формат позволяет описать только одну последовательность. Генетический код записывается в базовом виде, без дополнительной информации. При импорте тип молекулы, характеристики и название должны быть добавлены к последовательности непосредственно в самом приложении.

Пример:

```
aggatatagatagtatatgatagtagtatgatgatgatgtatagtgtagttatga
```

FASTA

Файл в этом формате содержит остатки и описание, и при импорте пользователь может сохранить описание как квалификатор «note».

ФАЙЛ В ФОРМАТЕ FASTA С ОДНОЙ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЬЮ

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

```
CTCAACAATCTGAAGCATCG
```

См. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/3724029?report=fasta> (дата доступа: 22 мая 2017 года)

[Конец документа]