



WIPO Sequence Versión 2.3.0 Manual de usuario

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

Manual de usuario de la versión 2.3.0 de WIPO Sequence

1	INTRODUCCIÓN	5
	Descripción general	5
	Requisitos del sistema	5
	Instalación	6
	Desinstalación	7
	Proceso de actualización automática.....	8
2	Funciones de la herramienta	9
3	Descripción general de la herramienta	13
	Elementos principales de la herramienta	13
	Vista	14
	Secciones	14
	Superposiciones	14
	Cuadros	15
	Vistas de panel	16
	Panel de edición	16
	Selector de fecha.....	17
	Lector PDF	18
	Navegación con el teclado	18
	Vista inicial de proyectos	20
	Página del proyecto	21
	Datos del proyecto	23

Información básica	23
Ayuda	24
Preferencias	25
4 Funciones de la herramienta.....	26
Vista inicial de proyectos.....	26
Crear proyecto.....	26
Importar proyecto	27
Importar lista de secuencias.....	30
Validar la lista de secuencias	34
Eliminar proyectos	37
Personas y organizaciones	38
Crear persona u organización	38
Organismos personalizados.....	39
Crear organismos personalizados.....	39
Exportar organismos personalizados	39
Importar organismos personalizados	41
Preferencias del sistema.....	42
Datos del proyecto	45
Imprimir proyecto.....	45
Exportar proyecto	46
Importar información de otro proyecto	47
Validar proyecto.....	49
Generar listado de secuencias.....	52
Información general.....	53
Secuencias	58
INFORME DE IMPORTACIÓN.....	89
Cuadro de informe de importación	90

Cuadro de datos modificados.....	91
VISUALIZACIÓN DE LISTA DE SECUENCIAS.....	92
5 FORMATOS DE ARCHIVO.....	95
ST.25	95
FORMATO DE VARIAS SECUENCIAS	95
RAW	96
FASTA	96
ARCHIVO FASTA CON UNA SECUENCIA.....	96

1 INTRODUCCIÓN

Descripción general

WIPO Sequence es una herramienta de escritorio que permite:

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

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

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

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

Requisitos del sistema

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

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

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

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

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

- CPU: 1,6 GHz
- RAM: 4 GB
- Espacio libre en el disco duro: 1 GB (es posible que se requiera un disco duro adicional para almacenar la información relativa a las listas de secuencias)
- Resolución de pantalla: 1366x768

Instalación

Windows

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

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

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

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

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

Linux

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

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

OSX

WIPO Sequence proporciona un archivo “dmg” para instalar la aplicación en un sistema operativo MacOS de 64 bits. Para ello, se deberá hacer doble clic en el archivo y seguir las instrucciones del asistente.

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

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

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

Instalación silenciosa

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

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

Desinstalación

Windows

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

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

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

Linux

La aplicación se desinstala de la computadora eliminando el archivo ApplImage de Linux. Además, la entrada del menú puede eliminarse borrando el archivo de escritorio de la ubicación:

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

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

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

OSX

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

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

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

Proceso de actualización automática

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

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

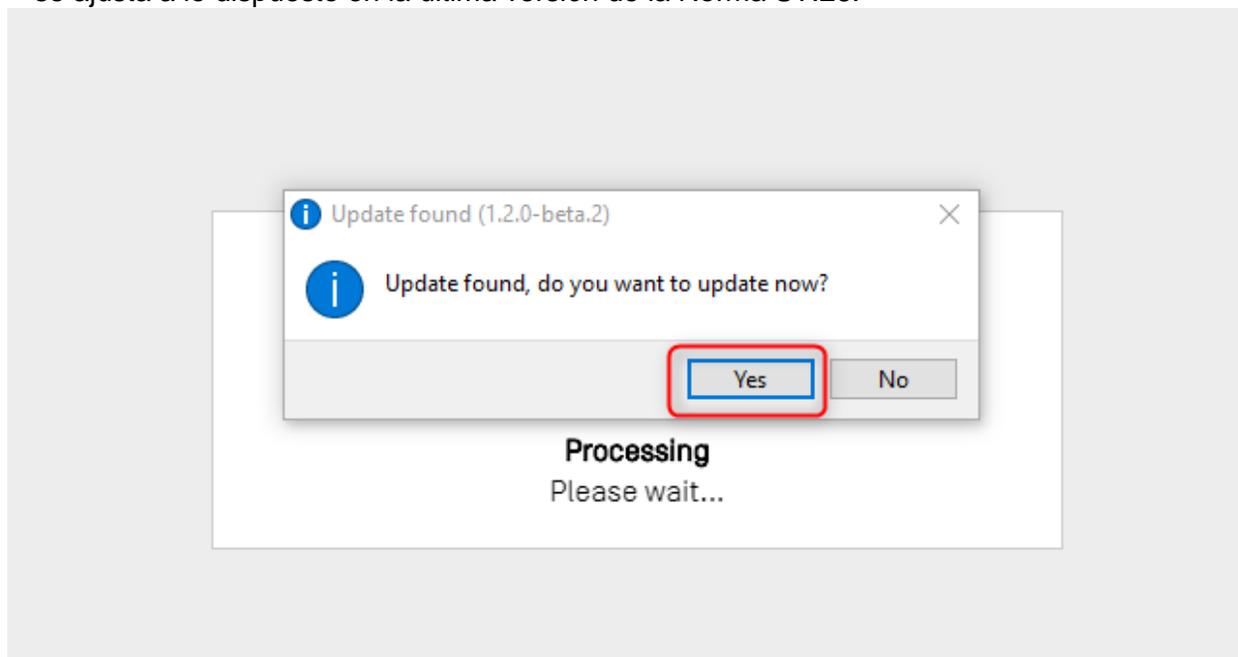


Figura 1: ventana emergente de actualización automática

Nota:

Para que el proceso de actualización automática pueda realizarse, la computadora debe estar conectada a Internet y deben estar habilitados los permisos de acceso HTTP de la herramienta al sitio web de la OMPI. Tenga presente que no se envía ningún tipo de información del usuario al servidor de actualización de la OMPI. Se recomienda esperar con paciencia hasta que se descargue e instale la nueva versión y no desviar la atención de la aplicación.

2 Funciones de la herramienta

En este capítulo se describen todas las funciones que incorpora la herramienta en su versión actual.

Categoría	Función
Proyectos	Crear un proyecto en el que se almacenen los datos relativos a un listado de secuencias
Proyectos	Generar una lista de secuencias
Proyectos	Editar los atributos de un proyecto
Proyectos	Exportar calificadores de texto libre, con fines de traducción en formato XLIFF
Proyectos	Exportar todos los datos almacenados en un proyecto para poder importarlos posteriormente a la misma instancia del sistema o a otra distinta (excepto los metadatos del proyecto)
Proyectos	Visualización/exportación del listado de secuencias generado en formato legible (.html y .txt)
Proyectos	Importar todos los datos almacenados en un archivo de proyecto (.zip) a un proyecto recién creado
	Importar datos de un archivo de listas de secuencias en formato ST.25 a un proyecto recién creado
Proyectos	Importar datos de un archivo de listas de secuencias en formato ST.26 a un proyecto recién creado
Proyectos	Importar datos de una secuencia FASTA a un proyecto existente
Proyectos	Importar datos de secuencias desde un archivo con formato "multisequencia"
Proyectos	Importar al proyecto en curso (proyecto de destino) los datos de otro proyecto (proyecto de origen)
Proyectos	Imprimir datos del proyecto
Proyectos	Imprimir datos del listado de secuencias ST.26 generado

Proyectos	Registrar los datos modificados en el momento de la importación, en un informe que indique los datos originales y los nuevos datos modificados
Proyectos	Verificar un archivo de listas de secuencias en formato ST.26 y enumerar los problemas en un informe de verificación que contenga mensajes de advertencia y error
Proyectos	Verificar los datos almacenados en un proyecto y enumerar los problemas en un informe de verificación que contenga mensajes de advertencia y error
Proyectos	Eliminar proyectos
Información general	Añadir un título de invención y su correspondiente código de idioma a un proyecto
Información general	Añadir información de la solicitud (ya sea la solicitud en curso o la previa) a un proyecto
Información general	Añadir información sobre el solicitante o el inventor a un proyecto
Secuencias	Añadir la característica "source" y sus calificadores obligatorios a una secuencia
Secuencias	Añadir información de una característica a una secuencia
Secuencias	Añadir un calificador a una característica
Secuencias	Crear una secuencia en un proyecto
Secuencias	Edición masiva o adición de características a una serie de secuencias
Secuencias	Salto masivo de una serie de secuencias
Secuencias	Eliminación masiva de intervalo de secuencias
Secuencias	Crear y/o insertar una secuencia en otra posición del listado
Secuencias	Importar una secuencia en un proyecto existente
Secuencias	Eliminar una secuencia

Secuencias	Crear automáticamente un calificador de traducción y, opcionalmente, su secuencia de aminoácidos asociada identificada por <code>protein_id</code> para una característica CDS seleccionada
Secuencias	Editar datos del calificador
Secuencias	Editar datos de secuencia
Secuencias	Editar los datos de la clave de característica
Secuencias	Especificar la información de ubicación de un elemento seleccionado
Secuencias	Comprobar que los residuos no contienen símbolos no válidos
Secuencias	Establecer el atributo molécula de una secuencia de aminoácidos en uno de los valores predefinidos
Secuencias	Traducir una secuencia de ácidos nucleicos según un número de tabla de código genético especificado (por defecto "código genético 1")
Secuencias	Importar calificadores de texto libre de pares original-destino en formato XLIFF, a los fines de facilitar traducciones en un proyecto
Secuencias	Edición masiva de anotaciones de secuencias, incluido el calificador <code>mol_type</code>
Secuencias	Eliminación masiva de una serie de secuencias mediante la edición masiva
Secuencias	Reordenar secuencias en la lista de secuencias
Organismos personalizados	Añadir nuevos nombres de organismos a la lista de nombres de organismos almacenados en el sistema
Organismos personalizados	Exporte la lista de nombres de organismos personalizados a un archivo de texto que pueda importarse posteriormente a otra instancia de WIPO Sequence
Organismos personalizados	Importar una lista de nombres de organismos personalizados desde un archivo XLIFF a un proyecto existente

Persona/ Organización	Guardar en el sistema información sobre un solicitante o inventor (por ejemplo, el nombre, su correspondiente código de idioma y su traducción o transliteración a caracteres latinos (si procede), su dirección, etc.) para poder utilizarla posteriormente en otros proyectos
Persona/ Organización	Crear un nuevo nombre de persona u organización
Preferencias del sistema	Ajustar ciertas preferencias de la herramienta que afectan a todos los proyectos generados por esa instancia

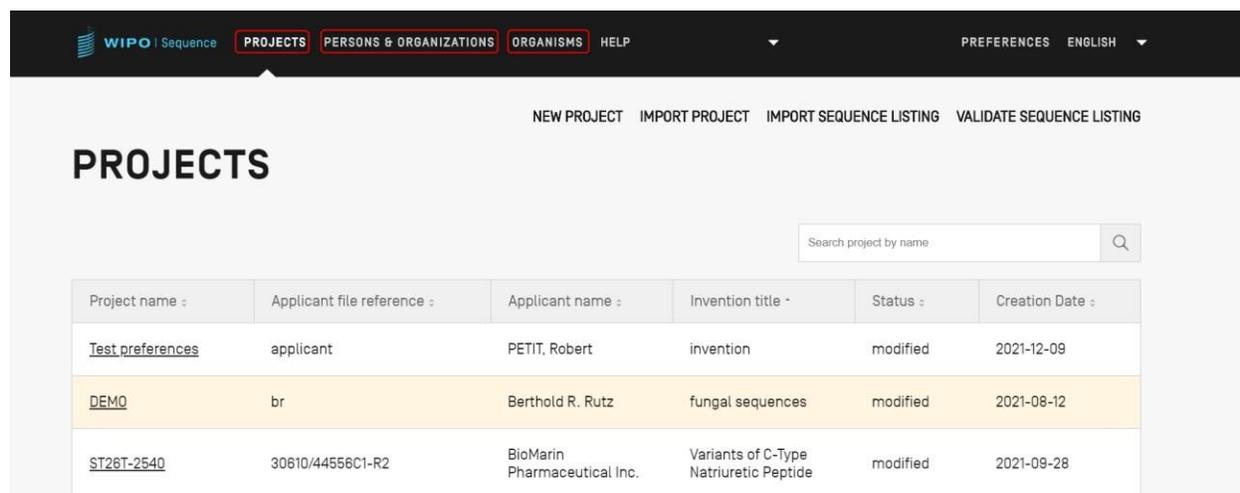
3 Descripción general de la herramienta

Elementos principales de la herramienta

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

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

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



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

Figura 2: Vista inicial de proyectos

Vista

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

Secciones

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

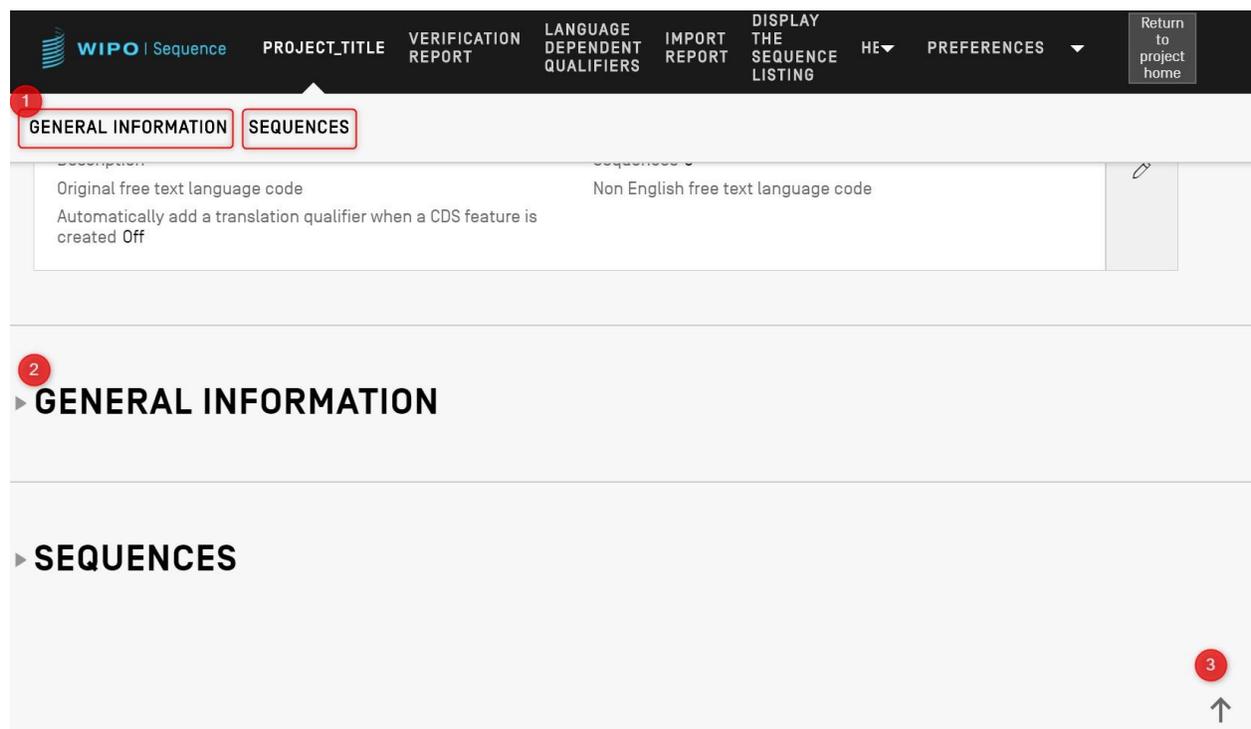


Figura 3: Vista detallada del proyecto

Dentro de la Vista detallada del proyecto, que se muestra en Figura 2:, hay 2 secciones plegables: Información general y secuencias. En la parte superior de la vista de datos de proyecto, hay dos enlaces a través de los cuales se puede acceder a cada una de las secciones (1); el contenido de las secciones se puede ocultar (indicado con un pequeño triángulo a la izquierda) para facilitar la navegación (2); se puede hacer clic en el icono de la flecha para desplazarse a la parte superior de la vista de datos de proyecto (3).

Superposiciones

Cuando es necesario rellenar o modificar un panel, a veces aparecerá una superposición sobre

la vista actual, oscureciendo el fondo como se muestra en el siguiente ejemplo capturado en Figura 4:.

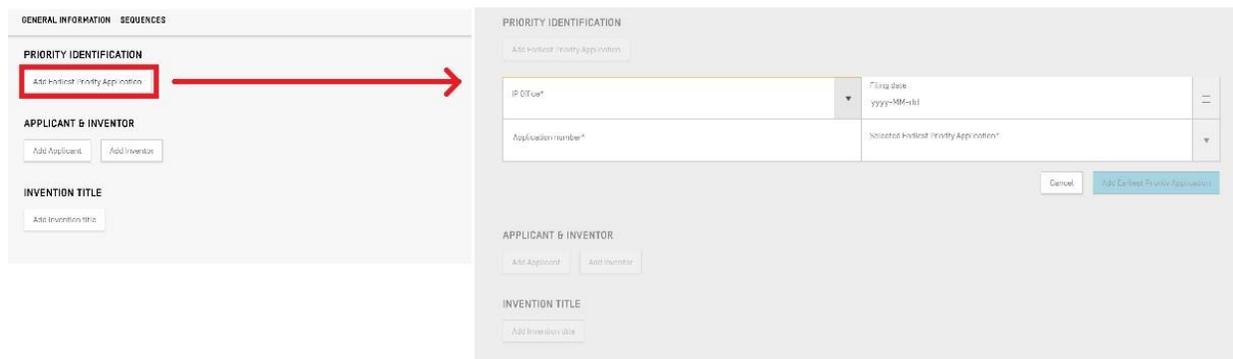


Figura 4: Superposiciones

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

Cuadros

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

Search person or organization by name

Navigation: << 1 >>

Figura 5: Tabla de ejemplos

En Figura 5: se muestra un ejemplo de cuadro. Cuando la función de búsqueda está activada dentro del cuadro, se pueden introducir datos relativos a lo que se busca y hacer clic en el icono de búsqueda situado a la derecha de la barra de búsqueda (1). Para que se vuelva a mostrar la lista completa de elementos del cuadro, hay que borrar los datos en la barra de búsqueda y hacer clic en el icono de búsqueda (1).

Se puede acceder a todas las filas del cuadro haciendo clic en los botones situados debajo del cuadro, en caso de que no se muestren todas en una sola página (2). Para eliminar una entrada de un cuadro, basta con hacer clic en el icono de la papelera situado a la derecha de la fila correspondiente (3). Para abrir la vista de edición de una entrada en un cuadro, se deberá hacer clic en el valor subrayado de la fila (el subrayado indica que se puede hacer clic en el elemento) (4).

The screenshot shows a table with the following data:

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

Below the table is a pagination control showing '1'.

The edit modal below the table contains the following fields:

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

Buttons: Cancel, Save

Figura 6: Edición de un cuadro

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

Vistas de panel

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

The screenshot shows the 'GENERAL INFORMATION' panel with the following data:

APPLICATION IDENTIFICATION	
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

A red circle with the number '1' is positioned above the edit icon (pencil) on the right side of the panel.

Figura 7: Ejemplo de vista de panel

Como se muestra en la Figura 6, cuando se pulsa el botón con el icono del lápiz (1) en una vista de panel, esta se sustituye por un panel de edición.

Panel de edición

Cuando se abre un panel de edición, aparecen los campos que pueden modificarse. Una vez que

se haya terminado de editar los valores de esos campos, se podrá guardar los cambios realizados o descartarlos haciendo clic en los botones “Save” (1) o “Cancel” (2), respectivamente (mostrados en la Figura 8:).

Nota:

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

▼ 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

Figura 8: Editar un panel

Selector de fecha

Siempre que se requiera introducir una fecha, podrá hacerse mediante un selector de fecha. Al hacer clic en el icono del calendario (1), se abrirá el selector de fecha (2), como se muestra en la Figura 9:.

Year: 2019, Month: Feb

Calendar grid showing dates from 27 to 09.

Selected date: 22 (grey background), 26 (underlined)

Filing date: 2019-02-22

Figura 9: Selector de fecha

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

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

Lector PDF

Cuando se hace clic en el botón de impresión de un informe de verificación para una lista de secuencias concreta, de un informe de importación o de un conjunto de datos del proyecto, se genera un archivo PDF y se abre en un lector de PDF. Para descargar el archivo y guardarlo, se deberá hacer clic en el icono de descarga situado en la parte superior derecha del visualizador (1), mostrado en la Figura 10:.



Figura 10: Visor de PDF

Navegación con el teclado

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

El foco durante la navegación se observa en la Figura 11:.

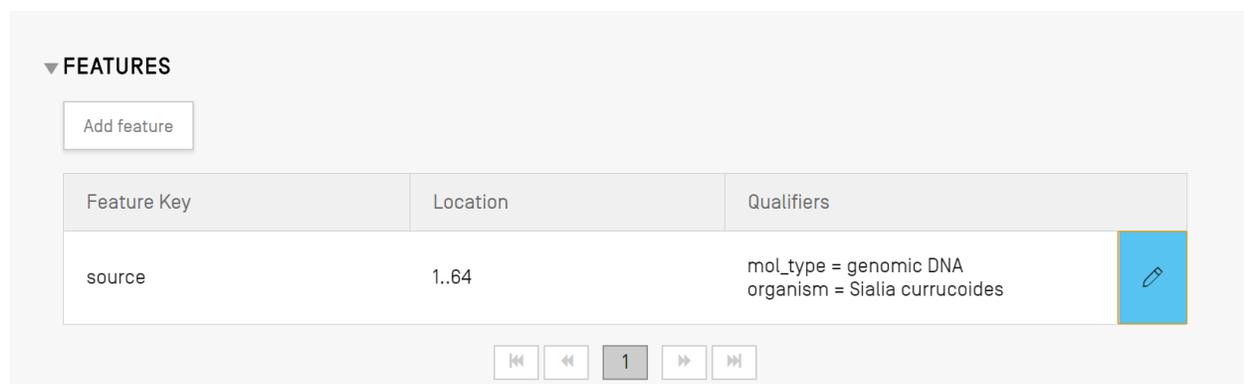


Figura 11: Enfoque en el botón Editar característica

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

Por ejemplo, al crear un nuevo proyecto, solo hay un campo obligatorio: Nombre. El cursor y el foco ya están fijados en el campo del nombre del proyecto como se muestra en la Figura 12::

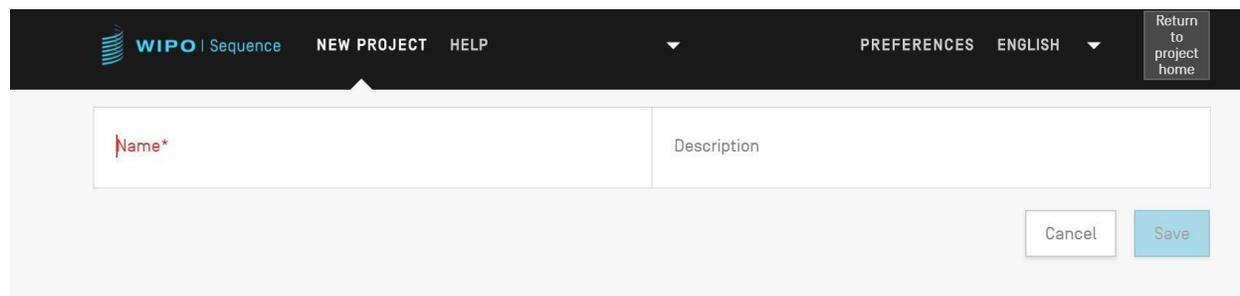
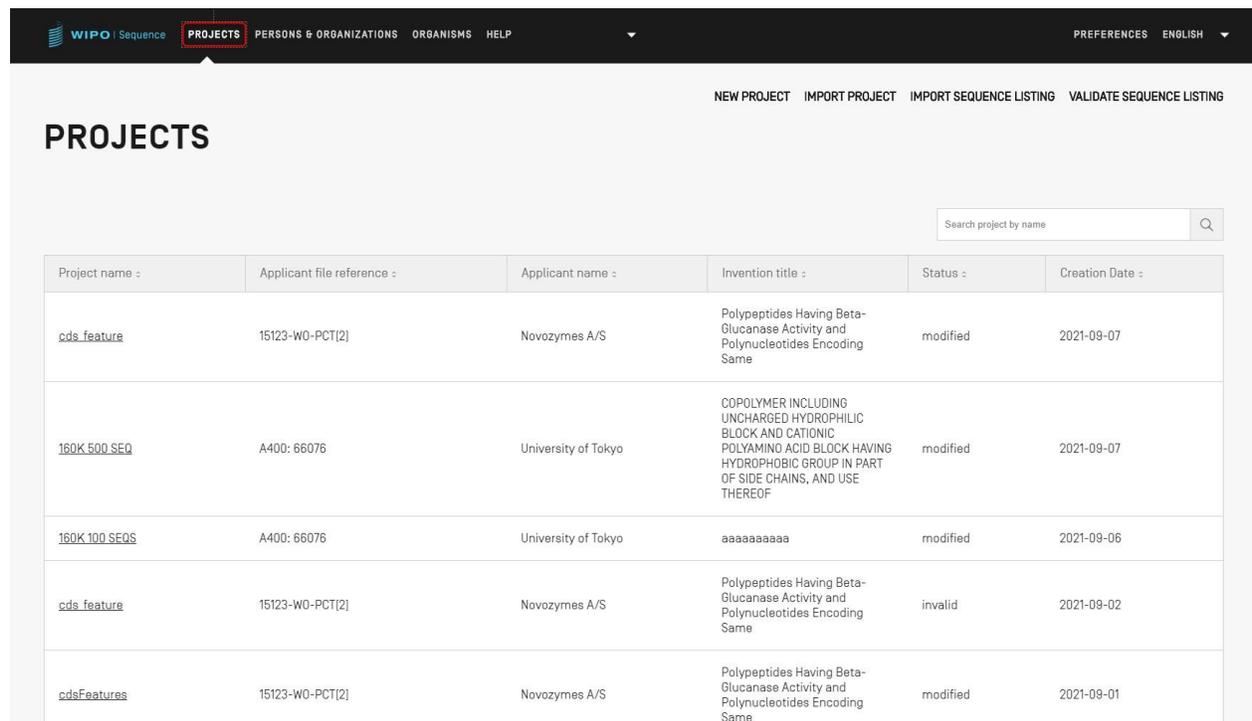


Figura 12: Cursor centrado en el campo obligatorio

Vista inicial de proyectos

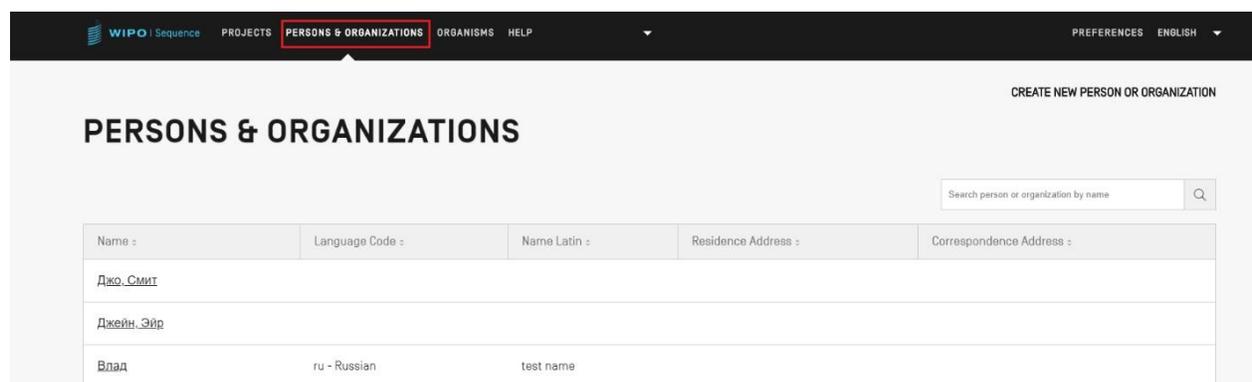
La vista inicial de proyectos de la herramienta consta de 3 vistas principales:

La vista de **proyectos** (Figura 13), la vista de **personas y organizaciones** (Figura 14) y la vista de **organismos** (Figura 15:). También están las preferencias (véase la Figura 19:), que se aplican a todos los proyectos, en la esquina superior derecha.



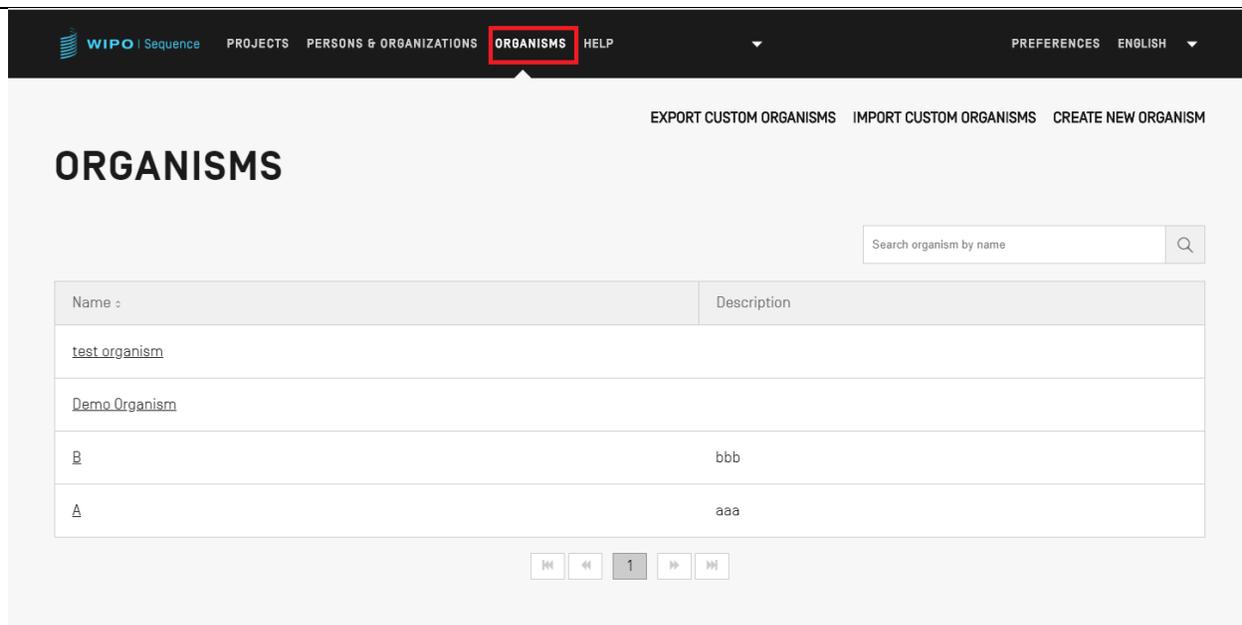
Project name :	Applicant file reference :	Applicant name :	Invention title :	Status :	Creation Date :
cda_feature	15123-WO-PCT[2]	Novozymes A/S	Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same	modified	2021-09-07
160K 500 SEQ	A400: 66076	University of Tokyo	COPOLYMER INCLUDING 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	aaaaaaaaa	modified	2021-09-06
cda_feature	15123-WO-PCT[2]	Novozymes A/S	Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same	invalid	2021-09-02
cdaFeatures	15123-WO-PCT[2]	Novozymes A/S	Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same	modified	2021-09-01

Figura 13: Vista inicial de proyectos



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

Figura 14: Vista de personas y organizaciones



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

EXPORT CUSTOM ORGANISMS IMPORT CUSTOM ORGANISMS CREATE NEW ORGANISM

ORGANISMS

Search organism by name

Name	Description
test organism	
Demo Organism	
B	bbb
A	aaa

1

Figura 15: Vista de los organismos

Página del proyecto

La página del proyecto se compone de seis vistas que permiten navegar entre las diferentes tareas (véase la Figura 16:):

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



Figura 16: Barra de herramientas Detalles del proyecto

Para volver a la página inicial de proyectos, basta con pulsar el botón “Return to project home” (8) situado en el extremo derecho de la cabecera/barra de herramientas.

Datos del proyecto

Información básica

En la parte superior de la vista de datos de proyecto aparece un cuadro con la información básica del proyecto, como se muestra en la Figura 17:.

Esta sección contiene:

- El nombre del proyecto
- La fecha y hora de creación del proyecto
- La fecha y la hora de las últimas actualizaciones realizadas en el proyecto.
- El estado del proyecto (valores posibles: 'new'/'modified'/'generated'/'invalid'/'valid'/'warnings'): téngase presente que este no es un campo modificable.
- La descripción del proyecto: opcional.
- El nombre del archivo importado (en caso de que el proyecto se haya importado).
- El código de idioma de texto libre de origen para los calificadores de texto libre.
- Número de secuencias (etiquetadas: 'Sequences').
- Una casilla para para añadir automáticamente un calificador de traducción cuando se crea una característica CDS (función a nivel de proyecto)
- El código de idioma para el texto libre distinto del inglés.

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

Figura 17: Sección de información básica

Ayuda

La herramienta permite visualizar las opciones de ayuda disponibles para obtener asistencia sobre cómo usarla (ver la Figura 18:).

Las opciones de ayuda remiten a la siguiente información:

- un enlace al Manual de uso¹
- un enlace a la base de conocimientos de la Norma ST.26²
- un enlace al formulario de contacto para el equipo de apoyo de WIPO Sequence.
- un enlace a la Norma ST.26 de la OMPI³
- información básica sobre la herramienta de escritorio de WIPO Sequence.

¹ En el momento de la publicación, se remite a la versión en inglés del manual, que se facilita fuera de línea o en línea en los otros nueve idiomas del PCT.

² En el momento de la publicación, se remite a la base de conocimientos de WIPO Sequence y de la Norma ST.26.

³ En el momento de la publicación, se remite a la última versión en línea de la Norma, en español, francés o inglés.

Nota:

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

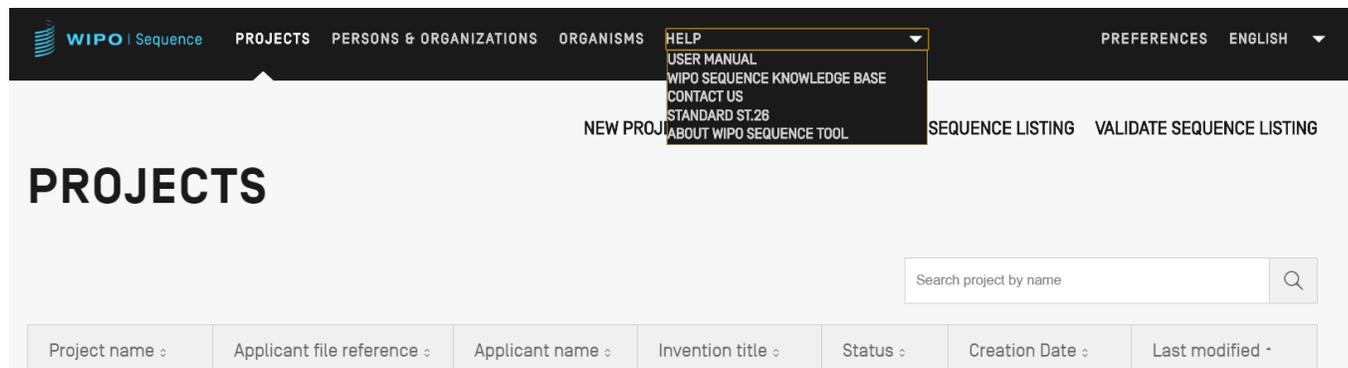


Figura 18: Menú desplegable de ayuda

Preferencias

La última vista es donde el usuario puede establecer propiedades específicas que se aplican a todos los proyectos (véase la Figura 19:). Más adelante, en la sección “Funcionalidades de la herramienta”, encontrará información específica sobre cada uno de estos parámetros.

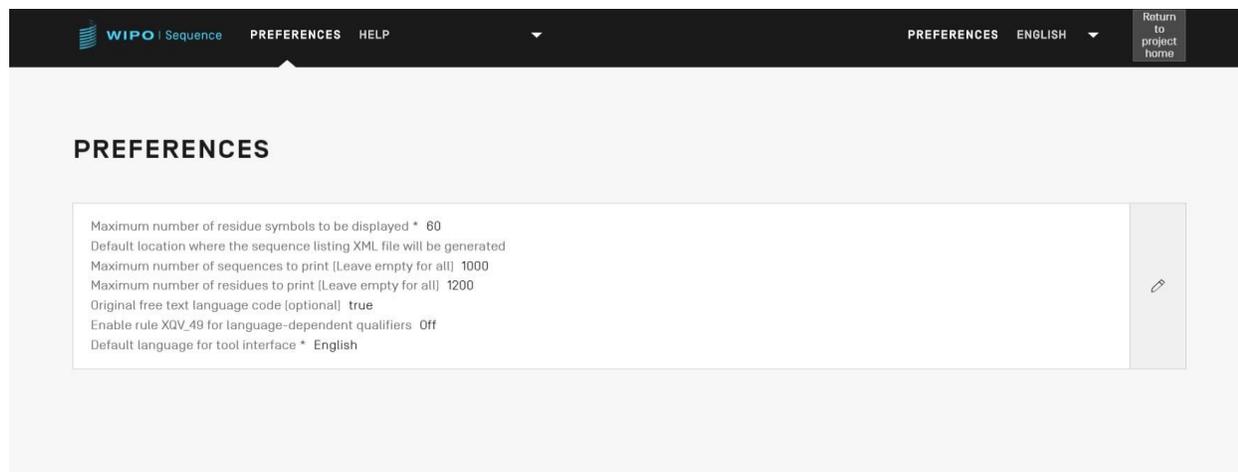


Figura 19: Vista de preferencias

4 Funciones de la herramienta

Vista inicial de proyectos

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

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

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

Nota:

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

Crear proyecto

Para crear un proyecto nuevo, se deberá acceder a la vista inicial de proyectos (véase la Figura 20:).

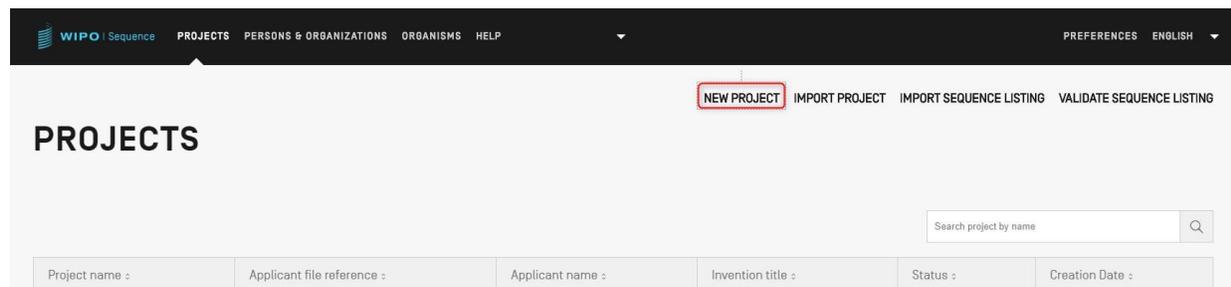
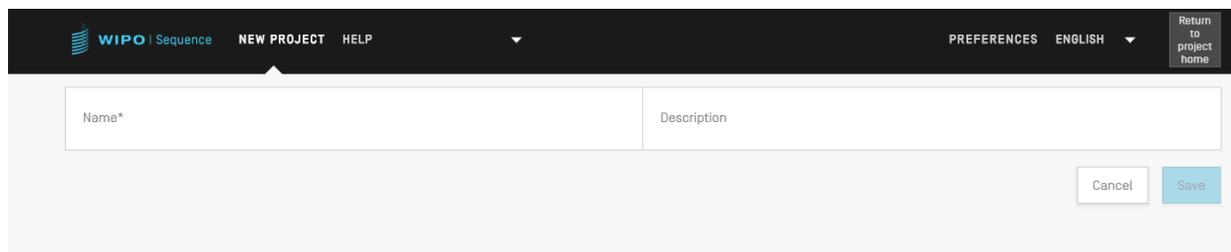


Figura 20: Crear un nuevo proyecto Paso 1

- 1) Habrá que hacer clic en el enlace “NEW PROJECT” en la parte superior de la vista, marcado en la Figura 20:. En la siguiente vista, la herramienta solicitará un nombre (obligatorio) y una descripción (opcional).



WIPO Sequence NEW PROJECT HELP

PREFERENCES ENGLISH

Return to project home

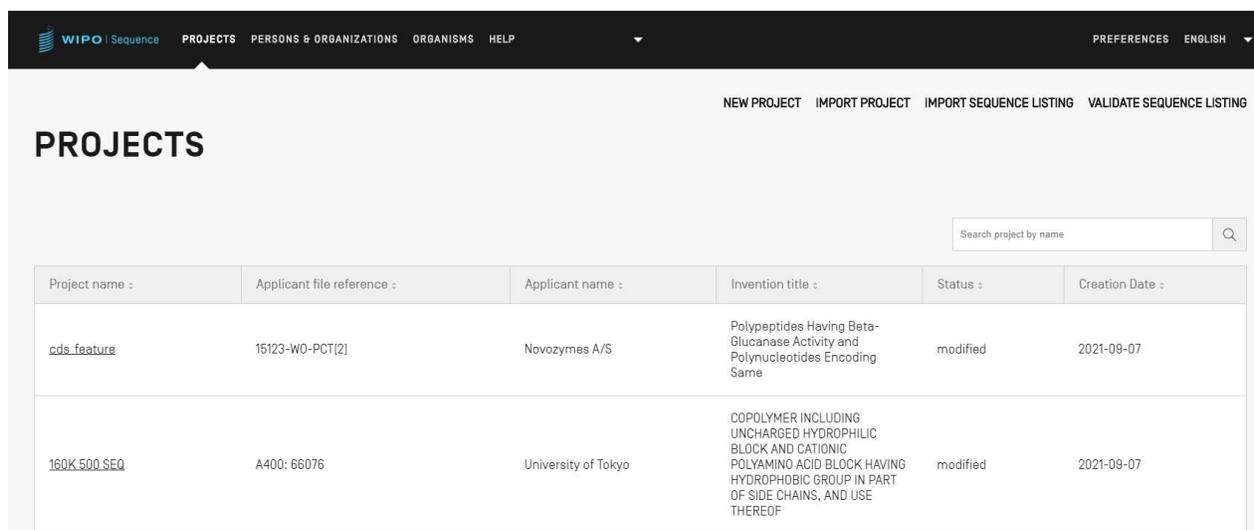
Name*

Description

Cancel Save

Figura 21: Crear un nuevo proyecto Paso 2

- 2) Cuando se introduzca un valor en el campo del nombre, se activará el botón “Save” para poder guardar el proyecto nuevo. En la Figura 22: se muestra la lista de proyectos en la que se incluye el proyecto nuevo (en la vista inicial de proyectos).



WIPO Sequence PROJECTS PERSONS & ORGANIZATIONS ORGANISMS HELP

PREFERENCES ENGLISH

NEW PROJECT IMPORT PROJECT IMPORT SEQUENCE LISTING VALIDATE SEQUENCE LISTING

PROJECTS

Search project by name

Project name :	Applicant file reference :	Applicant name :	Invention title :	Status :	Creation Date :
clds_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

Figura 22: Nuevo proyecto resumido

Importar proyecto

Esta funcionalidad permite importar a la herramienta un proyecto previamente exportado, como se muestra en la Figura 53:. Para importar un archivo de proyecto, el usuario debe comenzar desde la vista de inicio de proyectos, como se muestra a continuación en la Figura 23:.

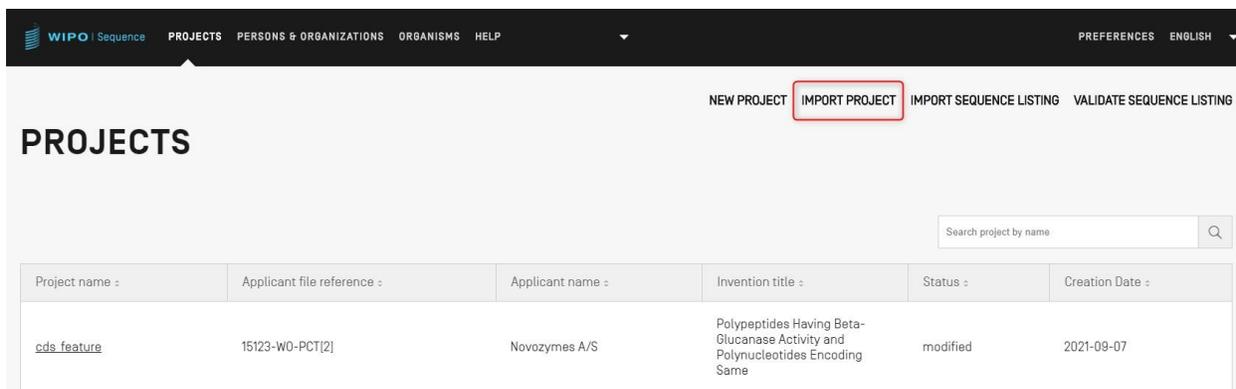


Figura 23: Importar proyecto Paso 1

- 1) Habrá que hacer clic en el enlace “IMPORT PROJECT” situado en la parte superior de la vista, y marcado en la Figura 23:.

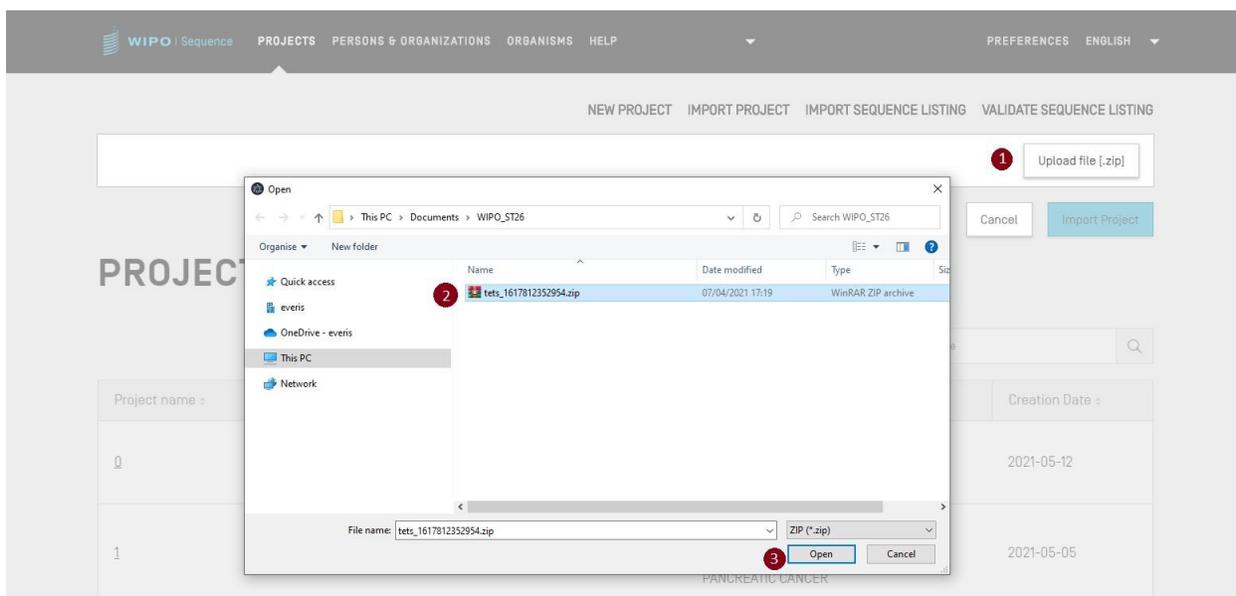


Figura 24: Cuadro de diálogo Importar proyecto

- 2) En la pantalla de superposición, mostrada en la Figura 24:, se deberá hacer clic en el botón “Upload file [.zip]” (1).
- 3) En el cuadro de diálogo que se abre, mostrado en la Figura 24:, se debe seleccionar el archivo de proyecto que se va a importar (2 y 3).

st26t-2576 (1).xml_1640106895750.zip Upload file (.zip)

Enter the sequences to be imported

Sequence Number (ID)	Position
1	
2	

1-2

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").

Cancel Import Project

Figura 25: Importar proyecto, seleccionar rango de secuencias

- 4) Si la casilla de verificación “Select Range Sequences” no está marcada, se importarán todas las secuencias. Para seleccionar las secuencias que se deseen importar al proyecto, se deberá marcar la casilla de verificación “Select Range Sequences” (1) e introducir los identificadores de dichas secuencias en el campo correspondiente (2) (véase la Figura 25:). Se puede indicar una sola secuencia, una lista de secuencias mediante sus respectivos identificadores separados por comas o un intervalo de secuencias utilizando el formato x-y para introducir sus identificadores.

Ejemplo: “1, 3, 7, 13-20, 30-50”.

Por defecto, el número total de secuencias del proyecto importado se mostrará como un rango, es decir: 1- secuencias totales

- 5) Por último, se deberá hacer clic en el botón azul “Import Project” (3), que se muestra en la Figura 25:.

Si el proyecto se importa correctamente, aparecerá el siguiente mensaje sobre fondo azul en la parte superior de la vista, como se muestra en la Figura 26:.

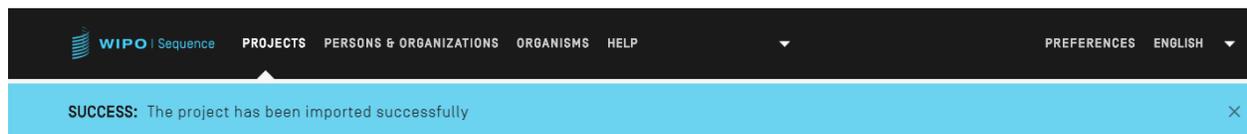


Figura 26: Proyecto importado satisfactoriamente sobre fondo azul

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

Importar lista de secuencias

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

- 1) En primer lugar, se deberá hacer clic en el enlace “IMPORT SEQUENCE LISTING” situado en la parte superior de la vista mostrada en la Figura 27:.

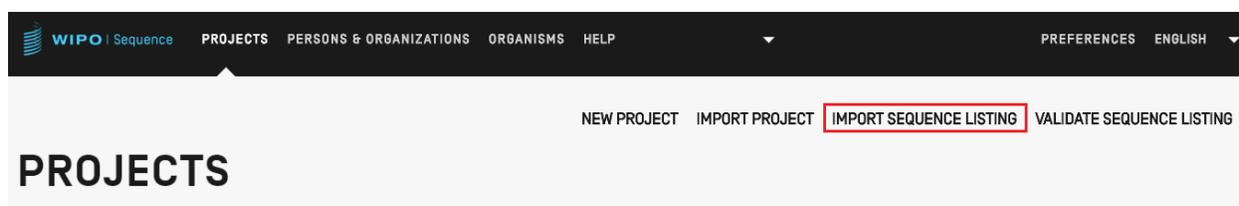


Figura 27: Importar lista de secuencias Paso 1

- 2) En la superposición que se muestra en la Figura 28: habrá que hacer clic en el botón “Upload file ST.25 [.txt] or ST.26 [.xml]” (1) y seleccionar en el cuadro de diálogo que aparece el archivo de la lista de secuencias que se desee importar (2). A continuación, se introducirá en el campo “Project Name” un nombre para el proyecto nuevo que se va a crear (3).

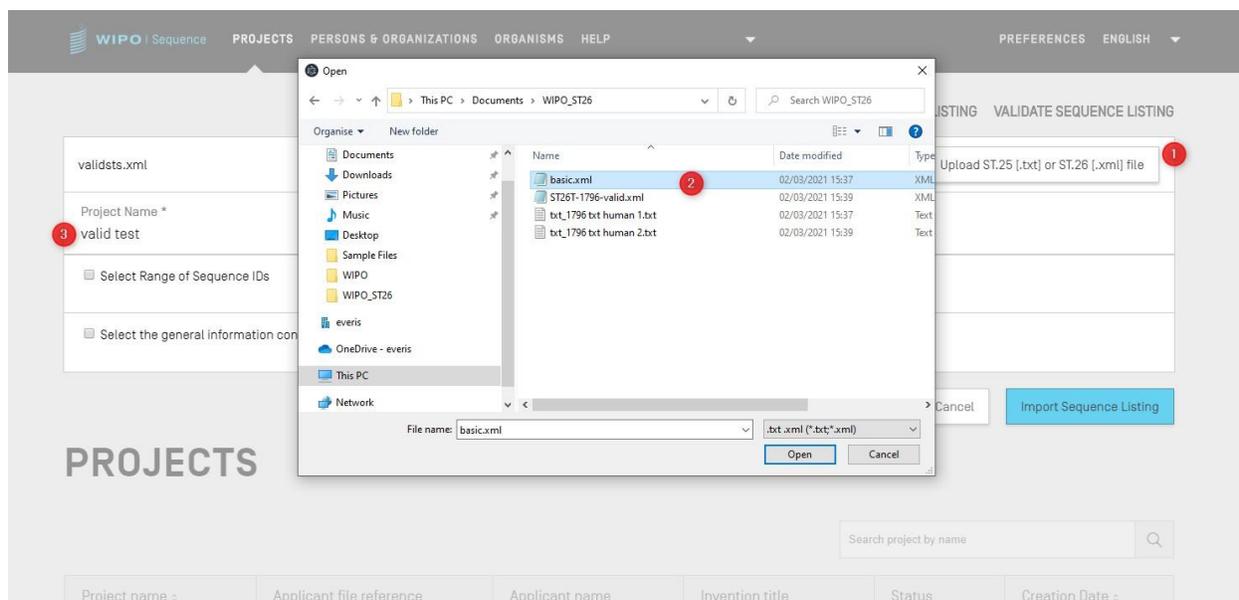
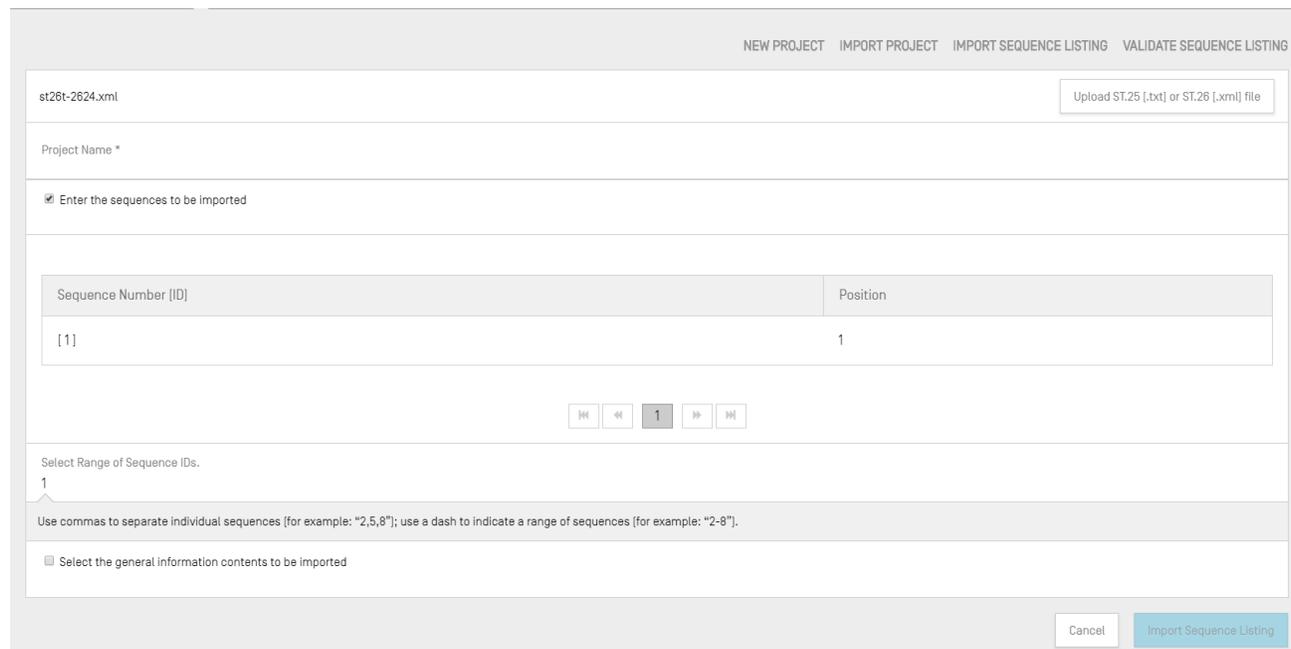


Figura 28: Cuadro de diálogo para importar lista de secuencias

En la Figura 29 se muestran las dos casillas de verificación que permitirán especificar las secciones que se importarán al proyecto nuevo: “Select Range Sequences” y “Select the general information contents to be imported”.



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

Sequence Number [ID]	Position
[1]	1

Figura 29: Selección de intervalo en la importación de lista de secuencias

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

Ejemplo: “1, 3, 7, 13-20, 30-50”.

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

El cuadro mostrado en la Figura 28: tiene dos columnas, una correspondiente al identificador de secuencia y la otra a la posición en la que aparecerá cada secuencia en la lista de secuencias.

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

The data for the selected attributes will be overwritten

Cancel Import Project

Figura 30: Selección de información general en la importación de lista de secuencias

Al marcar la segunda casilla de verificación se habilitará una lista de casillas de verificación que permitirán seleccionar los atributos que se deseen importar, como se muestra en la Figura 30:.

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

Si la lista de secuencias se importó correctamente, aparecerá un cuadro de datos modificados, como el que se muestra en la Figura 31:, en el que se informa de los cambios automáticos efectuados durante la importación en los datos de la lista de secuencias en formato ST.25, formato de varias secuencias o formato RAW, con el fin de ajustarlos a los requisitos de la Norma ST.26.

Nota: para importar una lista de secuencias, las características y los calificadores distinguen entre mayúsculas y minúsculas y deben ajustarse a los valores que figuran en el anexo I de la Norma ST.26 de la OMPI.

También es importante tener en cuenta que los listados de secuencias compatibles con ST.25 importados deben ser válidos, ya que de lo contrario no se puede garantizar la funcionalidad de WIPO Sequence.

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	10

Figura 31: Importar listado de secuencias, Datos modificados

Si el formato del archivo era ST.25, la vista de informe de importación incluirá un cuadro de informe de importación y un cuadro de datos modificados. En la Figura 31: se muestra un ejemplo de informe de datos modificados y en la Figura 32: un ejemplo de informe de importación.

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.	

Figura 32: Informe de importación generado en la importación de lista de secuencias

Se podrá volver a la vista inicial de proyectos (2) o imprimir un informe de los cambios en formato PDF (1), como se muestra en la Figura 32:.

Para obtener instrucciones sobre cómo descargar el archivo PDF, consulte la Figura 10:.

El proceso de importación puede fallar si hay errores en el archivo de la lista de secuencias. En

ese caso, tras el intento de importación, se notificará mediante un mensaje en fondo rojo que se ha producido un error durante la importación (véase la Figura 33:).

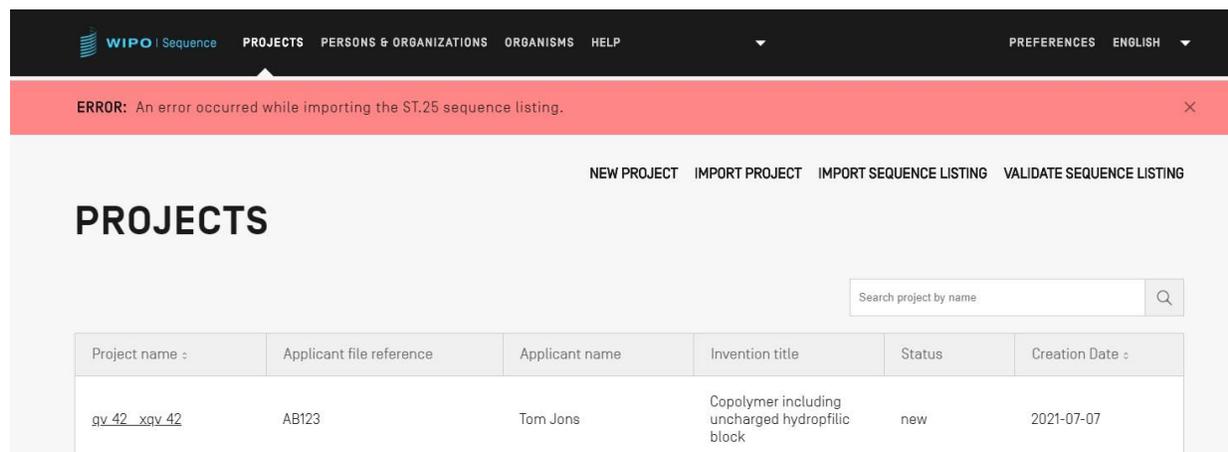


Figura 33: Importar listado de secuencias ST.25, fondo rojo

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

Validar la lista de secuencias

Se puede validar un archivo de listas de secuencias en formato ST.26 haciendo clic en el enlace "VALIDATE SEQUENCE LISTING" que aparece en la parte superior derecha de la vista de proyectos, como se muestra en la Figura 34:.

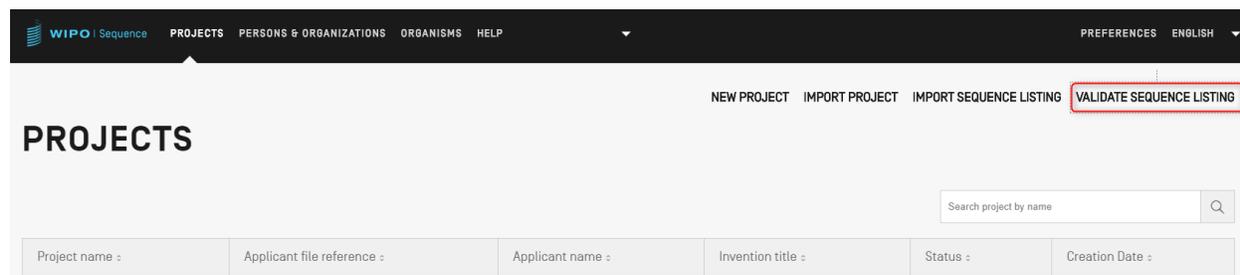


Figura 34: Validar la lista de secuencias

A continuación, se deberá hacer clic en el botón "Upload file ST.26 [.xml]" (1), mostrado en la Figura 35:, y luego seleccionar el archivo en el cuadro de diálogo (2). Por último, habrá que hacer clic en el botón "Validate Sequence Listing" (3).

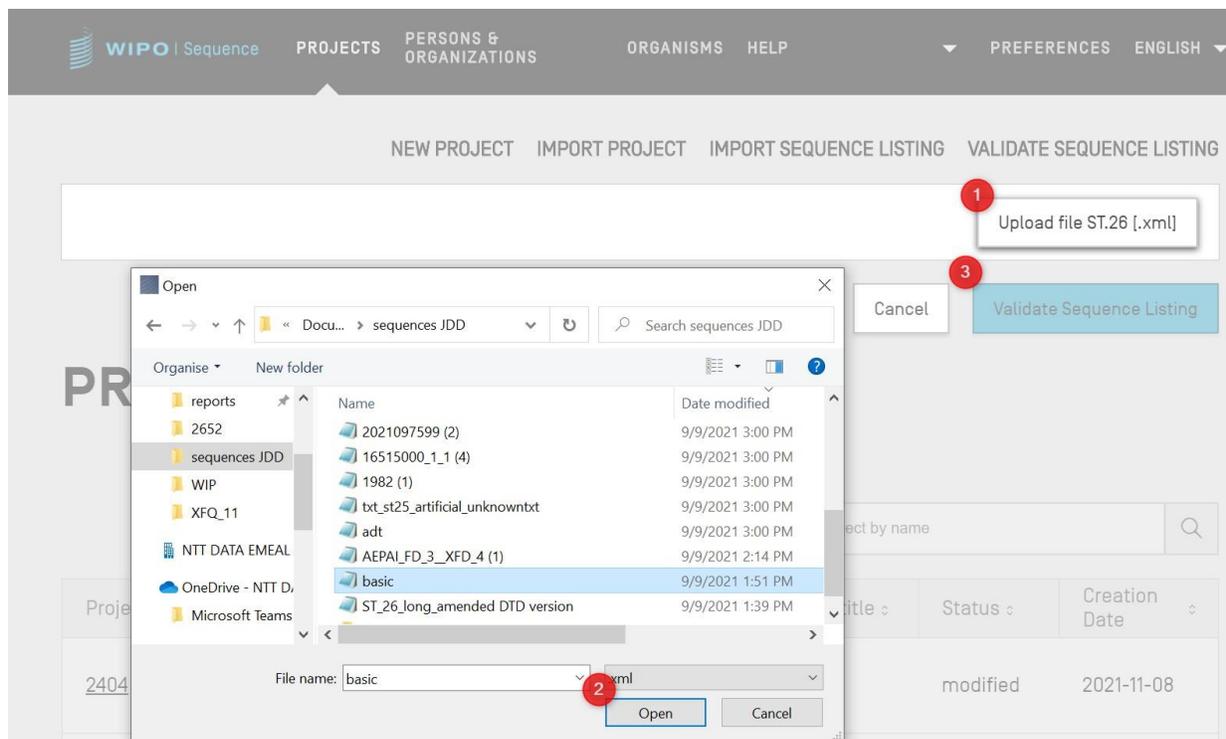


Figura 35: Validar lista de secuencias, cuadro de diálogo

Si la lista de secuencias pasa la validación, aparecerá sobre fondo azul un mensaje como el que se muestra en la Figura 36::



Figura 36: Mensaje que indica que la validación se ha completado correctamente

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

Figura 37: Validar listado de secuencias, informe de verificación

La ubicación del archivo HTML se mostrará junto con el informe de verificación en XML (1) y (2) lo que permite acceder a los archivos y copiarlos en una ubicación diferente si así se desea (Figura 37:).

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

Nota: Para validar una lista de secuencias, el archivo en formato ST.26 ha de cumplir los siguientes requisitos: Deberá estar codificado en formato UTF-8 y contener caracteres válidos de acuerdo con la especificación XML 1.0

Deberá contener una línea de DOCTYPE como la siguiente:

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

El atributo dtdVersion deberá ajustarse a la versión de la DTD:

Deberá ser compatible con el archivo ST26SequenceListing_V1_3.dtd⁴.

Eliminar proyectos

Para eliminar un proyecto, habrá que acceder a la vista de proyectos, mostrada en la Figura 38.

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

Figura 38: Borrar proyecto, vista inicial del proyecto

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

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-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	BLOCK AND CATIONIC POLYAMINO ACID BLOCK HAVING HYDROPHOBIC GROUP IN PART OF SIDE CHAINS, AND USE THEREOF	modified	2021-09-07

⁴ Esta es la versión actual de la DTD en el momento de la publicación de este documento.

Figura 39: Borrar proyecto, diálogo de confirmación

En la ventana emergente que aparece en la Figura 39:, haga clic en “Delete” para confirmar que desea eliminar el proyecto seleccionado.

Personas y organizaciones

En esta sección se describen las funciones que ofrece la vista de personas y organizaciones.

Crear persona u organización

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

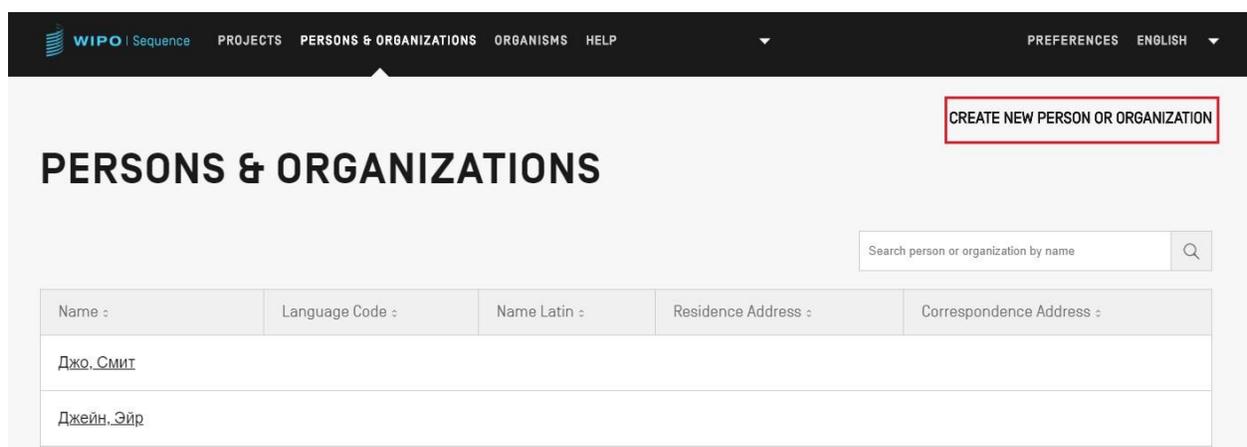


Figura 40: Crear nueva persona u organización Paso 1

En primer lugar, se deberá hacer clic en el enlace “CREATE NEW PERSON OR ORGANIZATION” en la parte superior de la vista, mostrado en la Figura 40:.

Name*	Residence Address
Language*	Correspondence Address
Name Latin	

Figura 41: Crear nueva persona u organización Paso 2

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

Si el nombre de la persona u organización no se escribe con caracteres latinos, deberá

introducirse su versión latinizada en el campo “Name Latin”. Si no se proporciona ese dato, el proyecto no se validará cuando se genere o valide la lista de secuencias en formato ST.26.

Organismos personalizados

Para crear, editar, importar, exportar o eliminar un organismo personalizado, habrá que acceder a la vista de organismos. A continuación se ofrece información detallada sobre cómo crear, exportar o importar organismos personalizados en la Figura 42:.

Crear organismos personalizados

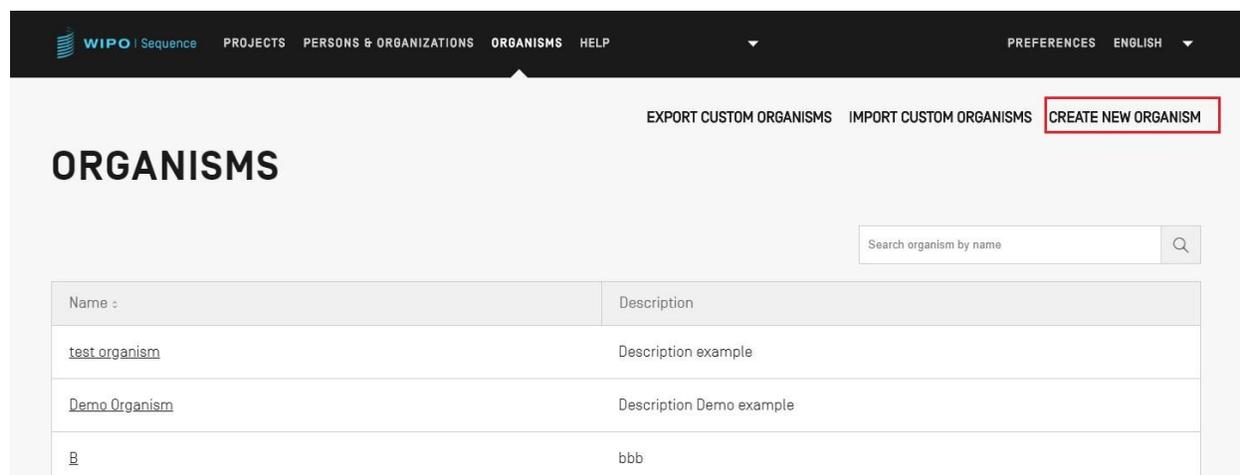


Figura 42: Crear un nuevo organismo Paso 1

Para introducir un nuevo organismo personalizado, hay que hacer clic en el enlace “CREATE NEW ORGANISM” situado en la parte superior de la vista, como se muestra en la Figura 42:.. En la siguiente ventana (Figura 38), se introducirá el nombre del nuevo organismo y se hará clic en “Save”. Si se precisa una descripción de dicho organismo personalizado, podrá añadirse opcionalmente (Figura 43:).

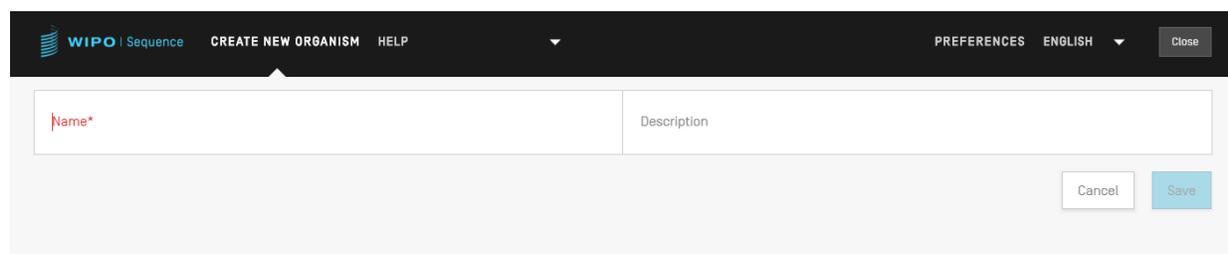


Figura 43: Crear un nuevo organismo Paso 2

Exportar organismos personalizados

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

exportar dicha lista, en primer lugar, hay que hacer clic en el enlace “EXPORT CUSTOM ORGANISMS”, que aparece marcado en la Figura 44::

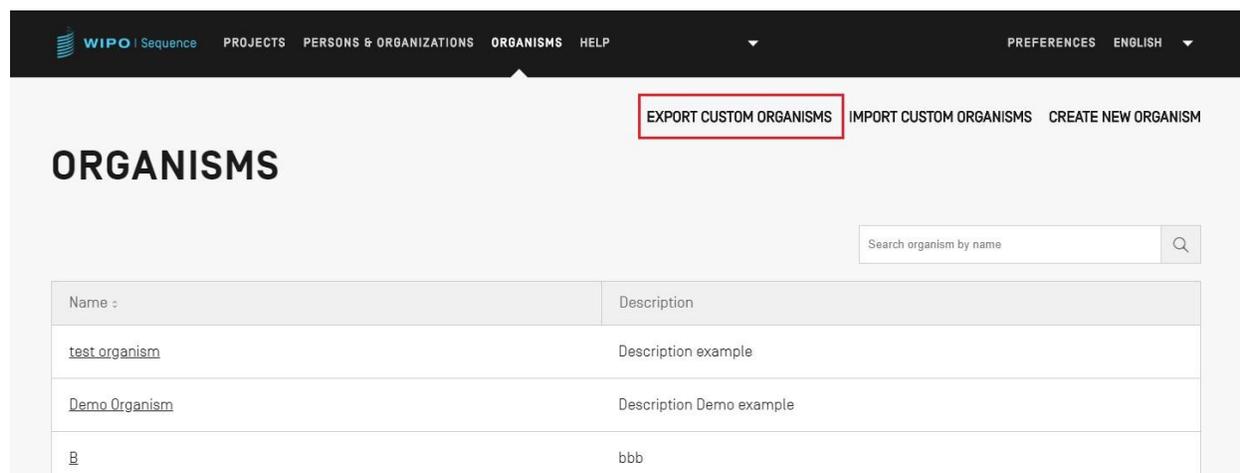


Figura 44: Exportar organismos personalizados Paso 1

A continuación, se abrirá un cuadro de diálogo en el que se podrá asignar un nombre al archivo y elegir su ubicación (véase la Figura 45:).

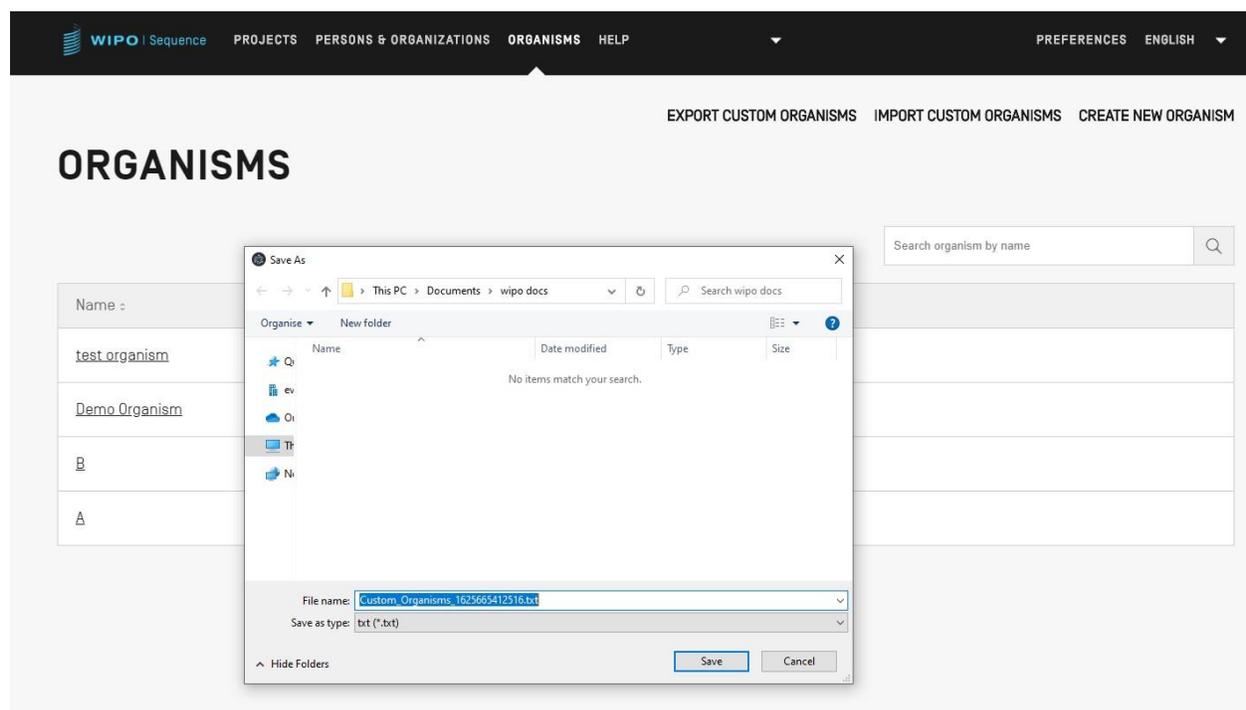
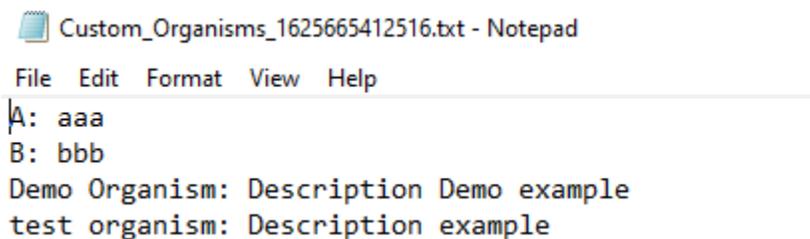


Figura 45: Exportar organismos personalizados, cuadro de diálogo

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

herramienta- véase la Figura 46.



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

Figura 46: Ejemplo de archivo de texto de organismos personalizados

Importar organismos personalizados

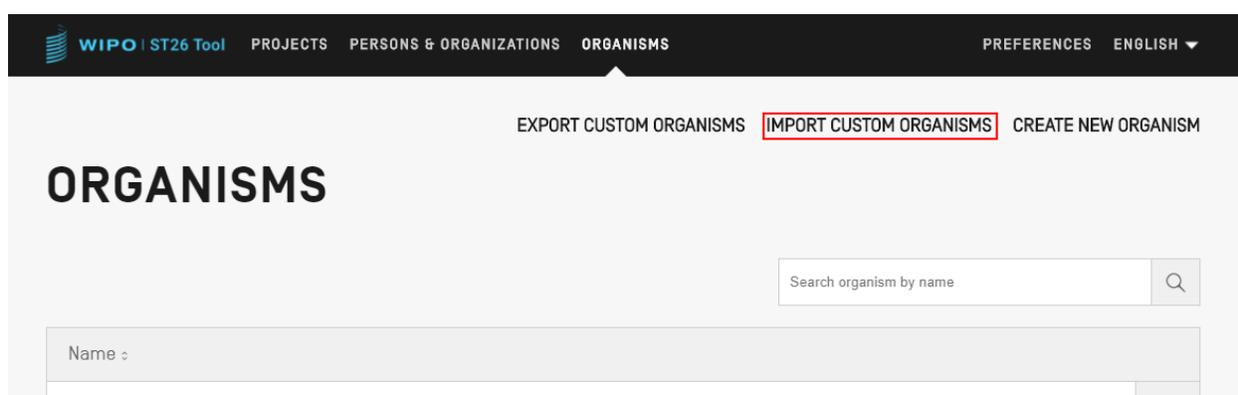


Figura 47: Importar organismos personalizados Paso 1

Para importar la lista de organismos personalizados, en primer lugar, se hará clic en el enlace “IMPORT CUSTOM ORGANISMS” situado en la parte superior de la vista de organismos, como se muestra en la Figura 47:. Aparecerá entonces una superposición debajo del cuadro de organismos, como se muestra en la Figura 43.

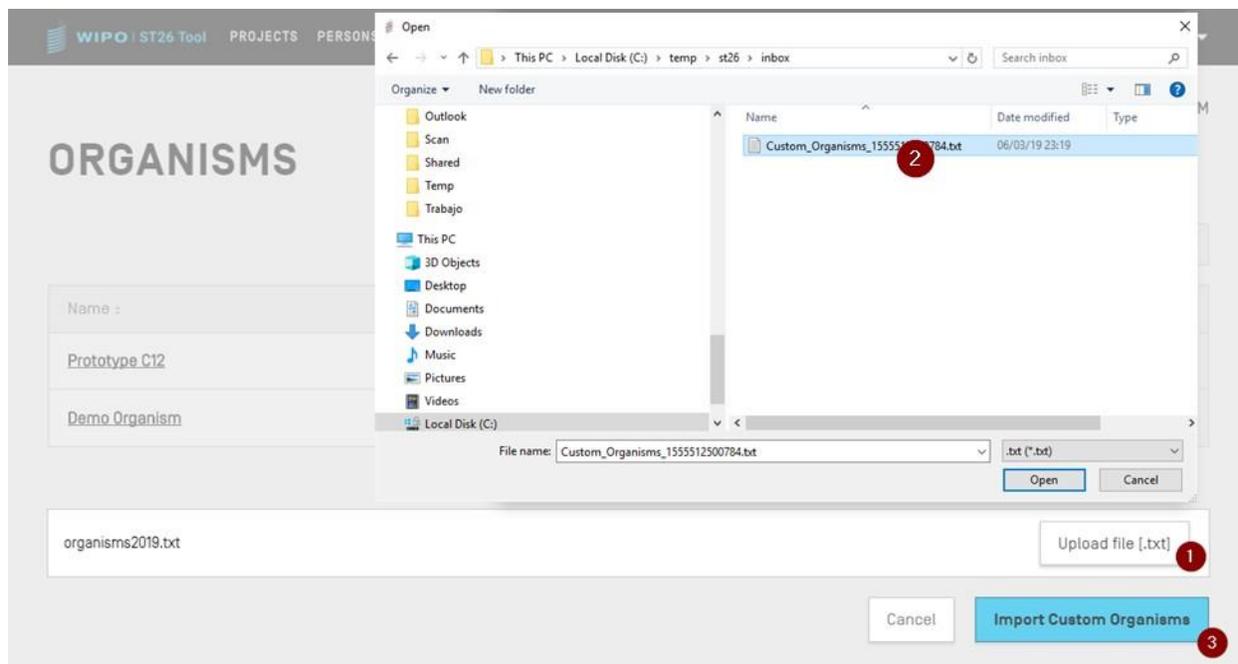


Figura 48: Importar organismos personalizados, cuadro de diálogo

- 1) Se deberá hacer clic en el botón “Upload file [.txt]” (1), mostrado en la Figura 48:
- 2) Se seleccionará en el cuadro de diálogo que se abre el archivo de los organismos personalizados (2).
- 3) Y, por último, se hará clic en el botón azul “Import Custom Organisms” (3).

Nota:

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

Preferencias del sistema

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

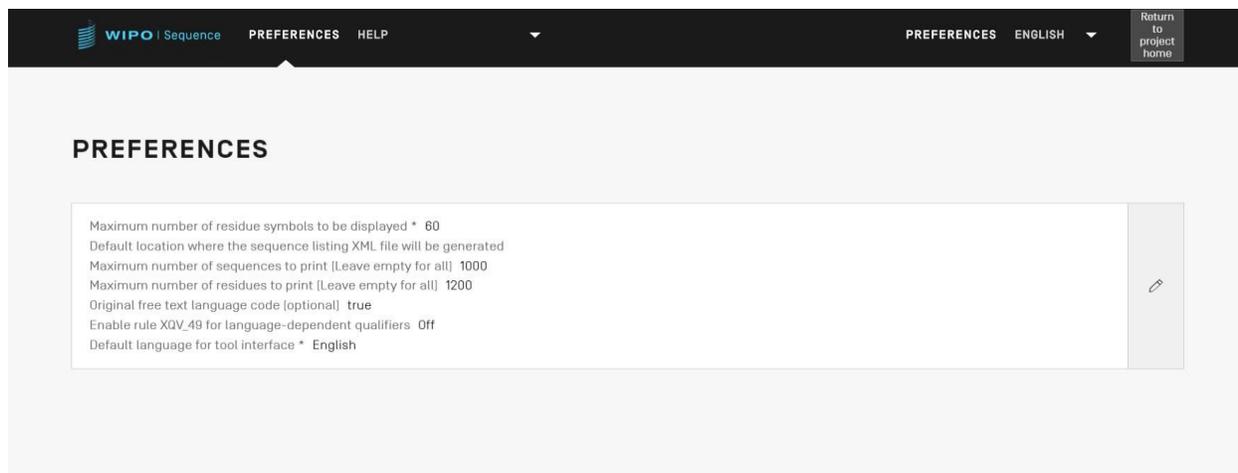


Figura 49: Resumen de las preferencias del sistema

Para modificar las preferencias del sistema, habrá que hacer clic en el icono del lápiz que aparece en la vista, lo que abrirá el panel de edición mostrado en la Figura 49:

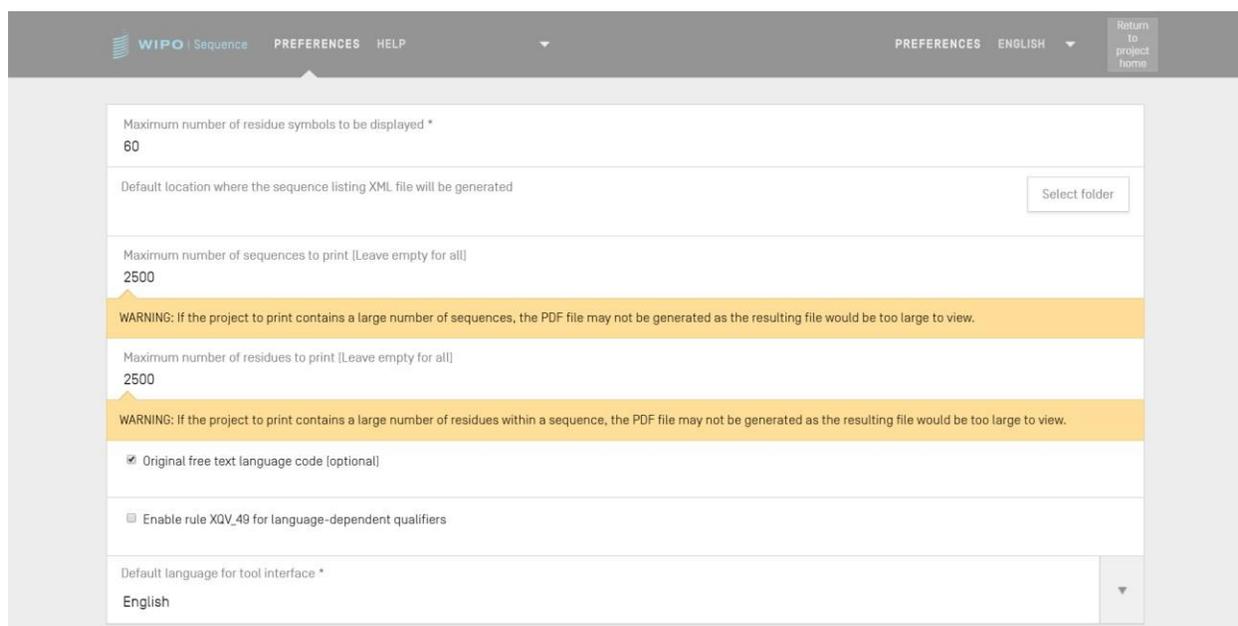


Figura 50: Configurar las preferencias del sistema

La lista de elementos de configuración que pueden modificarse desde esta vista (por orden) son:

- **Número máximo de símbolos de residuos que se mostrarán:** Este parámetro establece el número de residuos que se mostrarán por fila al visualizar una secuencia. El valor por defecto es de 60 residuos.
- **La ubicación predeterminada donde se generará el archivo XML de la lista de secuencias en formato ST.26:** No es necesario indicar esta ubicación.

- **Número máximo de secuencias a imprimir (dejar vacío para todas):** el valor por defecto es 1 000 secuencias.
- **Número máximo de residuos a imprimir (dejar vacío para todos):** el valor por defecto es de 1 200 residuos.
- **Código de idioma del texto libre original:** si se activa esta casilla, aparecerá una advertencia durante la validación si el código de idioma de texto libre original no se ha facilitado. Por defecto, esta opción está desactivada.
- **Enable XQV_49:** si esta casilla está marcada, se emitirá una advertencia si no hay ningún valor en inglés para un calificador de texto libre dependiente del idioma proporcionado. Por defecto, esta opción está desactivada.
- **Idioma de interfaz por defecto:** Se trata del idioma en que se mostrará la interfaz cuando se inicie WIPO Sequence. El idioma por defecto es el inglés.

Nota:

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

Datos del proyecto

En esta sección se describen las funciones que ofrece la vista detallada del proyecto.

Imprimir proyecto

Se puede imprimir un proyecto específico entrando en la correspondiente vista de datos de proyecto y haciendo clic en el botón “Print” situado en la parte superior de dicha vista (véase la Figura 51:).

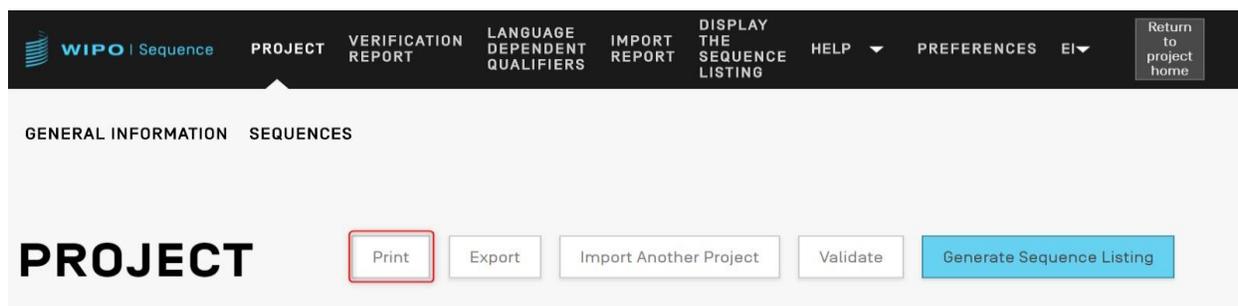


Figura 51: Importar proyecto Paso 1

A continuación, se mostrarán al usuario dos casillas de verificación para aclarar qué información desea imprimir del proyecto: Información general y/o información de secuencia (Figura 52:).

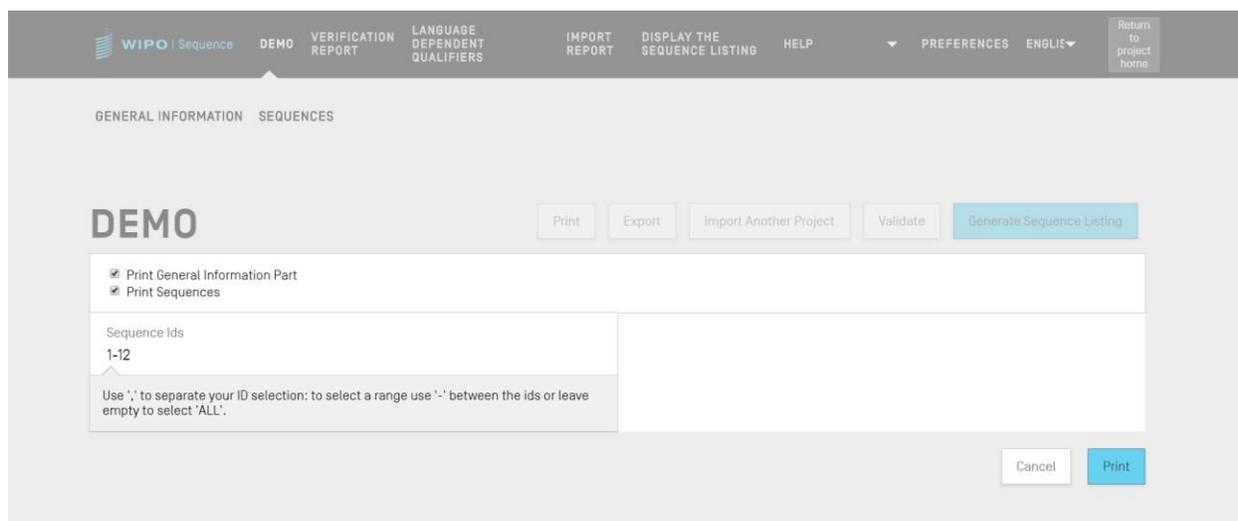


Figura 52: Imprimir proyecto Paso 2

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

Por defecto, el número total de secuencias del proyecto se mostrará como intervalo. Tras hacer clic en el botón azul “Print”, si el archivo PDF se genera correctamente, la herramienta lo abrirá en un lector de PDF en el que se podrá revisar.

Para saber cómo se puede descargar el archivo PDF, véase la Figura 9.

Exportar proyecto

Un proyecto puede exportarse a un archivo .zip para que el usuario haga una copia de seguridad de los datos del proyecto o, alternativamente, importarse con otro ordenador de sobremesa con WIPO Sequence instalado siguiendo los pasos descritos en la sección siguiente (Figura 53:).

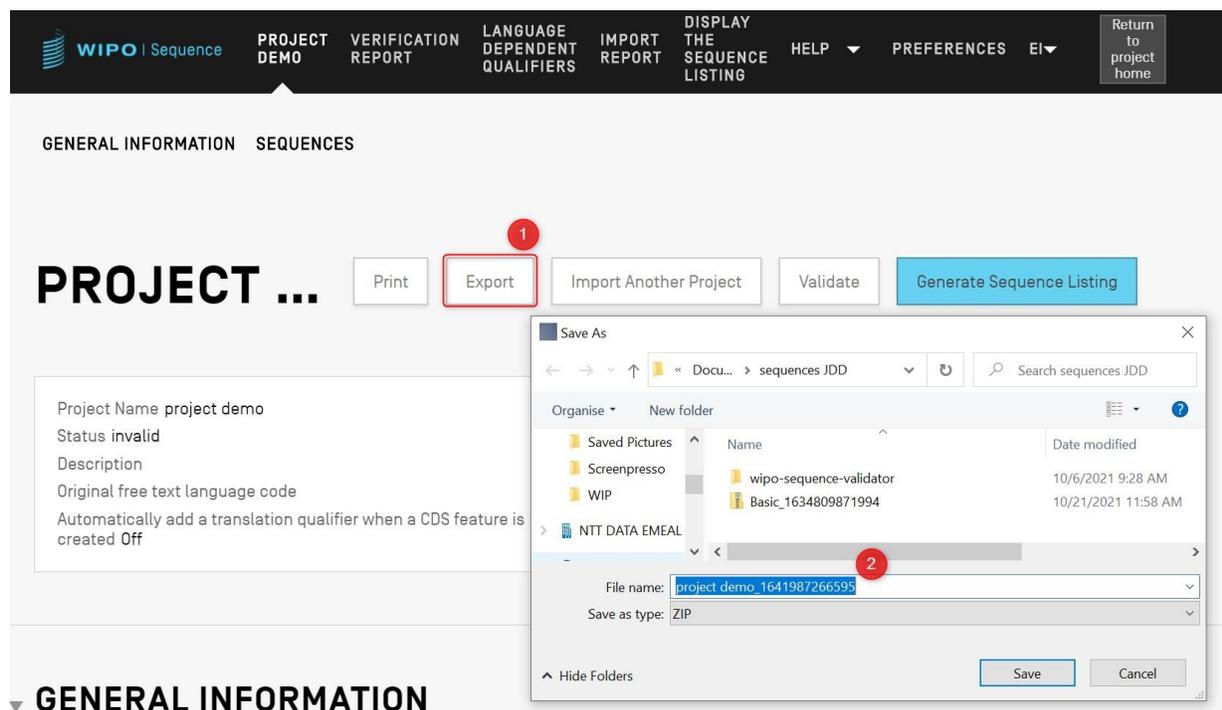


Figura 53: Exportar proyecto, cuadro de diálogo

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

Si el proyecto se exporta correctamente, en la parte superior de la vista aparecerá un mensaje sobre fondo azul que incluirá el nombre y la ubicación del proyecto, como se muestra en la Figura 54:.

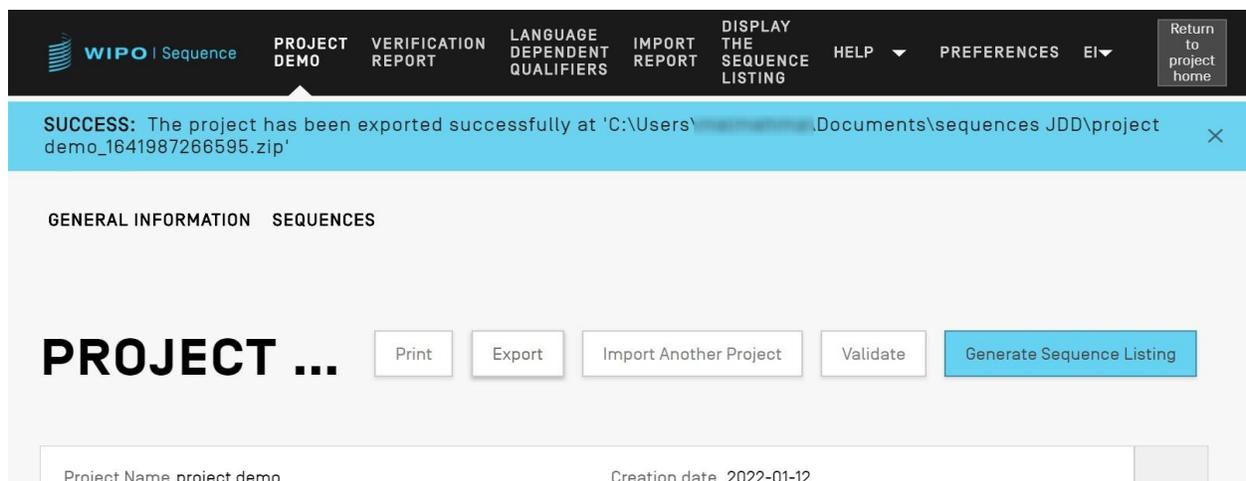


Figura 54: Exportación satisfactoria del proyecto

Importar información de otro proyecto

El usuario puede copiar en el proyecto abierto información de otros proyectos almacenados en la herramienta. Esta información importada puede corresponder a la sección “Información general”, a la sección “Secuencias” o a ambas.

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

En primer lugar, se deberá hacer clic en el botón “Import Another Project”, situado en la parte superior de la vista de datos de proyecto (véase la Figura 55:).

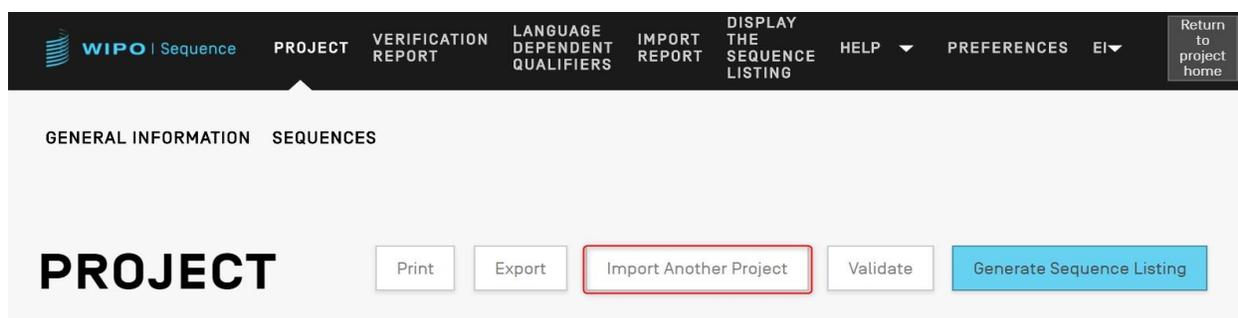


Figura 55: Importar otro proyecto Paso 1

Se abrirá una superposición, como se muestra en la Figura 56:.. Habrá que seleccionar primero el proyecto del que se desea importar información.

BASIC

Print Export Import Another Project Validate Generate Sequence Listing

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

Figura 56: Importar otro proyecto Paso 2

A continuación, como se muestra en la Figura 57:, se podrá marcar la casilla de verificación para incluir datos de la sección de información general (1) del proyecto y también para importar secuencias (2) proporcionando un intervalo de identificadores de secuencia (3) a fin de especificar las secuencias que se desean importar al proyecto en curso.

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

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

PROJECT DEMO

Print Export Import Another Project Validate Generate Sequence Listing

Project*
1941-AMBIGUOUS

1 Select the general information contents to be imported

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

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

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

Cancel Import Project

Figura 57: Importar otro proyecto Paso 3

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

Nota:

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

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

Figura 58: Importar otro proyecto Paso 4

Por último, una vez que se han seleccionado los datos de información general y las secuencias que se desea importar al proyecto, se deberá hacer clic en el botón azul “Import Project”, que se muestra en la parte inferior de la Figura 58:.

SUCCESS: The project has been imported successfully.

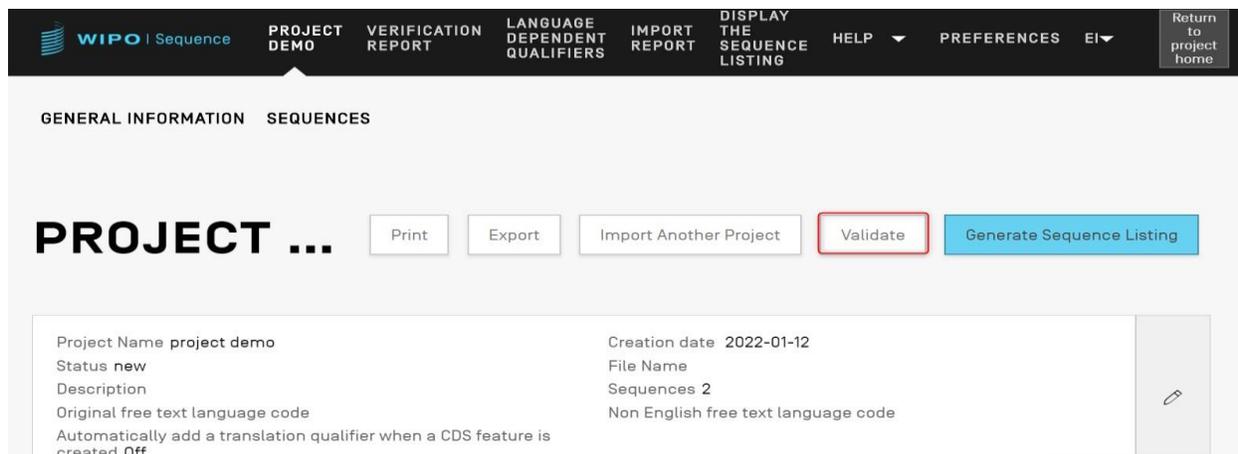
Figura 59: Importación satisfactoria de otro proyecto

Como se muestra en la Figura 59: (mensaje de importación de otro proyecto realizada correctamente) aparece un mensaje sobre fondo azul si los elementos se importan correctamente.

Validar proyecto

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

Para validar un proyecto, se deberá hacer clic en el botón “Validate” situado en la parte superior de la vista de datos de proyecto, y marcado en la Figura 60:.



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, there are two tabs: 'GENERAL INFORMATION' and 'SEQUENCES'. The main heading is 'PROJECT ...'. Below the heading are five buttons: 'Print', 'Export', 'Import Another Project', 'Validate' (highlighted with a red border), and 'Generate Sequence Listing'. Below the buttons is a table with project details:

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

Figura 60: Validación del proyecto Paso 1

Una vez finalizada la validación, aparecerá la vista de informe de verificación con los errores o advertencias de verificación que se hayan podido producir. En la Figura 61: se muestra el mensaje que aparecerá si el resultado de la validación es satisfactorio.



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, there is a blue success message: 'SUCCESS: The project has been successfully verified'. Below the success message is a blue box containing the text: 'Report successfully generated on 2022-01-12' and 'This project does not contain any errors or warnings.'

Figura 61: Validación satisfactoria del proyecto

Si durante el proceso de validación se producen errores o advertencias, se generará un informe de verificación que incluirá un cuadro con las normas y directrices de verificación que se han incumplido. En la Figura 62: se muestra un ejemplo de informe de verificación. En cada fila del cuadro se indica si se trata de un error, que deberá resolverse, o de una advertencia, que podrá ser ignorada.

The screenshot shows the top navigation bar of the WIPO Sequence application. The navigation items include: PROJECT DEMO, VERIFICATION REPORT (highlighted), LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS, IMPORT REPORT, DISPLAY THE SEQUENCE LISTING, HELP, PREFERENCES, and a 'Return to project home' button. Below the navigation bar, a red error message banner reads: 'ERROR: After project verification, some errors or warnings have been detected.' Below the banner, the report title is 'Report generated on 2022-01-12'. There are two buttons: 'Delete selected sequences' and 'Print Report'. A table displays the error details:

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

Figura 62: Validación de proyectos, errores/avisos

Generar listado de secuencias

La última acción que puede realizarse en un proyecto, y quizá la más importante, es generar el listado de secuencias. Para generar el listado de secuencias, debe hacer clic en el botón azul “Generate Sequence Listing”, situado en la parte superior de la vista detallada del proyecto, resaltado en la Figura 63:. Se activará automáticamente el proceso de validación que se ejecutará primero en el proyecto.

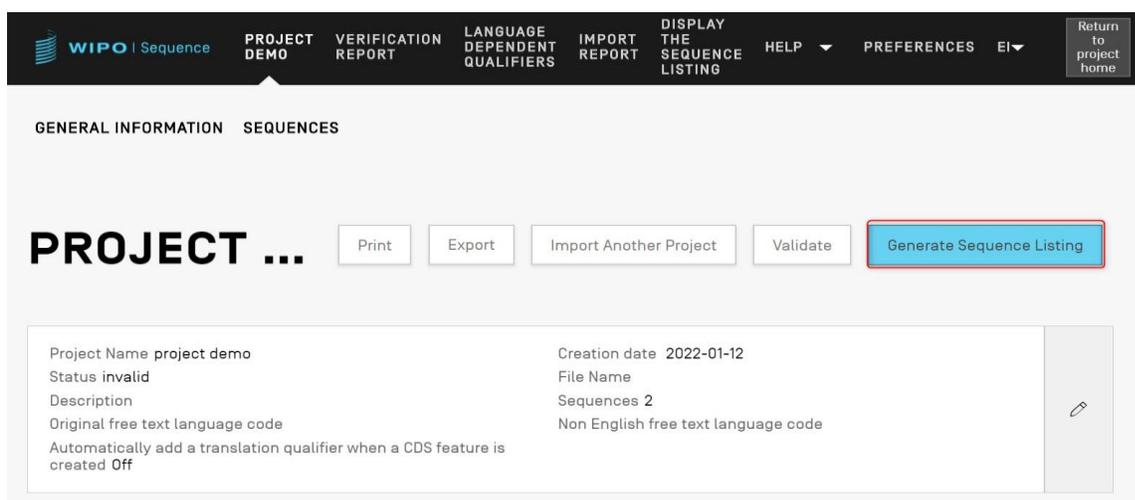


Figura 63: Generar una lista de secuencias

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

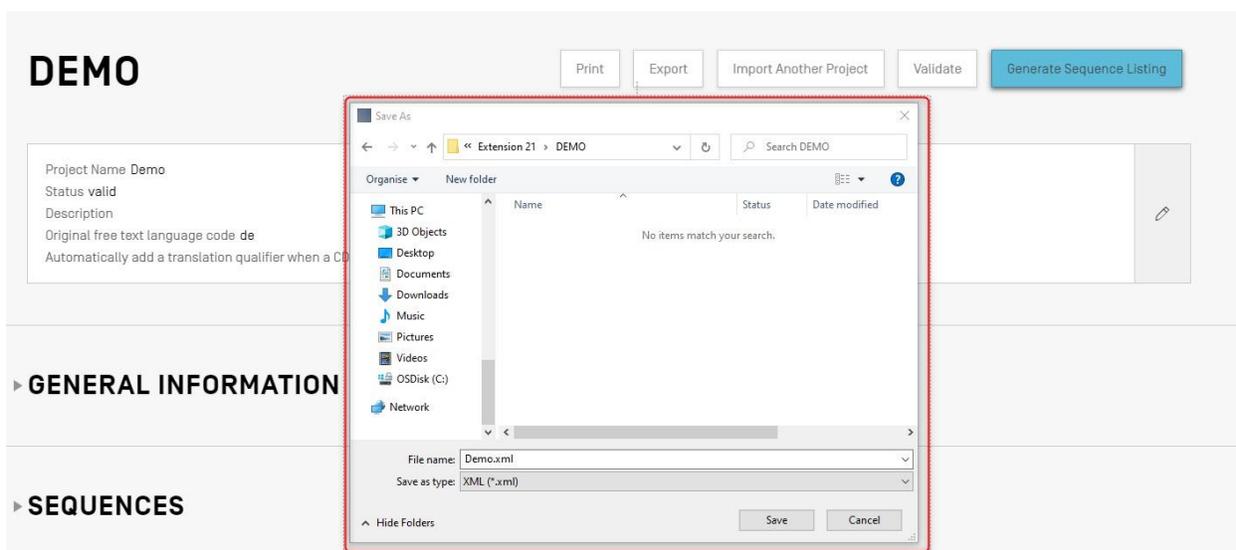


Figura 64: Generar listado de secuencias, cuadro de diálogo

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

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

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

Figura 65: Generar listado de secuencias, errores/avisos

Información general

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

Identificación de la solicitud

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

▼ **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	
--	---	---

Figura 66: Editar la identificación de la solicitud

Para editar la información dentro de la subsección Application Identification, haga clic en el icono del lápiz resaltado arriba, a la derecha de la subsección. A continuación, el usuario debe proporcionar información basándose en los siguientes pasos que se muestran en la Figura 67::

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

▼ **GENERAL INFORMATION**

APPLICATION IDENTIFICATION

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

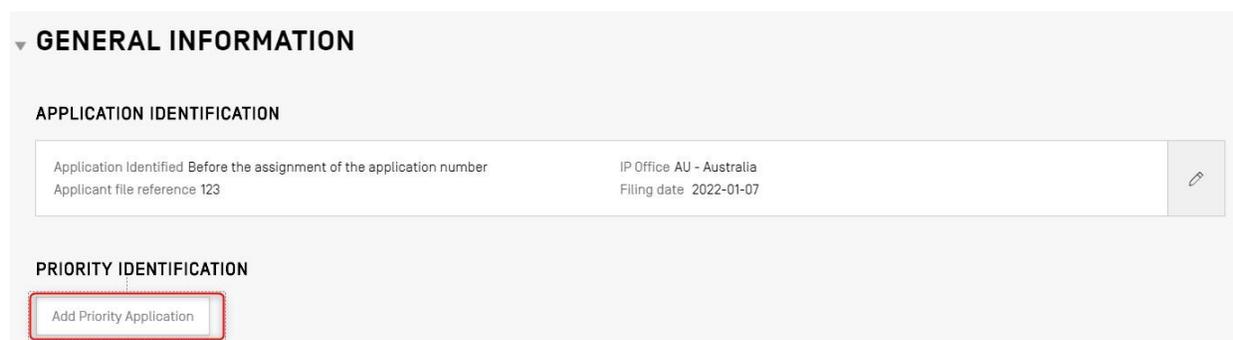
Cancel Save 6

Figura 67: Panel de edición de la identificación de la solicitud

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

Identificación de las solicitudes de prioridad

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



▼ **GENERAL INFORMATION**

APPLICATION IDENTIFICATION

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

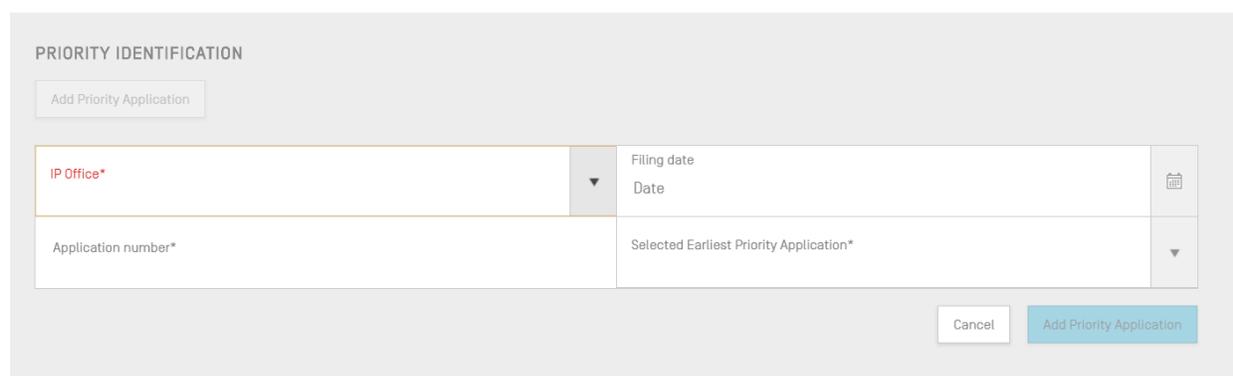
PRIORITY IDENTIFICATION

Add Priority Application

Figura 68: Editar/añadir solicitud de prioridad Paso 1

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

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



PRIORITY IDENTIFICATION

Add Priority Application

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

Cancel Add Priority Application

Figura 69: Panel de edición de solicitudes de prioridad

Solicitante e inventor

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

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

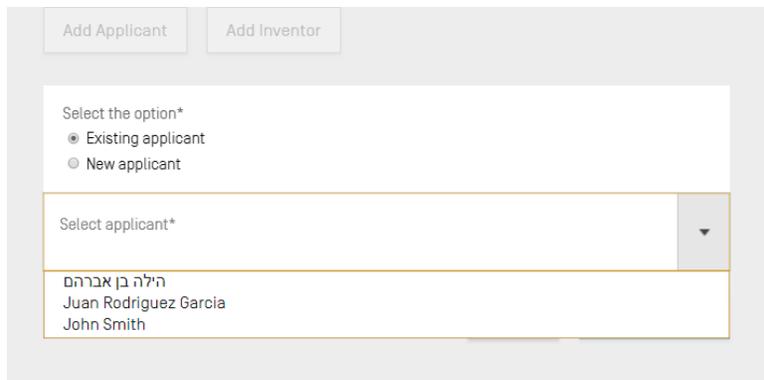


Figura 70: Añadir solicitante/inventor existente

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

Nota: solo se requiere un solicitante para que la lista de secuencias se considere válida. Por tanto, se debe marcar como primario un solicitante y/o inventor. Ese será el solicitante/inventor que aparecerá en la lista de secuencias generada.

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

Select the option*

Existing applicant

New applicant

Name*	Residence Address
Language*	Correspondence Address
Name Latin	Mark as primary <input type="checkbox"/>

Cancel Add Applicant

Figura 71: Añadir solicitante/inventor existente

Título de la invención

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

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

INVENTION TITLE

Add Invention title

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

Cancel Add Invention title

Figura 72: Panel de edición para añadir el título de la invención

- 8) En esta superposición, el usuario debe introducir el título de la invención e indicar también en qué idioma se proporciona el título.
- 9) Pulse el botón azul “Add Invention title”.

Nota: De acuerdo con la Norma ST.26 de la OMPI, es obligatorio que la lista de secuencias incluya el título de la invención en la lengua de presentación. Sin embargo, un proyecto también puede incluir opcionalmente más de un título de invención, en idiomas adicionales, pero solo un título de invención por idioma. Cada nuevo título de invención puede añadirse siguiendo los pasos anteriores.

Secuencias

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

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

Crear secuencia

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

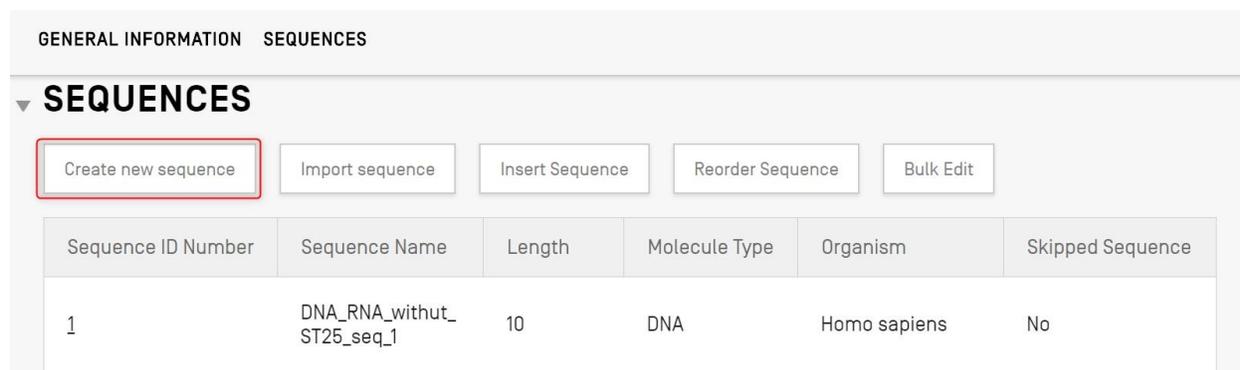


Figura 73: Crear nueva secuencia Paso 1

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

- 2) Existe la opción de asignar un nombre a la secuencia en el campo “Sequence name”, para que sea más fácil distinguirla. Si se deja en blanco, la herramienta de escritorio asignará un nombre por defecto a cada secuencia nueva, que comenzará con 'Seq' y continuará con un número asignado de forma consecutiva y en orden ascendente ('Seq_1', 'Seq_2', 'Seq_3') (1).

Se deberá seleccionar uno de los tres tipos de molécula permitidos según la Norma ST.26 y proporcionados en el menú desplegable ('ADN', 'ARN' y 'AA') (2). Habrá que introducir la secuencia en el campo de texto “Residues”⁵ (3). Y, si desea crear una secuencia con segmentos de ADN y ARN, se deberá seleccionar 'ADN' como tipo principal de molécula.

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

⁵ Véase la Norma ST.26 de la OMPI, Anexo I, Secciones 1 y 3, para consultar las tablas de símbolos válidos de nucleótidos y aminoácidos.

Además, se puede clasificar el organismo seleccionando un calificador del tipo de molécula⁶ entre los valores proporcionados en el menú desplegable (5), que varían en función del tipo de molécula previamente seleccionado.

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

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

The screenshot shows the 'Edit panel' for creating a new sequence. It is divided into several sections:

- Sequence Name:** A text input field with a red circle '1' next to it.
- Molecule Type*:** A dropdown menu currently showing 'DNA' with a red circle '2' next to it.
- Residues*:** A large text area containing a long sequence of nucleotide characters (A, T, C, G). A red circle '3' is placed at the end of the sequence.
- Organism name *:** A text input field containing 'Saaristoia firma' with a red circle '4' next to it.
- Qualifier Molecule Type:** A dropdown menu currently showing 'genomic DNA' with a red circle '5' next to it.
- Options:** Two checkboxes: 'Mark as an intentionally skipped sequence' (unchecked) and 'The sequence contains both DNA & RNA fragments' (checked) with a red circle '6' next to it.
- Feature Section:** A section titled 'A feature with the key 'misc_feature' is recommended for each of the DNA and RNA fragments'. It contains a table with columns for 'Molecule Type', 'Location', and 'Further Text'. The first row shows 'RNA' in the Molecule Type column, '7..13' in the Location column, and an empty 'Further Text' field. A red circle '7' is next to the 'Molecule Type' dropdown.
- Buttons:** At the bottom, there are four buttons: 'Cancel', 'Add new 'misc_feature' feature', 'Create sequence', and 'Create & Display Sequence' (highlighted in blue).

Figura 74: Panel de edición para crear una nueva secuencia

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

Si se hace clic en el botón azul “Create & Display sequence”, después de crearse la secuencia se mostrará, debajo de la sección “Sequences” de la vista de datos de

⁶ Véase la Norma ST.26 de la OMPI, Anexo I, Secciones 6 y 8, para consultar los valores del calificador “mol_type” o “MOL_TYPE” en las tablas de nucleótidos y aminoácidos, respectivamente.

proyecto, una subsección cuyo contenido puede ocultarse en la que se podrán revisar los valores de la secuencia creada.

La secuencia recién creada aparecerá en la última posición de la lista de secuencias, y se le asignará el siguiente número de identificador de secuencia disponible. Un nuevo ejemplo de secuencia creada se muestra en la Figura 75:.

Para más detalles sobre cómo reordenar la lista de secuencias, consulte la Figura 85: y la Figura 86:.

SEQUENCE 2

Sequence Number [ID] 2	Molecule Type DNA
Sequence Name Name/Description for sequence	Organism Saaristoia 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 = Saaristoia firma

SEQUENCE

```

atctacttca ttgaacttac ttcattgaat ctacttcatt gaatctact cattgaatct acttcattga atctacttca
ttgaacttac ttcattgaat ctacttcatt gaatctact cattgaatct acttcattga atctacttca ttgaacttac
ttcattgaat ctacttcatt gaatctact cattgaatct acttcattga atctacttca ttgaacttac ttcattgaat
ctacttcatt gaatctact cattgaatct acttcattga atctacttca ttgaacttac ttcattgaat ctacttcatt
gaatctact cattgaatct acttcattga atctacttca ttgaacttac ttcattgaat ctacttcatt gaatctact

```

Figura 75: Nueva secuencia guardada en el proyecto

Importar secuencias

Las secuencias también pueden ser importadas al proyecto desde un archivo. Los formatos de archivo aceptados⁷ son **el formato RAW**, **el formato de varias secuencias**, **el formato FASTA**, **el formato ST.26** y **el formato ST.25**. Si se selecciona, WIPO Sequence detectará automáticamente el formato utilizado en el archivo.

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

⁷ Consulte la sección sobre formatos de archivo en este documento.

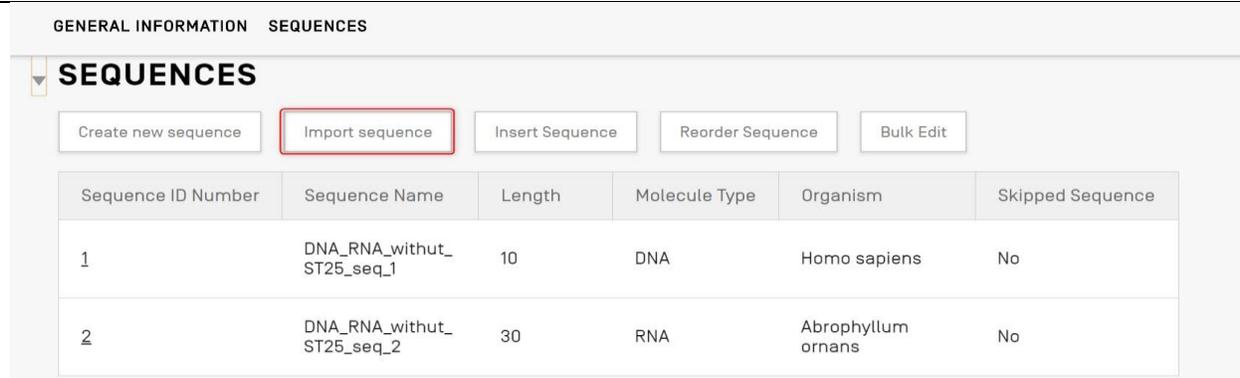


Figura 76: Importar secuencia Paso 1

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

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

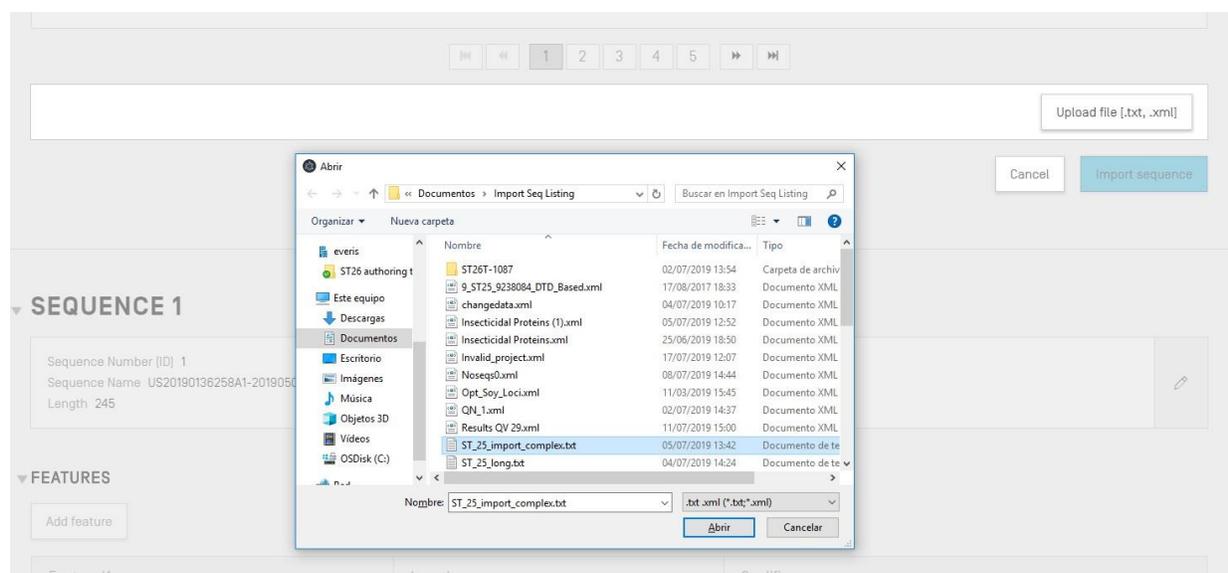


Figura 77: Importar secuencia, cuadro de diálogo

Hay cinco formatos aceptados por la herramienta para la importación de secuencias: formato RAW, formato de varias secuencias, formato FASTA, formato ST.26 y formato ST.25. El formato de estos archivos se describe en la última sección de este documento.

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

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

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

Por ejemplo: “1, 3, 7, 13-20, 30-50”.

The screenshot shows a web interface for importing sequences. At the top, there is a file path 'C:\...Downloads\valid1.xml' and an 'Upload file (.txt, .xml, .FASTA)' button. Below this is a section with a red circle '1' and a checked checkbox 'Enter the sequences to be imported'. A table with a red border and a red circle '2' contains the following data:

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

Below the table are navigation buttons: a double left arrow, a single left arrow, a box containing '1', a single right arrow, and a double right arrow. Below the table is a section with a red circle '3' and the text 'Select Range of Sequence IDs.' followed by '1-3'. A tooltip below this text reads: 'Use commas to separate individual sequences [for example: "2,5,8"]; use a dash to indicate a range of sequences [for example: "2-8"]'. At the bottom right, there are 'Cancel' and 'Import sequence' buttons.

Figura 78: Importar secuencia, formato ST.25/ST.26

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

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

C:\Users\...Downloads\multisequence_u.t.txt Upload file [.txt, .xml, .FASTA]

Enter the sequences to be imported

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

Select Range of Sequence IDs.
1-4

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

Cancel Import sequence

Figura 79: Importar secuencia, formato multisequencia

Los dos últimos formatos aceptados por el proceso de importación de secuencias son los formatos de archivo RAW y FASTA (véase la sección sobre formatos de archivo). Con estos formatos solo se puede definir una única secuencia por archivo. Cuando se seleccione un archivo RAW para su importación, la herramienta abrirá el panel de edición que se muestra en la Figura 80:, y cuando se importe un archivo FASTA se mostrará el panel de edición de la Figura 81:.. Se deberá proceder a rellenar los campos obligatorios.

C:\Users\...\\3Araw.txt Upload file [.txt, .xml, .FASTA]

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

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

Cancel Import sequence

Figura 80: Importar secuencia, formato RAW

C:\Users\... \FASTA\IDNAsequence.fasta

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

Navigation: [Home] [Previous] [1] [Next] [End]

Sequence Number [ID]: 1 Sequence Name: _____

Molecule Type*

Please select the sequence molecule type for the sequence that you would like to import.

Organism name* _____ Qualifier Molecule Type*

Check to save description as a note.

Figura 81: Importar secuencia, formato FASTA

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

Tras la importación, aparecerá la vista “Import Report”, que se muestra en la Figura 127:.

Insertar secuencia

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

SEQUENCES

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism	Skipped Sequence
1	QV_31K_Test_File_seq_2	20	AA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
2	QV_31K_Test_File_seq_3	90	DNA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
3	QV_31K_Test_File_seq_4	20	AA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
4	QV_31K_Test_File_seq_5	90	DNA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
5	QV_31K_Test_File_seq_6	20	AA	Saccharomyces cerevisiae	Yes

Figura 82: Insertar secuencia Paso 1

Aparecerá una superposición con un panel de edición (véase la Figura 83:). Se deberá introducir toda la información requerida cuando se crea una secuencia (véase la Figura 73:) así como, en la parte superior izquierda del panel, la posición en la que se desea que aparezca la secuencia en la lista de secuencias (véase el campo marcado en la Figura 83:).

Figura 83: Panel de edición para insertar secuencias

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

SEQUENCES

Create new sequence Import sequence Insert Sequence Reorder Sequence Bulk Edit

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

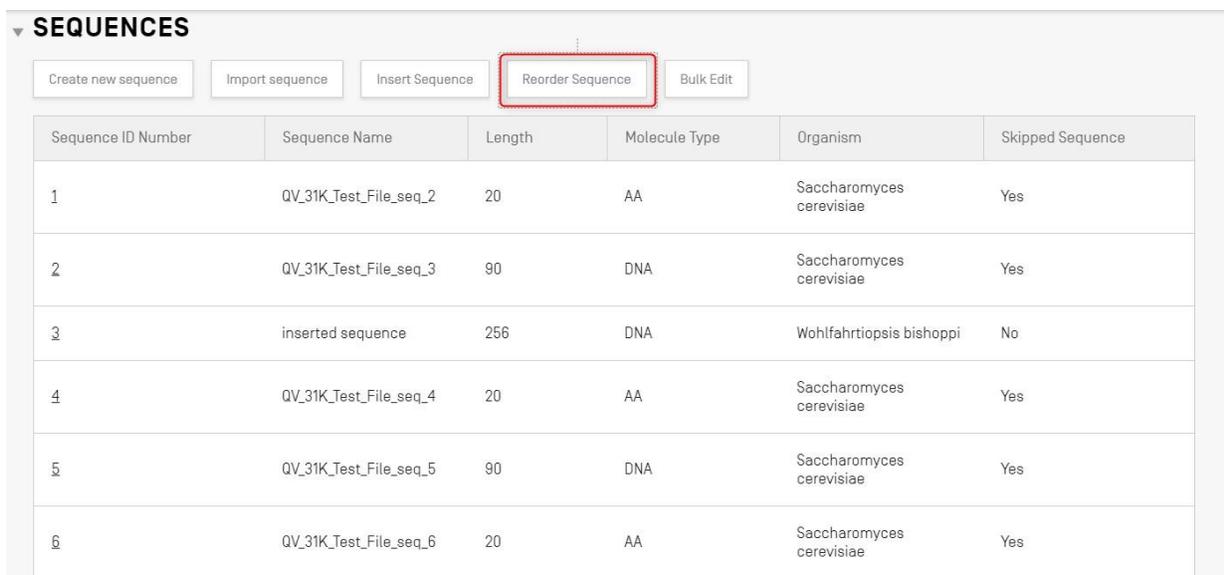
Figura 84: Secuencia insertada en la posición especificada

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

Reordenar las secuencias

El usuario puede reorganizar en qué orden deben aparecer las secuencias dentro de la lista de secuencias proporcionada en un proyecto siguiendo los siguientes pasos. La transformación del orden de las secuencias se muestra de la Figura 85 (inicio) a la Figura 87 (resultado).

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

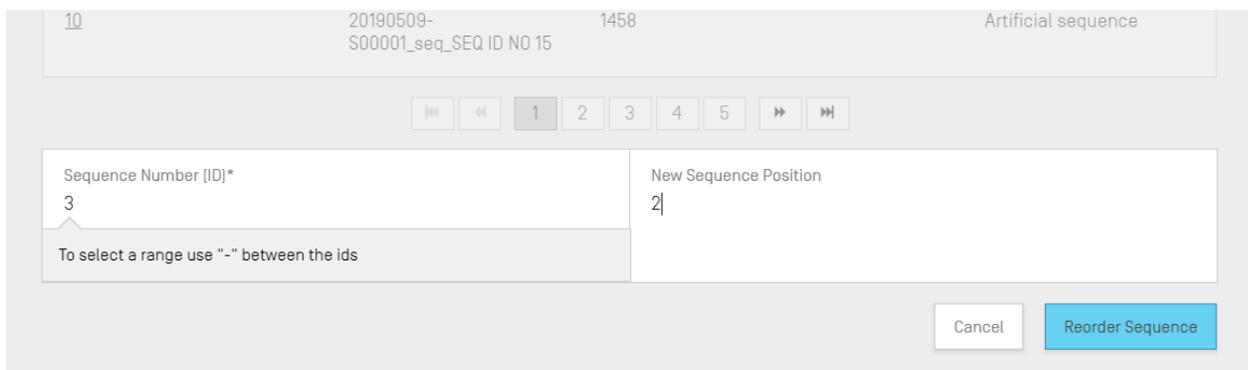


The screenshot shows a web interface for managing sequences. At the top, there is a header 'SEQUENCES' with a dropdown arrow. Below the header are five buttons: 'Create new sequence', 'Import sequence', 'Insert Sequence', 'Reorder Sequence' (highlighted with a red box), and 'Bulk Edit'. Below the buttons is a table with the following data:

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

Figura 85: Reordenar las secuencias

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



The screenshot shows a dialog box for reordering a sequence. At the top, it displays '10', '20190509-S00001_seq_SEQ ID NO 15', '1458', and 'Artificial sequence'. Below this is a navigation bar with buttons for first, previous, next, last, and a set of buttons for positions 1, 2, 3, 4, 5. The '1' button is selected. Below the navigation bar are two input fields: 'Sequence Number [ID]*' with the value '3' and 'New Sequence Position' with the value '2'. A note below the first field says 'To select a range use "-" between the ids'. At the bottom right are 'Cancel' and 'Reorder Sequence' buttons.

Figura 86: Panel de edición para reordenar secuencias

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

SEQUENCES

Create new sequence Import sequence Insert Sequence Reorder Sequence Bulk Edit

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

Figura 87: Secuencia/s reordenada/s

Edición masiva

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

- 1) Haga clic en “Bulk edit”, como se muestra en la Figura 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

Figura 88: Edición masiva Paso 1

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

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*

Figura 89: Edición masiva Paso 2

Como se muestra en la Figura 89;, el sistema informa al usuario de que SOLO en las secuencias de ácidos nucleicos se puede editar el valor del calificador 'mol_type' (porque el mismo valor para las secuencias de aminoácidos lo establece automáticamente el sistema en 'protein').

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

Type of bulk edit*
Qualifier molecule type

Select 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*
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"].

Qualifier Molecule Type*
unassigned DNA

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

Figura 90: Edición masiva, calificador mol_type identificado

Como se muestra en la Figura 90, el sistema también advierte de que el calificador "mol_type" para las secuencias en las que el organismo = "synthetic sequence" deben ser "other DNA" u "other RNA", y de que, si se cambian esos valores, se

generará un error durante la validación del proyecto.

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

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

Figura 91: Edición masiva, calificador mol_type actualizado

Cuando el tipo de edición masiva es sobre el organismo:

- 1) Elegir "Type of bulk edit" como 'Organism' (1) como se muestra en la Figura 92:. Se debe introducir el intervalo de identificadores de secuencia que se debe editar (2). A continuación, si se ha escogido modificar el valor de "organism" por "synthetic construct", el sistema notificará que el calificador de tipo de molécula cambiará automáticamente a "other DNA" u "other RNA", conforme al tipo de molécula (3).

The screenshot shows the 'Type of bulk edit' dropdown set to 'Organism' (1). The 'Select Range of Sequence IDs*' field contains '1-3' (2). The 'Organism name*' field is set to 'synthetic construct' (3). A yellow warning banner states: 'The qualifier 'mol_type' value will be automatically changed to 'other DNA' or 'other RNA''. Below this is a table of sequences:

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

At the bottom, there are navigation buttons and a page indicator showing '1'.

Figura 92: Edición masiva, organismo Paso 1

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

- 1) "Type of bulk edit" como 'Features' (Figura 93:) (1). A continuación, el usuario debe especificar si desea editar las características existentes o añadir otras nuevas (2). El usuario debe introducir el tipo de molécula (3) y el rango de identificadores de secuencia que desea editar (4). En el caso de que el usuario seleccione "Edit feature" (2), si el usuario ha elegido modificar el valor de la ubicación de la

característica (6) por “complement(join(1..30,61..90))”, la herramienta actualizará todas las características CDS (5) existentes para SEQ ID 5 y 8 al valor proporcionado.

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

Figura 93: Edición masiva, característica Paso 1

2) En el caso de que el usuario seleccione el tipo de edición de característica masiva “Add feature” (Figura 94): se añadirá una nueva característica “CHAIN” (4) con ubicación de característica “1..13” (5) a cada uno de los identificadores SEQ ID 1,2,7 (3) seleccionados.

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

Figura 94: Funciones de edición masiva: añadir característica

3) En el caso de que el usuario seleccione el tipo de edición masiva “Bulk Skip” (Figura 95):. El

rango de secuencias a omitir se identifica como un rango de identificadores SEQ (1).

The screenshot shows a web interface for bulk editing sequences. At the top, there are navigation buttons (back, forward, home) and a page indicator '1'. Below this, there are two main input areas. The first is a dropdown menu labeled 'Type of bulk edit*' with 'Bulk skip' selected. Below the dropdown is a text box with the instruction 'Select the type of bulk edit to continue'. The second input area is a text box labeled 'Select Range of Sequence IDs*' with a red '1' next to it. Below this text box is a detailed instruction: 'Use commas to separate individual sequences (for example: "2,5,8"); use a dash to indicate a range of sequences (for example: "2-8")'. At the bottom right, there are two buttons: 'Cancel' and 'Edit sequences'.

Figura 95: Funciones de edición masiva: salto masivo

Editar secuencias

Para editar una secuencia, se deberá hacer clic en su identificador, como se indica en la Figura 96: (identificador de secuencia '1').

Nota:

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

SEQUENCES

Create new sequence Import sequence Insert Sequence Reorder Sequence Bulk Edit

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism	Skipped Sequence
<u>1</u>	DNA_RNA_without_ST25_seq_2	30	RNA	Abrophyllum ornans	No
<u>2</u>	DNA_RNA_without_ST25_seq_1	10	DNA	Homo sapiens	No

Figura 96: Editar secuencia

Se abrirá una subsección en la vista de datos de proyecto debajo de la sección "Sequences", como se muestra en la Figura 97:.

Esta sección de secuencias está compuesta por el panel de edición de información básica resaltado y mostrado en primer lugar, el cuadro de lista de características mostrado en segundo lugar y el panel de edición de residuos de secuencias mostrado al final.

The screenshot shows the 'SEQUENCE 1' section of the editor. It includes a form with the following fields:

- Sequence Number (ID): 1
- Sequence Name: ST25_221_BINDING_edited_seq_1
- Length: 10
- Molecule Type: AA
- Organism: synthetic construct

Below this is the 'FEATURES' section, which contains a table with the following data:

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

At the bottom is the 'SEQUENCE' section, which displays the sequence 'ACXERIRKQXCC' with a length of 10. Navigation controls are visible at the bottom right of the sequence display.

Figura 97: Editar secuencia, panel de edición

Características

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

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

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

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

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

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

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

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

▼ SEQUENCE

gatagtatgt atatatagta gtagtagat gatagatga t 41

Figura 98: Añadir una característica a una secuencia

A continuación, en la superposición que aparece (mostrada en la Figura 99:) hay que seleccionar una clave de caracterización⁸ del menú desplegable y especificar la localización de la característica dentro de la secuencia.

⁸ Véase la Norma ST.26 de la OMPI, Anexo I, secciones 5 y 7, para consultar las tablas de claves de caracterización para secuencias de nucleótidos y aminoácidos.

▼ FEATURES

Add feature

Feature Key	Location	Qualifiers
source	1..23	molType = 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

Figura 99: Añadir superposición de características

También se pueden añadir calificadores a la función en esta fase, pero se tratarán en la siguiente sección.

Feature 1

Feature Key*	Feature Location*
CDS	1..13

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

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

Figura 100: Enlace emergente de explicación detallada de la ubicación de la característica

Se ha añadido un enlace para contar con una explicación detallada del formato de la localización de la característica. El formato se encuentra al final de la oración 'click here'. El enlace se ha subrayado, como en la Figura 100: para que sea más fácil identificarlo.

Para terminar, haga clic en el botón azul "Create Feature", que se muestra en la Figura 99:.

Características CDS

El tipo de característica CDS se utiliza para describir la secuencia de codificación de una proteína⁹. Una característica CDS puede incluir de manera opcional la traducción en aminoácido

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

del segmento de la secuencia a la que pertenece, y, si se satisface el requisito relativo a la longitud mínima, aparecerá como secuencia independiente dentro del proyecto. Dentro de la característica CDS de la secuencia original, hay una referencia al identificador de la secuencia traducida del aminoácido y provista en el calificador “protein_id”.

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

Nota:

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

Creación automática de características CDS

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

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

The screenshot shows a web interface for creating a qualifier. At the top, there is a section titled 'QUALIFIERS' with a dropdown arrow and a button labeled 'Add qualifier'. Below this, there is a form with two columns. The left column has a 'Qualifier Name *' field with the value 'translation' and a 'Sequence Name' field. The right column has a 'Select Genetic Code' dropdown menu with the value '1 - Standard Code' and a 'Qualifier Value' field. Below the 'Qualifier Value' field, there is a note: 'Automatic Translation is ON. Leave this field blank to automatically generate the translation qualifier value, protein_id qualifier, and associated amino acid sequence.' At the bottom right of the form, there are two buttons: 'Cancel' and 'Create Qualifier'.

Figura 101: Crear calificador de traducción

- 3) Cuando se termine de editar la característica y sus calificadores asociados, se deberá

hacer clic en el botón “Create Feature” para guardarla. En la Figura 102: se muestra una característica CDS creada.

▼ FEATURES

Add feature

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

« 1 »

Figura 102: Nueva característica CDS en el cuadro de características

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

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

En la Figura 103: se muestra un ejemplo del resultado de este proceso.

▼ SEQUENCE 3

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

▼ FEATURES

Add feature

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

« 1 »

Figura 103: Característica CDS, secuencia de aminoácidos generada

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

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

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

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

Figura 104: Casilla de verificación de generación automática del calificador de traducción: quitar la marca para desactivarla

Consejo sobre el uso de características CDS al incluir un calificador "pseudo" o "pseudogene":

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

Si la traducción automática no está desactivada (si la casilla de verificación identificada en la Figura 105: está marcada), cuando se añada un calificador "pseudo" o "pseudogene" a una característica CDS, en el momento de la actualización de dicha característica, el calificador "translation" se incluirá automáticamente. Para corregir este error, desactive la traducción automática para el proyecto y después abra la característica CDS y elimine los calificadores "translation" y "protein_id", y a continuación actualice la característica.

The screenshot shows the top navigation bar of the WIPO Sequence application with various menu items like PROJECT DEMO, VERIFICATION REPORT, LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS, IMPORT REPORT, DISPLAY THE SEQUENCE LISTING, HELP, and PREFERENCES. Below the navigation bar, there are tabs for GENERAL INFORMATION and SEQUENCES. The main content area displays 'PROJECT ...' with buttons for Print, Export, Import Another Project, Validate, and Generate Sequence Listing. A table of project details is shown, including Project Name (project demo), Status (modified), Description, Original free text language code, Creation date (2022-01-12), File Name, Sequences (2), and Non English free text language code. A red box highlights the 'translation' setting, which is set to 'On'.

Figura 105: Generación automática del calificador de traducción: ON

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

La traducción se realizará de nuevo, solo si la localización de la característica o uno de los calificadores “transl_table”, “transl_except”, o “codon_start” cambia su valor, en cuyo caso se actualizará la secuencia vinculada.

Nota:

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

Consejos sobre el uso del codón de terminación:

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

Si se encuentra un codón de terminación en medio de una característica CDS (resaltado en amarillo más abajo) y no hay un calificador “transl_except” que indique que dicho codón debe ser traducido en un aminoácido en particular, como se muestra en la Figura 106:, la herramienta debería detener la traducción en ese punto y mostrar un mensaje sobre fondo rojo en el que se notifique que no se

generará ninguna traducción.

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

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

▼ SEQUENCE

```
atg taa atca acccagtagt actacaatca tgatcaatcc agtagtacta caatcatgat caaccagta gtactacaat catgatcaac ccagtagtac tacaatcatg atcaaccag tagt
```

Figura 106: Generación automática de calificador de traducción ON y secuencia con codón de detención inadecuado

Asimismo, debería aparecer un error en el informe de validación para advertir de que hay un problema con la secuencia codificadora, como se muestra en la Figura 107:.

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

Report generated on 2022-02-12

Severity	Data Element	Message Text	Detected Value	Detected Sequence
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

Figura 107: Error de característica CDS por codón de detención interno incorrecto

Calificadores

Para ver los calificadores de una característica, se deberá seleccionar la característica correspondiente en el cuadro de características de la secuencia en cuestión. En el ejemplo mostrado en la Figura 108 se ha marcado el icono del lápiz para la característica “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, Sequence Name ST25_221_BINDING_edited_seq_2, Length 237, Molecule Type DNA, and Organism Caballerocotyla biparasitica. The 'FEATURES' section includes an 'Add feature' button and a table with columns for Feature Key, Location, and Qualifiers. The table contains two rows: 'CDS' at location 1..13 with qualifiers 'protein_id = 3' and 'translation = MYIN'; and 'source' at location 1..237 with qualifiers 'mol_type' and 'organism = Caballerocotyla biparasitica'. A red box highlights the pencil icon for editing the 'source' feature. A navigation bar with a '1' button is at the bottom.

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

Figura 108: Añadir/editar calificador Paso 1

Al hacer clic en el icono de lápiz indicado en la Figura 108 se abrirá una superposición de características, como se muestra en la Figura 109:.

The 'Feature 2' dialog box is shown. It has a 'Feature Key' field with 'source' and a 'Feature Location*' field with '1..237'. A link for a detailed explanation of the feature location format is provided. Below this is the 'QUALIFIERS' section, which includes an 'Add qualifier' button with a red '2' and a table with columns for Qualifier Name and Qualifier Value. The table contains two rows: 'mol_type' and 'organism'. A red '1' is next to the pencil icon for editing the 'mol_type' qualifier. At the bottom right are 'Cancel' and 'Update feature' buttons.

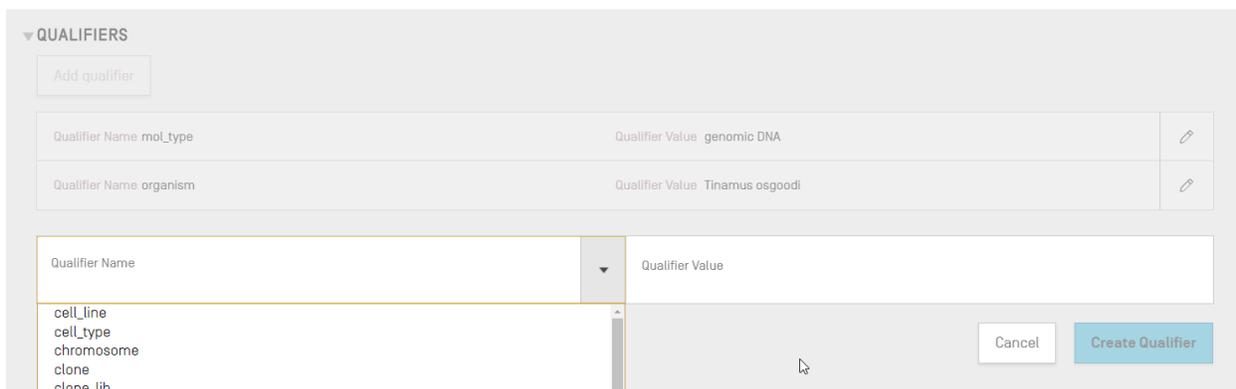
Qualifier Name	Qualifier Value
mol_type	
organism	Caballerocotyla biparasitica

Figura 109: Añadir/editar calificador Paso 2

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

Cuando se edita o se añade un calificador, se muestran los dos campos que aparecen en la

Figura 110: “Qualifier name”¹⁰ (que debe seleccionarse en el menú desplegable) y “Qualifier value”.



The screenshot shows a web interface for managing qualifiers. At the top, there is a section titled 'QUALIFIERS' with an 'Add qualifier' button. Below this, there is a table listing existing qualifiers:

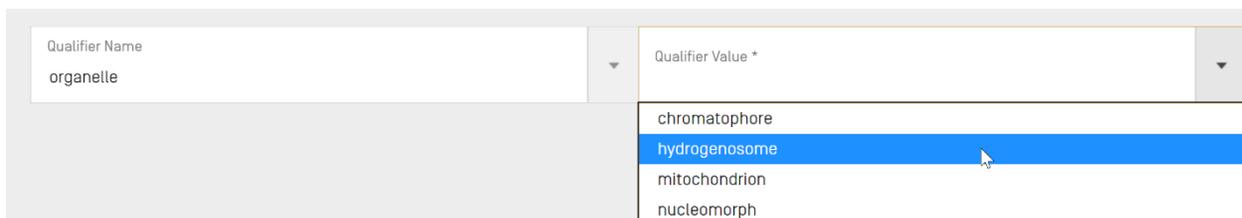
Qualifier Name	Qualifier Value	
mol_type	genomic DNA	
organism	Tinamus osgoodi	

Below the table is a form to create a new qualifier. It has two main fields: 'Qualifier Name' and 'Qualifier Value'. The 'Qualifier Name' field has a dropdown menu with options: cell_line, cell_type, chromosome, clone, clone_lib. The 'Qualifier Value' field is empty. At the bottom right of the form are 'Cancel' and 'Create Qualifier' buttons.

Figura 110: Panel de edición de calificadores

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

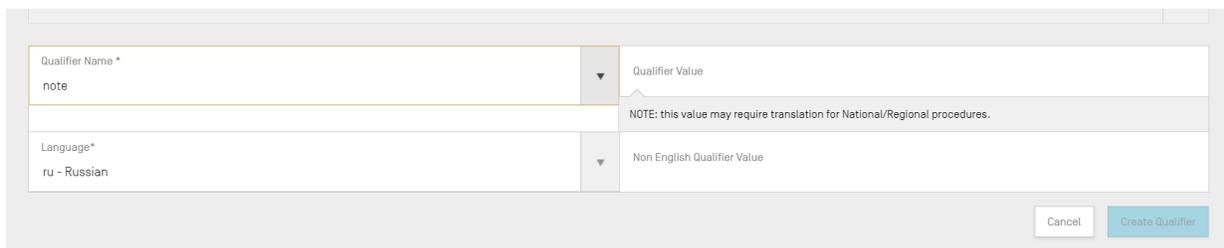
- **Calificadores con valores predefinidos.** El campo consta de un menú desplegable en el que se puede seleccionar uno de los valores predefinidos para el calificador, como se muestra en la Figura 111::



The screenshot shows a close-up of the 'Qualifier Value' field for the 'organelle' qualifier. The field is a dropdown menu with the following options: chromatophore, hydrogenosome (highlighted in blue), mitochondrion, and nucleomorph.

Figura 111: Calificadores con valores predefinidos

- **Calificadores con valores de texto libre.** El valor del campo tiene formato de texto libre. Además de los valores de nombre y calificador, que solo pueden introducirse en inglés, existen dos campos adicionales que permiten introducir tanto el código del idioma (por ejemplo, “ru”) y el valor del idioma en cuestión en el valor de calificador en idioma distinto del inglés, como se muestra en la Figura 112::



The screenshot shows a close-up of the 'Qualifier Value' field for the 'note' qualifier. The field is a text input field with the value 'note'. Below it, there is a 'Language*' field with the value 'ru - Russian'. To the right of the 'Qualifier Value' field, there is a 'Non English Qualifier Value' field with the value 'NOTE: this value may require translation for National/Regional procedures.'. At the bottom right of the form are 'Cancel' and 'Create Qualifier' buttons.

¹⁰ Véase la Norma ST.26 de la OMPI, Anexo I, secciones 6 y 8, a fin de consultar todos los posibles calificadores para secuencias de nucleótidos y aminoácidos.

Figura 112: Calificadores con valores de texto libre

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

Se puede proporcionar una serie de valores en idioma distinto del inglés respecto de cada idioma seleccionado, ya sea introduciéndolos manualmente o importando el idioma apropiado desde un archivo XLIFF.

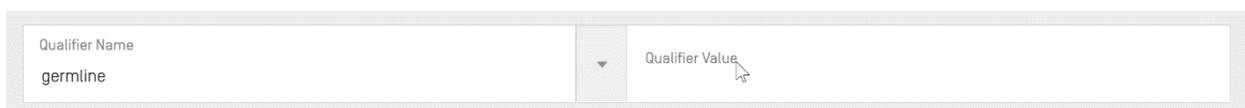
- **Calificadores con formato predefinido.** El valor del campo tiene formato de texto libre, pero se valida para garantizar que se ajuste a las normas pertinentes establecidas en la Sección 6 del Anexo I de la Norma ST.26 de la OMPI.¹¹ En la Figura 113: se muestra un ejemplo en el que la fecha no se ha introducido en el formato adecuado:



The screenshot shows a form with two main sections. The left section is labeled 'Qualifier Name' and contains the text 'collection_date'. The right section is labeled 'Qualifier Value' and contains the text '2002-08-'. Below the 'Qualifier Value' section, there is a red error message box that reads: 'Invalid qualifier value format. The value for the qualifier 'collection_date' must have the format 'YYYY-MM-DD', 'YYYY-MM' or 'YYYY'.'

Figura 113: Calificadores con formato predefinido

- **Calificadores sin valor permitido.** El campo “Qualifier value” no es editable, como se muestra en la Figura 114::



The screenshot shows a form with two main sections. The left section is labeled 'Qualifier Name' and contains the text 'germline'. The right section is labeled 'Qualifier Value' and contains a mouse cursor pointing to the text, indicating that the field is not editable.

Figura 114: Calificadores sin valor permitido.

Nota:

La localización de la característica “source” no puede editarse después de ser creada, y los calificadores “mol_type” y “organism” solo pueden editarse, no eliminarse.

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

Por último, una vez añadido o modificado el calificador, habrá que hacer clic en el botón “Update feature”, situado en la parte inferior de la superposición de características, como se muestra en la Figura 115, para proceder.

¹¹ Véase la Norma ST.26 de la OMPI, Anexo I, Sección 6, para consultar las normas relativas a esos calificadores.

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 mot_type	Qualifier Value other DNA	✎
Qualifier Name organism	Qualifier Value synthetic construct	✎

Cancel Update feature

Figura 115: Función de actualización tras la edición del calificador

INFORME DE VERIFICACIÓN

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

Se puede obtener más información sobre cómo generar el informe de verificación en la Figura 34:.

WIPO | Sequence PROJECT DEMO **VERIFICATION REPORT** LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS IMPORT REPORT DISPLAY THE SEQUENCE LISTING HELP PREFERENCES 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	

Figura 116: Ver el informe de verificación Paso 1

Dependiendo de si el listado de la secuencia del proyecto es válido o no, habrá dos vistas distintas: Figura 117, donde se han generado errores/avisos y Figura 118:, tras una validación correcta.

Report generated on 2022-01-12

Print Report

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.	-	

Figura 117: Ejemplo de informe de verificación, errores/advertencias

Se puede exportar el informe de verificación en formato PDF haciendo clic en el botón “Print Report”, que aparece en la esquina superior derecha de la Figura 117. El informe generado se mostrará en el visor de PDF como se muestra en la Figura 9.

Report successfully generated on 2021-10-11

This project does not contain any errors or warnings.

Figura 118: Informe de verificación, sin errores/advertencias

CALIFICADORES DEPENDIENTES DEL IDIOMA

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

Cualquier calificador dependiente del idioma que se añada al proyecto en curso aparecerá en dicha vista, como se muestra en la Figura 119:.

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

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

Figura 119: Vista de calificadores dependientes del idioma

Se podrá modificar el valor de texto libre traducido asociado a un calificador haciendo clic en el valor del nombre del calificador, como se muestra en la Figura 110, lo que abrirá una superposición con un panel de edición debajo del cuadro.

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

IMPORTAR CALIFICADORES DE TEXTO LIBRE

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

El archivo seleccionado debe contener los siguientes datos:

- Nombre del proyecto
- El código de idioma de destino
- El código de idioma de origen
- Respecto de cada elemento de la unidad XLIFF:
 - El identificador único del calificador (con el siguiente formato: un número precedido de la letra “q”)
 - El valor del calificador en la etiqueta del idioma de origen
 - El valor del calificador en la etiqueta del idioma de destino

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

Figura 120: Ejemplo de archivo XLIFF válido

Una vez que el usuario haya confirmado el archivo seleccionado para la importación, la herramienta le pedirá que verifique si desea continuar confirmando una serie de pasos de verificación (Figura 121: a Figura 125).

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

The screenshot shows the 'LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS' page in the WIPO Sequence application. A modal dialog box is displayed in the center with the following text:

No matching project names

The current project name transl does not match with the name specified in the XLIFF file 1821-IMPORT-XLIFF.

Buttons: Cancel, Continue

The background interface includes a navigation bar with 'TRANSL' highlighted, and a table with columns for 'Sequence ID Number' and 'Sequence Name'. A row is visible with '1' and 'transl_except_s_q_1'.

Figura 121: Validación del nombre del proyecto

- El sistema indicará si no se ha podido asignar algún calificador:

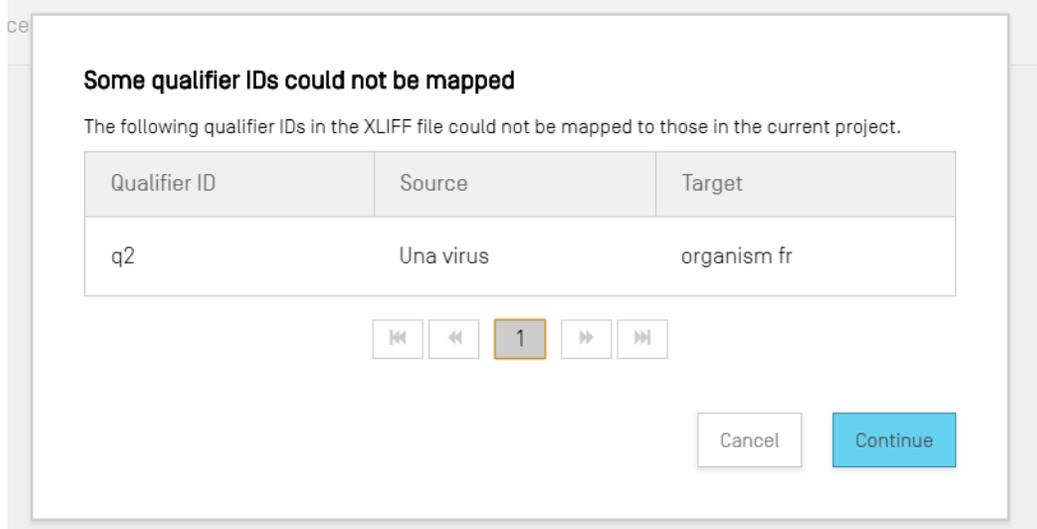


Figura 122: Paso de validación de la asignación de calificadores

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

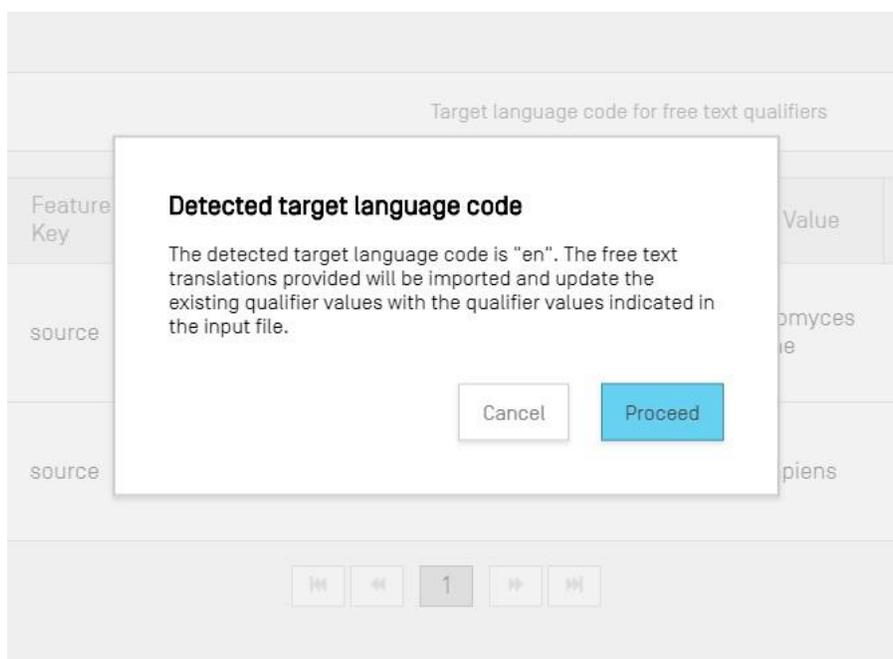


Figura 123: Paso de validación del idioma de origen

- El sistema indicará los cambios relacionados con el idioma de destino y los valores de los calificadores traducidos:

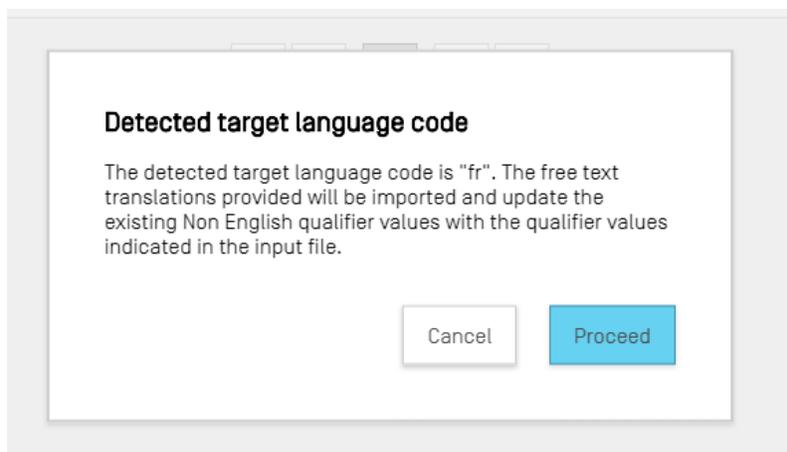


Figura 124: Paso de validación del idioma de destino

A continuación aparecerá el siguiente mensaje en la parte superior de color azul: “SUCCESS: THE FREE TEXT QUALIFIER HAS BEEN IMPORTED SUCCESSFULLY”, así como un informe de importación en el cual se expondrán en detalle los valores previos y actuales importados respecto de los calificadores de texto libre dependientes del idioma.

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

Figura 125: Informe de la importación del calificador de texto libre

Se puede regresar a la vista de calificadores de texto libre haciendo clic en el botón “RETURN TO FREE TEXT QUALIFIERS”, resaltado en la Figura 125.

EXPORTAR CALIFICADORES DE TEXTO LIBRE

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

El archivo incluirá:

- El idioma original del proyecto.
- El idioma de destino del proyecto.
- Los valores de los calificadores de texto libre.
- Los valores traducidos de los calificadores de texto libre.¹²
- La información asociada del calificador y la característica incluida en el cuadro que se muestra en la Figura 119:.

Este archivo puede visualizarse, editarse e importarse de nuevo en la herramienta tras facilitar la traducción adecuada siguiendo los pasos indicados en la Figura 121: a 125.

INFORME DE IMPORTACIÓN

En esta sección se describen las funciones que ofrece la vista de informe de importación.

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

Si el proceso de importación no genera ningún proyecto o no se ha importado ninguna secuencia al proyecto en curso, en la vista de informe de importación aparecerá el mensaje que se muestra en la Figura 126:.

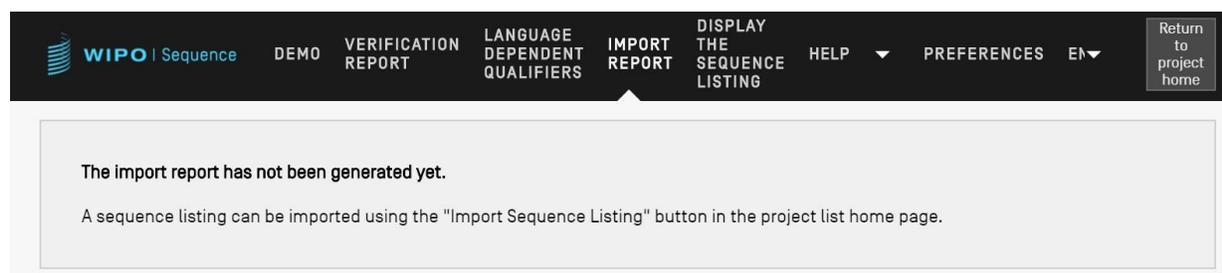


Figura 126: Mensaje de importación no realizada en la vista de informe de importación

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

¹² La traducción del código de idioma de texto libre seleccionado distinto del inglés que se facilita en el proyecto durante la exportación.

- Un cuadro de informe de importación (Figura 127:)
- Un cuadro de datos modificados (Figura 128)

Cuadro de informe de importación

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

Figura 127: Ejemplo de informe de importación

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

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

Cuadro de datos modificados

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

Figura 128: Ejemplo de cuadro de datos modificados

En este cuadro se muestran los datos que han sido transformados o modificados durante el proceso de importación. El cuadro incluye los siguientes datos distribuidos en columnas (Figura 127.):

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

VISUALIZACIÓN DE LISTA DE SECUENCIAS

En esta sección se describen las funciones disponibles en la visualización de la lista de secuencias.

WIPO Sequence permite generar la lista de secuencias en un formato más fácil de leer para las personas que el XML. Cuando se accede a la visualización de lista de secuencias a través del enlace “DISPLAY THE SEQUENCE LISTING”, aparece un mensaje sobre fondo azul en el que se indica que el archivo de la lista de secuencias se ha generado correctamente, junto a dos opciones para visualizar la lista de secuencias (en formato .html o .txt) (Figura 129):

Para saber cómo generar una lista de secuencias, véase la Figura 63:.

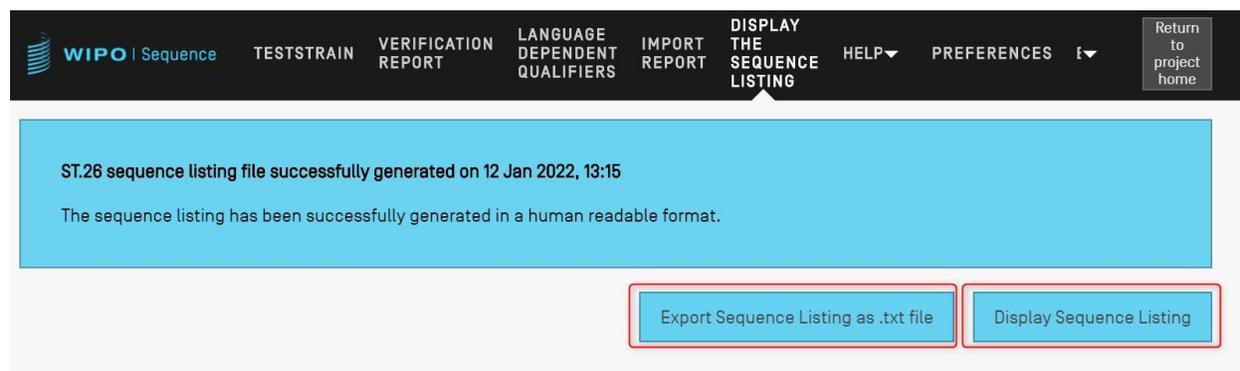


Figura 129: Mostrar listado de secuencias, generado correctamente

Si la lista de secuencias no se genera correctamente en un proyecto determinado, en la visualización de lista de secuencias se desactivarán los botones “Display Sequence Listing” y “Export Sequence Listing as .txt file”, y se mostrará el mensaje de error que aparece en la Figura 130.

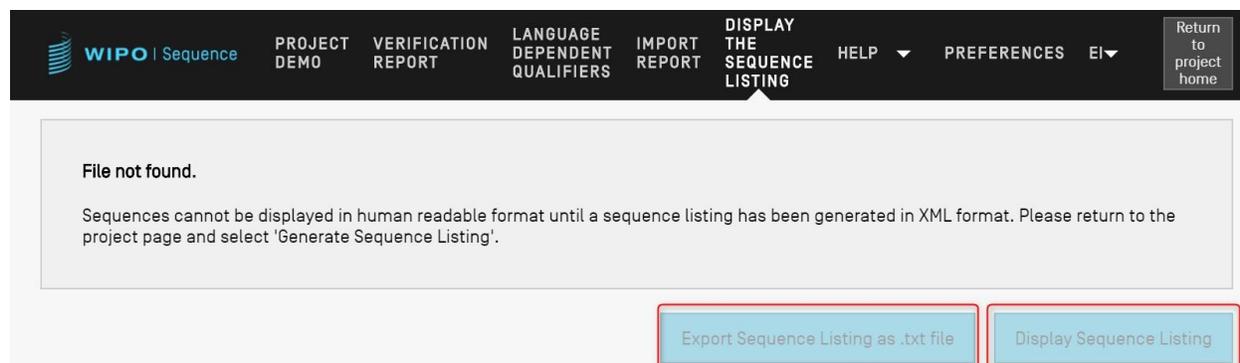
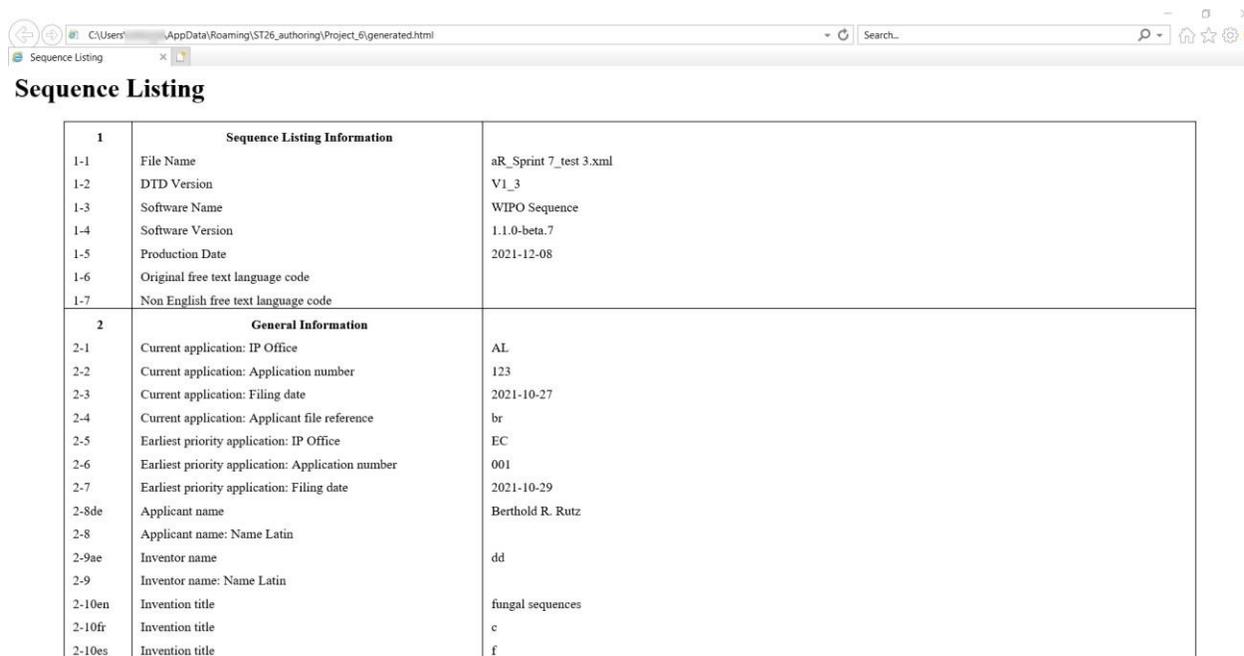


Figura 130: Mostrar listado de secuencias, archivo no encontrado

Al hacer clic en el botón “Display Sequence Listing”, se abrirá un archivo HTML en el navegador predeterminado. De esta manera se ofrece una visualización formateada del archivo XML conforme a la Norma ST.26 para que los valores de determinados campos sean más fáciles de ver. En la Figura 131: se muestra un ejemplo.

Nota:

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



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

Figura 131: Mostrar listado de secuencias, Ejemplo HTML

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

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

```

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

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

```

Figura 132: Mostrar listado de secuencias, Ejemplo TXT

Si la lista de secuencias generada, en formato XML, es de un tamaño superior a 100 MB, en lugar de mostrarse la lista en formato HTML, aparecerá la página de la Figura 133:.



Figura 133: Mostrar listado de secuencias, HTML demasiado grande

5 FORMATOS DE ARCHIVO

Los siguientes formatos de archivo pueden importarse en WIPO Sequence.

ST.25

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

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

FORMATO DE VARIAS SECUENCIAS

El formato de varias secuencias¹³ puede servir para describir una o varias secuencias, junto con su nombre, el tipo de molécula y el nombre del organismo. Es uno de los formatos permitidos para la importación mediante PatentIn.

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

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

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

Ejemplo:

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

```
uuuucuuauuguuuucuccuacugcuaucuaaauaugauugucguaguggcuuccucaucgucucccccacc  
gccuaccacaacgacugccgcagcggauuacuaauaguaucaccaacagcauaacaaaaagaugacgaa  
gagggguugcugauggugucgccgacggcguagcagaaggagugggcggagggg
```

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

```
attgaugtuagtgauguggtautgaugtuagutguagtautgaugtauuauuuauugtggtgagututuga  
uatguaautgautugtugutattgaugtuagtgauguggtautgaugtuagutguagtautgaugtauu  
auuauugtggtgagututugauatguaautgautugtugutuagt
```

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

RAW

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

Ejemplo:

```
aggatatagatagtatatgatagtagtatgatgatgatgatgtatagtgtagttatga
```

FASTA

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

ARCHIVO FASTA CON UNA SECUENCIA

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

```
CTCAACAATCTGAAGCATCG
```

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

[Fin del documento]