

معيار الويبو ST.26 المستوى المتقدم

ندوة تدريبية إلكترونية

ملاحظة: هذا التدريب مُكَمَّلٌ لما سبقه، ومن المفترض أن يكون المشاركون قد حضروا بالفعل دورة "أساسيات معيار الويبو ST.26".

يمكن الوصول إلى دورة "أساسيات معيار الويبو ST.26" عبر الرابط الآتي:

https://www.wipo.int/meetings/en/details.jsp?meeting_id=62848

سنتناول اليوم

- مفاتيح السمات والمُعرِّفات الشائعة الاستخدام
- أنساق مواقع السمات
- أنساق قيم المُعرِّفات وقيم المُعرِّفات المكتوبة بلغات غير الإنكليزية
- حالات خاصة - يُوراسيل في الحمض النووي (الدنا) وThymine في الحمض النووي الريبسي (الرنا)؛ جزيئات الدنا/ الرنا الهجينة
- نظائر النوكليوتيدات، والأحماض الأمينية D، والتسلسلات المتفرعة
- متغيرات التسلسل

مفاتيح السمات والمُعَرِّفات الشائعة الاستخدام

مفاتيح السمات والمُعرِّفات

■ يمكن استخدام مفاتيح السمات لتقديم وصف إضافي لبقية واحدة أو أكثر من بقايا تسلسل مُحدَّد بالموقع

- ترد في القسم 5 من المرفق الأول مفاتيح السمات الخاصة بتسلسلات النوكليوتيدات

- مفاتيح السمات الخاصة بتسلسلات النوكليوتيدات تُكتب بحروف صغيرة، مثال:

"misc_binding"

- ترد في القسم 7 من المرفق الأول مفاتيح السمات الخاصة بتسلسلات الأحماض الأمينية

- مفاتيح السمات الخاصة بتسلسلات الأحماض الأمينية تُكتب بحروف كبيرة، مثال:

"REGION"

■ يمكن استخدام المُعرِّفات لتقديم وصف إضافي للسمات

- ترد في القسم 6 من المرفق الأول المُعرِّفات الخاصة بتسلسلات النوكليوتيدات

- المُعرِّفات الخاصة بتسلسلات النوكليوتيدات تُكتب بحروف صغيرة، مثال:

"allele"

- ترد في القسم 8 من المرفق الأول المُعرِّفات الخاصة بتسلسلات الأحماض الأمينية

- المُعرِّفات الخاصة بتسلسلات الأحماض الأمينية تُكتب بحروف كبيرة، مثال:

wⁱNOTE"

WORLD
INTELLECTUAL PROPERTY
ORGANIZATION

مفاتيح السمات والمُعَرِّفات

```

<SequenceData sequenceIDNumber="17">
- <INSDSeq>
  <INSDSeq_length>7</INSDSeq_length>
  <INSDSeq_moltype>AA</INSDSeq_moltype>
  <INSDSeq_division>PAT</INSDSeq_division>
- <INSDSeq_feature-table>
  - <INSDFeature>
    <INSDFeature_key>SOURCE</INSDFeature_key>
    <INSDFeature_location>1..7</INSDFeature_location>
  - <INSDFeature_qual>
    - <INSDQualifier>
      <INSDQualifier_name>ORGANISM</INSDQualifier_name>
      <INSDQualifier_value>Homo sapiens</INSDQualifier_value>
    </INSDQualifier>
    - <INSDQualifier>
      <INSDQualifier_name>MOL_TYPE</INSDQualifier_name>
      <INSDQualifier_value>protein</INSDQualifier_value>
    </INSDQualifier>
    </INSDFeature_qual>
  </INSDFeature>
- <INSDFeature>
  <INSDFeature_key>VARIANT</INSDFeature_key>
  <INSDFeature_location>1</INSDFeature_location>
- <INSDFeature_qual>
  - <INSDQualifier>
    <INSDQualifier_name>NOTE</INSDQualifier_name>
    <INSDQualifier_value>X can be any amino acid</INSDQualifier_value>
  </INSDQualifier>
  </INSDFeature_qual>
</INSDFeature>
</INSDSeq_feature-table>
  <INSDSeq_sequence>XYEKGJL</INSDSeq_sequence>
</INSDSeq>
</SequenceData>

```

مفاتيح السمات والمُعرِّفات

■ مفاتيح السمات اختيارية، باستثناء سمة "source"/"SOURCE" التي تُعدّ إلزامية لكل تسلسل.

■ ستكون لكل مفتاح من مفاتيح السمات قائمة بالمُعرِّفات التي يمكن استخدامها لتقديم وصف إضافي للسمة. ومعظم المُعرِّفات اختيارية، ولكن تحتوي بعض مفاتيح السمات على مُعرِّفات إلزامية.

5.31. Feature Key	regulatory
Definition	any region of a sequence that functions in the regulation of transcription, translation, replication or chromatin structure;
Mandatory qualifiers	regulatory_class
Optional qualifiers	allele bound_moiety function gene gene_synonym map note operon phenotype pseudo pseudogene standard_name

■ يُعتبر المُعرِّفان "mol_type"/"MOL_TYPE" و "organism"/"ORGANISM" إلزاميين لسمة "source"/"SOURCE".

مفاتيح السمات والمُعرِّفات

■ بعض مفاتيح السمات لها قيود إضافية

- نطاق الكائن: على سبيل المثال، يقتصر "C_region" على حقيقيات النوى
- نطاق الجزيء: على سبيل المثال، يقتصر "D-loop" على تسلسلات الحمض النووي الريبي المنزوع الأكسجين (DNA)

5.4. Feature Key	D-loop
Definition	displacement loop; a region within mitochondrial DNA in which a short stretch of RNA is paired with one strand of DNA, displacing the original partner DNA strand in this region; also used to describe the displacement of a region of one strand of duplex DNA by a single stranded invader in the reaction catalyzed by RecA protein
Optional qualifiers	allele gene gene_synonym map note
Molecule scope	DNA

مفاتيح السمات والمُعَرِّفات

تسلسلات النوكليوتيدات: مفتاح سمة "modified_base"

■ ينبغي استخدام مفتاح السمة "modified_base" ومُعَرِّفه الإلزامي "mod_base" لوصف النوكليوتيد المُعدَّل (المعيار ST.26، الفقرة 16)

■ "النوكليوتيد المُعدَّل" هو أي نوكليوتيد بخلاف:

- etahpsohponom-'3deoxy-[a, g, c, or t]

- etahpsohponom-'3 [u ro ,c ,g ,a] (المعيار ST.26، الفقرة 3(و))

■ ينبغي تمثيل "النوكليوتيد المُعدَّل" بالنوكليوتيد المقابل غير المُعدَّل (في المرفق الأول، القسم 1، الجدول 1)، متى أمكن ذلك، وإلا يمكن تمثيله بالرمز "n". على سبيل المثال، ينبغي تمثيل "2'-O-methylcytidine" بالرمز "c" في التسلسل. وينبغي تمثيل "Queuosine" بالرمز "n". والرمز "n" يعادل بقية واحدة فقط.

■ يجب اختيار قيمة المُعَرِّف الإلزامي "mod_base" من القيم الواردة في المرفق الأول، القسم 2، الجدول 2. وإذا كانت القيمة هي "other"، فيجب أن يحتوي مُعَرِّف "note" إضافي على الاسم الكامل غير المختصر للبقية المُعدَّلة.

مفاتيح السمات والمُعَرِّفات

تسلسلات النوكليوتيدات: مفتاح السمة "modified_base"

■ مثال: تسلسل نوكليوتيد مع إينوزين في الموضع 15

```
<INSDFeature>
  <INSDFeature_key>modified_base</INSDFeature_key>
  <INSDFeature_location>15</INSDFeature_location>
  <INSDFeature_qual>
    <INSDQualifier>
      <INSDQualifier_name>mod_base</INSDQualifier_name>
      <INSDQualifier_value>i</INSDQualifier_value>
    </INSDQualifier>
  </INSDFeature_qual>
</INSDFeature>
```

■ يرد "الإينوزين" في المرفق الأول، القسم 2، الجدول 2 بالاختصار "i"

مفاتيح السمات والمُعَرِّفات

تسلسلات النوكليوتيدات: مفتاح السمة "modified_base"

■ مثال: تسلسل نوكليوتيد مع زائنين في الموضع 22

```
<INSDFeature>
  <INSDFeature_key>modified_base</INSDFeature_key>
  <INSDFeature_location>22</INSDFeature_location>
  <INSDFeature_qual>
    <INSDQualifier>
      <INSDQualifier_name>mod_base</INSDQualifier_name>
      <INSDQualifier_value>OTHER</INSDQualifier_value>
    </INSDQualifier>
    <INSDQualifier>
      <INSDQualifier_name>note</INSDQualifier_name>
      <INSDQualifier_value>xanthine</INSDQualifier_value>
    </INSDQualifier>
  </INSDFeature_qual>
</INSDFeature>
```

■ لا يرد "الزائنين" في المرفق الأول، القسم 2، الجدول 2؛ لذلك، يجب أن تكون قيمة المُعَرِّف "mod_base" الإلزامي هي "OTHER"، ويجب إدراج مُعَرِّف "note" إضافي به القيمة "xanthine".

مفاتيح السمات والمُعَرِّفات

تسلسلات النوكليوتيدات: مفتاح السمة "modified_base"

■ يمكن أيضاً استخدام "modified_base" لوصف موقع منزوع البورين والبيريميدين (abasic):

```
<INSDFeature>
  <INSDFeature_key>modified_base</INSDFeature_key>
  <INSDFeature_location>11</INSDFeature_location>
  <INSDFeature_qual>
    <INSDQualifier>
      <INSDQualifier_name>mod_base</INSDQualifier_name>
      <INSDQualifier_value>OTHER</INSDQualifier_value>
    </INSDQualifier>
    <INSDQualifier>
      <INSDQualifier_name>note</INSDQualifier_name>
      <INSDQualifier_value>abasic site</INSDQualifier_value>
    </INSDQualifier>
  </INSDFeature_qual>
</INSDFeature>
```

■ يمكن تمثيل الموقع المنزوع البورين والبيريميدين (abasic) بالرمز "n" في التسلسل، ثم يُوصَف بمزيد من التفصيل باستخدام مفتاح السمة "modified_base" إلى جانب المُعَرِّف "mod_base" بالقيمة "OTHER" و مُعَرِّف "note" إضافي بالقيمة "abasic site".

مفاتيح السمات والمُعرِّفات

تسلسلات النوكليوتيدات: مفتاح السمة "CDS"

■ يمكن استخدام مفتاح السمة "CDS" لتحديد تسلسلات الترميز. ويجب أن يحتوي موقع السمة CDS على رَامِزَة التوقف. (المعيار ST.26، الفقرة 89)

■ لا توجد مُعرِّفات إلزامية لمفتاح السمة "CDS"

تشمل المُعرِّفات الشائعة الاستخدام ما يلي:

“pseudo”

“pseudogene”

“translation”

“transl_table”

“codon_start”

“transl_except”

“protein_id”

مفاتيح السمات والمُعرِّفات

تسلسلات النوكليوتيدات: مفتاح السمة "CDS"

يمكن أن يكون للسمة "CDS" مُعرِّف واحد فقط من المُعرِّفات الآتية:

المُعرِّف	الوصف	القيمة
كاذب	يشير إلى أن السمة CDS غير فعالة وليست لها ترجمة، ولكنها ليست جيناً كاذباً	لا شيء
جين كاذب	يشير إلى أن السمة CDS جين كاذب وليست لها ترجمة	مُعالج غير مُعالج وحدوي أَلِيلِيّ غير معروف
ترجمة	يشير إلى تسلسل الحمض الأميني المشتق من ترجمة CDS	اختصارات الأحماض الأمينية المكونة من حرف واحد

مفاتيح السمات والمُعرِّفات

تسلسلات النوكليوتيدات: مفتاح السمة "CDS"

- تسلسل الحمض الأميني الذي يحتوي على 4 أو أكثر من الأحماض الأمينية المُحدَّدة صراحةً والمُرمز بتسلسل ترميز والمُفصح عنه في المُعرِّف "translation" يجب أن يُدرج في الكشف التسلسلي كتسلسل منفصل وأن يُخصص له رقمه الخاص لتعريف التسلسل.
- رقم تعريف التسلسل المُخصَّص لتسلسل الحمض الأميني يجب أن يُقدَّم كقيمة في المُعرِّف "protein_id" ضمن مفتاح السمة "CDS".
- المُعرِّف "ORGANISM" الخاص بمفتاح السمة "SOURCE" لتسلسل الحمض الأميني يجب أن يكون مطابقاً لمُعرِّف تسلسل الترميز الخاص به. (المعيار ST.26، الفقرة 92)

مفاتيح السمات والمُعرِّفات

تسلسلات النوكليوتيدات: مفتاح السمة "CDS"

المُعرِّفات التي يمكنها تعديل التسلسل المترجم:

المُعرِّف	الوصف	القيمة
transl_table	يشير إلى جدول الشفرة الجينية المُستخدم لترجمة CDS؛ والقيمة الافتراضية هي "1-Standard Code"	رقم يمثل أحد جداول الترجمة الواردة في الملحق الأول، القسم 9
transl_except	يشير إلى ترجمة رامزة لا تتوافق مع الشفرة الجينية المُحدَّد في "transl_table"	(pos:<location>, aa:<amino_acid>)
codon_start	يشير إلى إطار قراءة CDS بالنسبة إلى القاعدة الأولى	1 أو 2 أو 3

مفاتيح السمات والمُعَرِّفات

تسلسلات النوكليوتيدات: مفتاح السمة "CDS"

■ مثال: SEQ ID NO:1 هو جزء من تسلسل ترميز من جين ميتوكوندري خميري (جدول الشفرة الجينية "3-
:"Yeast Mitochondrial Code

```
...tg gat aat gaa gaa gtt aac gaa gaa tgt atg aga tta ttt ttc aag aac gct cgt cat cta aca tca agg ttg aca taa      80
... Asp Asn Glu Glu Val Asn Glu Glu Cys Sec Arg Leu Phe Phe Lys Asn Ala Arg His Thr Thr Ser Arg Leu Thr *
```

• يُمثَّل التسلسل في الكشف التسلسلي على النحو الآتي:

tggataatga agaagttaac gaagaatgta tgagattatt ttcaagaac gctcgtcatc taacatcaag gttgacataa

مفاتيح السمات والمُعَرِّفات

تسلسلات النوكليوتيدات: مفتاح السمة "CDS"

■ مثال: SEQ ID NO:1 هو جزء من تسلسل ترميز من جين ميتوكوندري خميري (جدول الشفرة الجينية "3-
:"Yeast Mitochondrial Code

```
...tg gat aat gaa gaa gtt aac gaa gaa tgt atg aga tta ttt ttc aag aac gct cgt cat cta aca tca agg ttg aca taa 80
... Asp Asn Glu Glu Val Asn Glu Glu Cys Sec Arg Leu Phe Phe Lys Asn Ala Arg His Thr Thr Ser Arg Leu Thr *
```

- مفتاح السمة "CDS"
- موقع السمة: >80..1
- مُعَرِّف "codon_start" مع القيمة "3"

تشير قيمة المُعَرِّف
"codon_start"، وهي 3، إلى أن
أول رامزة كاملة تبدأ في الموضع
الثالث داخل الموقع

مفاتيح السمات والمُعرِّفات

تسلسلات النوكليوتيدات: مفتاح السمة "CDS"

■ مثال: SEQ ID NO:1 هو جزء من تسلسل ترميز من جين ميتوكوندري خميري (جدول الشفرة الجينية "3-
:"Yeast Mitochondrial Code

```
...tg gat aat gaa gaa gtt aac gaa gaa tgt atg aga tta ttt ttc aag aac gct cgt cat cta aca tca agg ttg aca taa 80
... Asp Asn Glu Glu Val Asn Glu Glu Cys Sec Arg Leu Phe Phe Lys Asn Ala Arg His Thr Thr Ser Arg Leu Thr *
```

- مفتاح السمة "CDS"
- موقع السمة: >80..1
- المُعرِّف "codon_start" بالقيمة "3"
- المُعرِّف "transl_table" بالقيمة "3"

تُستخدم جداول الشفرة الجينية الواردة في القسم 9 من المرفق الأول لتحديد قيمة المُعرِّف "transl_table".

مفاتيح السمات والمُعرِّفات

تسلسلات النوكليوتيدات: مفتاح السمة "CDS"

■ مثال: SEQ ID NO:1 هو جزء من تسلسل ترميز من جين ميتوكوندري خميري (جدول الشفرة الجينية "3-
:"Yeast Mitochondrial Code

```
...tg gat aat gaa gaa gtt aac gaa gaa tgt atg aga tta ttt ttc aag aac gct cgt cat cta aca tca agg ttg aca taa 80
... Asp Asn Glu Glu Val Asn Glu Glu Cys Sec Arg Leu Phe Phe Lys Asn Ala Arg His Thr Thr Ser Arg Leu Thr *
```

- مفتاح السمة "CDS"
- موقع السمة: >80..1
- المُعرِّف "codon_start" بالقيمة "3"
- المُعرِّف "transl_table" بالقيمة "3"
- المُعرِّف "transl_except" بالقيمة "(ceS:aa,32..30pos:)"
- المُعرِّف "translation" بالقيمة "DNEEVNEECURLFFKNARHTTSRLT"
- تسلسل بروتين منفصل للترجمة

مفاتيح السمات والمُعرِّفات

تسلسلات النوكليوتيدات: مفتاح السمة "CDS"

- يمكن لموقع السمة "CDS" أن يستخدم عامل الموقع "join" لتوصيل أجزاء متقطعة من تسلسل ما وتحويلها إلى منطقة تشفير واحدة

`join(location1,location2)`

- يمكن لموقع السمة "CDS" أن يستخدم العامل "complement" للإشارة إلى أن السمة تقع على الجديلة المكملة للتسلسل المُحدَّد بواسطة واصفة الموقع

`complement(location)`

مفاتيح السمات والمُعَرِّفات

تسلسلات الأحماض الأمينية: مفاتيح السمات الشائعة الاستخدام

مفتاح السمة	الوصف	هل توجد مُعَرِّفات إلزامية؟
SITE	يشير إلى موقع واحد محل اهتمام من مواقع الأحماض الأمينية	يجب أن يُوصَف الموقع بمُعَرِّف NOTE إلزامي
REGION	يشير إلى منطقة محل اهتمام	لا شيء، المُعَرِّف NOTE اختياري
BINDING	يشير إلى موضع الارتباط الخاص بمجموعة كيميائية	يجب أن يحتوي مُعَرِّف NOTE الإلزامي على اسم المجموعة الكيميائية
UNSURE	يصف المناطق المشكوك فيها في التسلسل	لا شيء، المُعَرِّف NOTE اختياري

مفاتيح السمات والمُعَرِّفات

تسلسلات الأحماض الأمينية: الأحماض الأمينية المعدلة

■ "الحمض الأميني المُعدَّل" هو أي حمض أميني بخلاف:

L-aspartic acid	L-asparagine	L-arginine	L-alanine
L-glycine	L-glutamic acid	L-glutamine	L-cysteine
L-lysine	L-leucine	L-isoleucine	L-histidine
L-pyrrolysine	L-proline	L-phenylalanine	L-methionine
L-tryptophan	L-selenocysteine	L-threonine	L-serine
	L-valine	L-tyrosine	

(المعيار ST.26، الفقرة 3(ه))

■ ينبغي تمثيل "الحمض الأميني المُعدَّل" بالحمض الأميني المقابل غير المُعدَّل، كلما أمكن ذلك. وإلا يمكن تمثيله بالرمز "X". على سبيل المثال، ينبغي تمثيل "الهيدروكسيليدين" بالرمز "K" في التسلسل. وينبغي تمثيل "الأورنيثين" بالرمز "X". (المعيار ST.26، الفقرة 29).

■ الرمز "X" يعادل بقية واحدة فقط.

مفاتيح السمات والمُعَرِّفات

تسلسلات الأحماض الأمينية: الأحماض الأمينية المعدلة

■ يمكن استخدام العديد من مفاتيح السمات للإشارة إلى "حمض أميني مُعدَّل":

مفتاح السمة	الوصف
SITE	يشير إلى حمض أميني غير مُعدَّل بعد الترجمة
MOD_RES	يشير إلى حمض أميني مُعدَّل بعد الترجمة
CARBOHYD	يشير إلى حمض أميني مُرتَبط بالجليكوزيل
LIPID	يشير إلى الارتباط التساهمي لشريحة دهنية بحمض أميني

■ يجب إدراج مُعرِّف NOTE الإلزامي مع كل مفتاح من مفاتيح السمات المذكورة أعلاه، مع قيمة تصف التعديل.

مفاتيح السمات والمُعرِّفات

تسلسلات الأحماض الأمينية: الأحماض الأمينية المعدلة

Gly-Ser-N-acetylAla-Ser-Asp-Val-Orn-Lys-Asn-Val-Leu
 1 5 10

حيث يُعدّل حمض الألانين في الموضع 3 بعد الترجمة
 في إحدى الخلايا ليصبح n-acetyl alanine

asialyloligosaccharide

■ ما مفاتيح السمات والمُعرِّفات التي ينبغي إدراجها في الكشف التسلسلي لتمثيل هذا التسلسل بدقة؟

مفاتيح السمات والمُعَرِّفات

تسلسلات الأحماض الأمينية: الأحماض الأمينية المعدلة

Gly-Ser-N-acetylAla-Ser-Asp-Val-Orn-Lys-Asn-Val-Leu
 1 5 10

حيث يُعدّل حمض الألانين في الموضع 3 بعد الترجمة
 في إحدى الخلايا ليصبح n-acetyl alanine

asialyloligosaccharide

- يُمثّل التسلسل في الكشف التسلسلي على النحو الآتي:

GSASDVXKNVL

مفاتيح السمات والمُعَرِّفات

تسلسلات الأحماض الأمينية: الأحماض الأمينية المعدلة

Gly-Ser-N-acetylAla-Ser-Asp-Val-Orn-Lys-Asn-Val-Leu
 1 5 10

حيث يُعدّل حمض الألانين في الموضع 3 بعد الترجمة
 في إحدى الخلايا ليصبح n-acetyl alanine

asialyloligosaccharide

- يُمثّل التسلسل في الكشف التسلسلي على النحو الآتي:

GSASDVXKNVL

- مفتاح السمة "MOD_RES" مع الموقع "3" ومُعَرِّف NOTE به القيمة "N-"
 "acetylalanine"

مفاتيح السمات والمُعَرِّفات

تسلسلات الأحماض الأمينية: الأحماض الأمينية المعدلة

Gly-Ser-N-acetylAla-Ser-Asp-Val-Orn-Lys-Asn-Val-Leu
 1 5 10

حيث يُعدَّل حمض الألانين في الموضع 3 بعد الترجمة
 في إحدى الخلايا ليصبح n-acetyl alanine

asialyloligosaccharide

• يُمثَّل التسلسل في الكشف التسلسلي على النحو الآتي:

GSASDVXKNVL

- مفتاح السمة "MOD_RES" مع الموقع "3" ومُعَرِّف NOTE به القيمة "N-acetylalanine"
- مفتاح السمة "SITE" مع الموقع "7" ومُعَرِّف NOTE به القيمة "ornithine"

مفاتيح السمات والمُعَرِّفات

تسلسلات الأحماض الأمينية: الأحماض الأمينية المعدلة

Gly-Ser-N-acetylAla-Ser-Asp-Val-Orn-Lys-**Asn**-Val-Leu
 1 5 10

حيث يُعدَّل حمض الألانين في الموضع 3 بعد الترجمة
 في إحدى الخلايا ليصبح n-acetyl alanine

asialyloligosaccharide

• يُمَثَّل التسلسل في الكشف التسلسلي على النحو الآتي:

GSASDVXKNVL

- مفتاح السمة "MOD_RES" مع الموقع "3" ومُعَرِّف NOTE به القيمة "N-acetylalanine"
- مفتاح السمة "SITE" مع الموقع "7" ومُعَرِّف NOTE به القيمة "ornithine"
- مفتاح السمة "CARBOHYD" مع الموقع "9" ومُعَرِّف NOTE به القيمة "Asn side-"
 "chain linked to asialyloligosaccharide"

أنساق مواقع السمات

أنساق المواقع

واصفات المواقع لجميع أنواع الجزيئات

- تُستخدم واصفات المواقع لتحديد موقع السمة في التسلسل
- ينص المعيار ST.26 على شروط إلزامية لنسق واصفات المواقع
- يمكن استخدام أنساق واصفات المواقع الآتية لتسلسلات النوكليوتيدات والأحماض الأمينية:

Location descriptor type	Syntax	Description
Single residue number	x	Points to a single residue in the sequence.
Residue numbers delimitating a sequence span	x..y	Points to a continuous range of residues bounded by and including the starting and ending residues.
Residues before the first or beyond the last specified residue number	<x >x <x..y x..>y <x..>y	Points to a region including a specified residue or span of residues and extending beyond a specified residue. The '<' and '>' symbols may be used with a single residue or the starting and ending residue numbers of a span of residues to indicate that a feature extends beyond the specified residue number.

معيار الويبو ST.26، الفقرة 66 (أ)

أنساق المواقع

واصفات المواقع لجميع أنواع الجزيئات

Location Example	Description
467	Points to residue 467 in the sequence.
340..565	Points to a continuous range of residues bounded by and including residues 340 and 565.
<1	Points to a feature location before the first residue.
<345..500	Indicates that the exact lower boundary point of a feature is unknown. The location begins at some residue previous to 345 and continues to and includes residue 500.
<1..888	Indicates that the feature starts before the first sequenced residue and continues to and includes residue 888.
1..>888	Indicates that the feature starts at the first sequenced residue and continues beyond residue 888.
<1..>888	Indicates that the feature starts before the first sequenced residue and continues beyond residue 888.

معييار الويبو ST.26، الفقرة 70 (أ)

أنساق المواقع

واصفات مواقع لتسلسلات النوكليوتيدات دون غيرها

■ لا يجوز استخدام نسق واصفة الموقع التالية إلا لتسلسلات الحمض النووي الريبي المنزوع الأكسجين (الدنا) والحمض النووي الريبي (الرنا):

Location descriptor type	Syntax	Description
A site between two adjoining nucleotides	x^y	Points to a site between two adjoining nucleotides, e.g., endonucleolytic cleavage site. The position numbers for the adjacent nucleotides are separated by a carat (^). The permitted formats for this descriptor are x^{x+1} (for example 55 ⁵⁶), or, for circular nucleotides, x^1 , where "x" is the full length of the molecule, i.e. 1000 ¹ for circular molecule with length 1000.

معييار الويبو ST.26، الفقرة 66(ب)

أنساق المواقع

واصفات مواقع لتسلسلات النوكليوتيدات دون غيرها

■ عند استخدام نسق الموقع x^y ، يجب أن يكون x و y بقيتين متجاورتين

Location example	Description
123^124	Points to a site between residues 123 and 124.
867^1	In a circular molecule with 867 residues, points to a site between the residue indicated as position 1 and the residue indicated as position 867

معييار الويبو ST.26، الفقرة 70(ب)

أنساق المواقع

واصفات المواقع - حالة خاصة لتسلسلات الأحماض الأمينية

■ تشير واصفة الموقع $x..y$ إلى وجود تشابك داخل السلسلة بين البقيتين المشار إليهما عند استخدامها مع مفتاح السمة "DISULFID" أو "CROSSLNK"

Location descriptor type	Syntax	Description
Residue numbers joined by an intrachain cross-link	$x..y$	Points to amino acids joined by an intrachain linkage when used with a feature that indicates an intrachain cross-link, such as "CROSSLNK" or "DISULFID".

معييار الويبو ST.26، الفقرة 66(ج)

أنساق المواقع

واصفات المواقع - حالة خاصة لتسلسلات الأحماض الأمينية

```

<SequenceData sequenceIDNumber="4">
  <INSDSeq>
    <INSDSeq_length>81</INSDSeq_length>
    <INSDSeq_moltype>AA</INSDSeq_moltype>
    <INSDSeq_division>PAT</INSDSeq_division>
    <INSDSeq_feature-table>
      <INSDFeature>
        <INSDFeature_key>SOURCE</INSDFeature_key>
        <INSDFeature_location>1..81</INSDFeature_location>
        <INSDFeature_qual>
          <INSDQualifier>
            <INSDQualifier_name>MOL_TYPE</INSDQualifier_name>
            <INSDQualifier_value>protein</INSDQualifier_value>
          </INSDQualifier>
          <INSDQualifier id="q25">
            <INSDQualifier_name>ORGANISM</INSDQualifier_name>
            <INSDQualifier_value>synthetic construct</INSDQualifier_value>
          </INSDQualifier>
        </INSDFeature_qual>
      </INSDFeature>
      <INSDFeature>
        <INSDFeature_key>DISULFID</INSDFeature_key>
        <INSDFeature_location>30..50</INSDFeature_location>
        <INSDFeature_qual>
          <INSDQualifier id="q22">
            <INSDQualifier_name>NOTE</INSDQualifier_name>
            <INSDQualifier_value>disulfide bond</INSDQualifier_value>
          </INSDQualifier>
        </INSDFeature_qual>
      </INSDFeature>
    </INSDSeq_feature-table>
    <INSDSeq_sequence>QKKMIQFFKITHRYYYDIIIEHLCAKYDMNSVISNALFAKLNLMQYTDGLSTHEKIIINTSNPLTFSIVISLQRCVINLGGST</INSDSeq_sequence>
  </INSDSeq>
</SequenceData>

```


أنساق المواقع

عوامل المواقع لتسلسلات النوكليوتيدات

- توجد ثلاثة عوامل مواقع يمكن استخدامها في تسلسلات الحمض النووي (الدنا) والحمض النووي الريبي (الرنا)، هي: "join" و"order" و"complement"
- استخدام عوامل join يشير إلى أن بقايا النوكليوتيدات التي تصفها واصفات الموقع قد جرى ضمها فعلياً عن طريق عمليات بيولوجية (المعيار ST.26، الفقرة 68)
- المواقع التي تستخدم "join" و"order" يجب أن تحتوي على اثنتين على الأقل من واصفات المواقع المفصولة بفواصل
- يمكن استخدام "complement" مع "join" أو "order"

Location syntax	Location description
<code>join(location, location, ..., location)</code>	The indicated locations are joined (placed end-to-end) to form one contiguous sequence.
<code>order(location, location, ..., location)</code>	The elements are found in the specified order but nothing is implied about whether joining those elements is reasonable.
<code>complement(location)</code>	Indicates that the feature is located on the strand complementary to the sequence span specified by the location descriptor, when read in the 5' to 3' direction or in the direction that mimics the 5' to 3' direction.

أنساق المواقع

عوامل المواقع لتسلسلات النوكليوتيدات

Location example	Description
<code>join(12..78,134..202)</code>	Indicates that regions 12 to 78 and 134 to 202 should be joined to form one contiguous sequence.
<code>order(15..228,341..502)</code>	Indicates that regions 15 to 228 and 341 to 502 are present in the specified order
<code>complement(34..126)</code>	Starts at the nucleotide complementary to 126 and finishes at the nucleotide complementary to nucleotide 34 (the feature is on the strand complementary to the presented strand).
<code>complement(join(2691..4571,4918..5163))</code>	Joins nucleotides 2691 to 4571 and 4918 to 5163, then complements the joined segments (the feature is on the strand complementary to the presented strand).
<code>join(complement(4918..5163),complement(2691..4571))</code>	Complements regions 4918 to 5163 and 2691 to 4571, then joins the complemented segments (the feature is on the strand complementary to the presented strand).

معييار الويبو ST.26، الفقرة 70(ب)

هل لديكم أسئلة؟

أنساق قيم المُعرِّفات

قيم المُعرِّفات

■ تقدم المُعرِّفات مزيداً من التعريف للسمات

قيم المُعرِّفات

- تقدم المُعرِّفات مزيداً من التعريف للسّمات
- تتألف المُعرِّفات من اسم المُعرِّف وقيمة المُعرِّف في أحيان كثيرة

```
<INSDQualifier>
  <INSDQualifier_name>transl_table</INSDQualifier_name>
  <INSDQualifier_value>12</INSDQualifier_value>
</INSDQualifier>
```

قيم المُعرِّفات

■ تقدم المُعرِّفات مزيداً من التعريف للسّمات

■ تتألف المُعرِّفات من اسم المُعرِّف وقيمة المُعرِّف في أحيان كثيرة

```
<INSDQualifier>
  <INSDQualifier_name>transl_table</INSDQualifier_name>
  <INSDQualifier_value>12</INSDQualifier_value>
</INSDQualifier>
```

■ سيكون لكل مفتاح من مفاتيح السّمات قائمة بالمُعرِّفات المسموح بها لتلك السمة. ولبعض مفاتيح السّمات مُعرِّفات إلزامية.

قيم المُعرِّفات

■ تقدم المُعرِّفات مزيداً من التعريف للسّمات

■ تتألف المُعرِّفات من اسم المُعرِّف وقيمة المُعرِّف في أحيان كثيرة

```
<INSDQualifier>
  <INSDQualifier_name>transl_table</INSDQualifier_name>
  <INSDQualifier_value>12</INSDQualifier_value>
</INSDQualifier>
```

■ سيكون لكل مفتاح من مفاتيح السّمات قائمة بالمُعرِّفات المسموح بها لتلك السمة. ولبعض مفاتيح السّمات مُعرِّفات إلزامية.

■ ترد مفاتيح السّمات ومُعرِّفاتها المسموح بها في القسم 5 (تسلسلات النوكليوتيدات) والقسم 7 (تسلسلات الأحماض الأمينية) من المرفق الأول للمعيار ST.26.

قيم المُعرِّفات

■ مثال: مفتاح السمة "mis_binding" له مُعرِّف إلزامي واحد، هو "bound_moiety"، و6 مُعرِّفات اختيارية:

5.12. Feature Key	misc_binding
Definition	site in nucleic acid which covalently or non-covalently binds another moiety that cannot be described by any other binding key (primer_bind or protein_bind)
Mandatory qualifiers	bound_moiety
Optional qualifiers	allele function gene gene_synonym map note
Comment	note that the regulatory feature key and regulatory_class qualifier with the value "ribosome_binding_site" must be used for describing ribosome binding sites

(المعيار ST.26، المرفق الأول، القسم 5.12)

قيم المُعرِّفات

■ تقدم المُعرِّفات مزيداً من التعريف للسمات

■ تتألف المُعرِّفات من اسم المُعرِّف وقيمة المُعرِّف في أحيان كثيرة

```
<INSDQualifier>
  <INSDQualifier_name>transl_table</INSDQualifier_name>
  <INSDQualifier_value>12</INSDQualifier_value>
</INSDQualifier>
```

■ سيكون لكل مفتاح من مفاتيح السمات قائمة بالمُعرِّفات المسموح بها لتلك السمة. ولبعض مفاتيح السمات مُعرِّفات إلزامية.

■ ترد مفاتيح السمات ومُعرِّفاتها المسموح بها في القسم 5 (تسلسلات النوكليوتيدات) والقسم 7 (تسلسلات الأحماض الأمينية) من المرفق الأول للمعيار ST.26.

■ ترد المُعرِّفات الخاصة بتسلسلات النوكليوتيدات إلى جانب أوصافها في القسم 6 (تسلسلات النوكليوتيدات) والقسم 8 (تسلسلات الأحماض الأمينية) من المرفق الأول للمعيار ST.26.

قيم المُعرِّفات

6.3. Qualifier	bound_moiety
Definition	name of the molecule/complex that may bind to the given feature
Mandatory value format	free text Language-dependent: this value may require translation for National/Regional procedures
Example	<INSDQualifier_value>GAL4</INSDQualifier_value>
Comment	A single bound_moiety qualifier is permitted on the "misc_binding", "oriT" and "protein_bind" features.

6.22. Qualifier	gene
Definition	symbol of the gene corresponding to a sequence region
Mandatory value format	free text
Example	<INSDQualifier_value>ilvE</INSDQualifier_value>
Comment	Use gene qualifier to provide the gene symbol; use standard_name qualifier to provide the full gene name.

(المعيار ST.26، المرفق الأول، القسم 6.3 والقسم 6.22)

قيم المُعرِّفات

أنواع الأنساق

■ قيم المُعرِّفات لها أنواع أنساق متعددة:

1. مُعرِّفات ذات اختيارات قيم مُحدَّدة مسبقاً؛
 2. مُعرِّفات ذات نسق قيمة مُحدَّد؛
 3. مُعرِّفات تكون فيها القيمة عبارة عن تسلسل؛
 4. مُعرِّفات بدون قيمة؛
 5. مُعرِّفات ذات قيم "نص حر"
- توجد مجموعة فرعية من قيم المُعرِّفات ذات "النص الحر" تُصنَّف على أنها "معتمدة على اللغة"

قيم المُعرِّفات

أنواع الأنساق - اختيارات القيم المحددة مسبقاً

■ مُعرِّفات ذات اختيارات قيم مُحدَّدة مسبقاً

■ أمثلة:

“codon_start” – قد تكون القيم "1" أو "2" أو "3"

6.9.	Qualifier	codon_start
	Definition	indicates the offset at which the first complete codon of a coding feature can be found, relative to the first base of that feature.
	Mandatory value format	1 or 2 or 3
	Example	<INSDQualifier_value>2</INSDQualifier_value>

قيم المُعرِّفات

أنواع الأنساق - اختيارات القيم المحددة مسبقاً

■ أمثلة: المُعرِّف "rpt_type" له مجموعة محدودة من اختيارات القيم

6.60. Qualifier	rpt_type
Definition	structure and distribution of repeated sequence
Mandatory value format	One of the following controlled vocabulary terms or phrases: tandem direct inverted flanking nested terminal dispersed long_terminal_repeat non_ltr_retrotransposon_polymeric_tract centromeric_repeat telomeric_repeat x_element_combinatorial_repeat y_prime_element other
Example	<INSDQualifier_value>inverted</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>long_terminal_repeat</INSDQualifier_value>
Comment	Definitions of the values: tandem - a repeat that exists adjacent to another in the same orientation; direct - a repeat that exists not always adjacent but is in the same orientation; inverted - a repeat pair occurring in reverse orientation to one another on the same molecule;

قيم المُعرِّفات

أنواع الأنساق - اختيارات القيم المحددة مسبقاً

- فيما يخص المُعرِّفات ذات اختيارات القيم المُحدَّدة مسبقاً، ستقدم أداة الويبو للتسلسل جميع القيم المسموح بها في قائمة منسدلة جاهزة:

QUALIFIERS

Qualifier Name *	Qualifier Value
rpt_type	<ul style="list-style-type: none"> tandem direct inverted flanking nested terminal <li style="background-color: #007bff; color: white;">dispersed long_terminal_repeat non_ltr_retrotransposon_polymeric_tract centromeric_repeat telomeric_repeat x_element_combinatorial_repeat y_prime_element other

SEQUENCE

tgcggatatt	attcataagc	atgggcgctct	ggaagtgccg	ctgacggccc	agaagggcgt
cttactgtta	caagaagagt	atcatgacgc	gcatcatagc	cacttagacc	cgcacttatg
gttggcgccg	caaaatatca	ttgcocctgt	gcaaggattg	gataaacata	ctgctgagtt

180

قيم المُعرِّفات

أنواع الأنساق - نسق قيمة مُحدّد

■ مُعرِّفات ذات نسق قيمة مُحدّد

■ مثال: "anticodon" - يجب أن تكون القيمة بنسق

”(pos:<location>,aa:<amino_acid>,seq:<text>“

6.2.	Qualifier	anticodon
	Definition	location of the anticodon of tRNA and the amino acid for which it codes
	Mandatory value format	(pos:<location>,aa:<amino_acid>,seq:<text>) where <location> is the position of the anticodon and <amino_acid> is the three letter abbreviation for the amino acid encoded and <text> is the sequence of the anticodon
	Example	<pre><INSDQualifier_value>(pos:34..36,aa:Phe,seq:aaa)</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>(pos:join(5,495..496),aa:Leu,seq:taa)</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>(pos:complement(4156..4158),aa:Glu,seq:ttg)</INSDQualifier_value></pre>

قيم المُعرِّفات

أنواع الأنساق - التسلسلات

■ مُعرِّفات تكون فيها القيمة عبارة عن تسلسل

■ مثال: "translation" - يجب أن تكون القيمة عبارة عن تسلسل باستخدام اختصارات الأحماض الأمينية المكونة من حرف واحد

6.79. Qualifier	translation
Definition	one-letter abbreviated amino acid sequence derived from either the standard (or universal) genetic code or the table as specified in a transl_table qualifier and as determined by an exception in the transl_except qualifier
Mandatory value format	contiguous string of one-letter amino acid abbreviations from Section 3 of this Annex, "X" is to be used for AA exceptions.
Example	<INSDQualifier_value>MASTFPPWYRGCASTPSLKGLIMCTW</INSDQualifier_value>
Comment	to be used with CDS feature only; must be accompanied by protein_id qualifier when the translation product contains four or more specifically defined amino acids; see transl_table for definition and location of genetic code Tables; only one of the qualifiers translation, pseudo and pseudogene are permitted to further annotate a CDS feature.

قيم المُعرِّفات

أنواع الأنساق - التسلسلات

■ المُعرِّف "replace" - يمكن أن تكون القيمة عبارة عن بقية نوكلوتيدية مفردة، أو تسلسل بقايا، أو قيمة فارغة

■ تشير القيمة الفارغة للمُعرِّف "replace" إلى حذف البقية المُشار إليها في السمة المقابلة

6.57. Qualifier	replace
Definition	indicates that the sequence identified in a feature's location is replaced by the sequence shown in the qualifier's value; if no sequence (i.e., no value) is contained within the qualifier, this indicates a deletion
Mandatory value format	free text
Example	<INSDQualifier_value>a</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value></INSDQualifier_value> - for a deletion

قيم المُعرِّفات

أنواع الأنساق - التسلسلات

- المُعرِّف "replace" - يمكن أن تكون القيمة عبارة عن بقية نوكلوتيدية مفردة، أو تسلسل بقايا، أو قيمة فارغة
- تشير القيمة الفارغة للمُعرِّف "replace" إلى حذف البقية المُشار إليها في السمة المقابلة

6.57. Qualifier	replace
Definition	indicates that the sequence identified in a feature's location is replaced by the sequence shown in the qualifier's value; if no sequence (i.e., no value) is contained within the qualifier, this indicates a deletion
Mandatory value format	free text
Example	<pre><INSDQualifier value>a</INSDQualifier value></pre> <div style="border: 2px solid red; padding: 5px; display: inline-block;"> <pre><INSDQualifier_value></INSDQualifier_value> - for a deletion</pre> </div>

"قيمة فارغة"

قيم المُعرِّفات

أنواع الأنساق - بدون قيمة

■ مُعرِّفات بدون قيمة

■ أمثلة:

“environmental_sample” “germline” “macronuclear” “proviral”

6.51. Qualifier	proviral
Definition	this qualifier is used to flag sequence obtained from a virus or phage that is integrated into the genome of another organism
Value format	none

■ لن تسمح أداة الويبو للتسلسل بإضافة قيمة لمُعرِّفات بدون قيمة

■ يجب ألا تحتوي هذه المُعرِّفات على عنصر "INSDQualifier_value" فارغ

قيم المُعرِّفات

أنواع الأنساق - "نص حر"

- هناك مُعرِّفات كثيرة تتخذ قيمتها نسق "النص الحر"
- الفقرة 3(ن) من المعيار ST.26 تُعرِّف "النص الحر" بأنه «... نوع من أنساق قيم بعض المعرفات، ويرد في شكل عبارة نصية وصفية أو نسق محدد آخر (على النحو المُبيِّن في المرفق الأول)».
- قيم المُعرِّفات التي تكون بنسق النص الحر لا تزيد على 1000 حرف (الفقرة 86 من المعيار ST.26)
- هناك مجموعة فرعية من أنساق قيم المُعرِّفات ذات "النص الحر" تُعدّ "معتمدة على اللغة"
- النص الحر "المعتمد على اللغة" قد يلزم ترجمته من أجل الإجراءات الوطنية أو الإقليمية أو الدولية".
الفقرة 3(س) من المعيار ST.26

قيم المُعرِّفات

أنواع الأنساق - "نص حر"

■ قد يلزم ترجمة المُعرِّفات التي تكون قيمها عبارة عن "نص حر معتمد على اللغة"

■ كيف تحدد هل المُعرِّف الذي يكون نسق قيمته نصاً حراً يعتمد على اللغة أم لا؟

- يرد في الجدول 5 بالقسم 6 من المرفق الأول للمعيار ST.26 جميع مُعرِّفات التسلسلات النوكلويدية التي يكون نسق قيمها نصاً حراً يعتمد على اللغة
- يرد في الجدول 6 بالقسم 8 من المرفق الأول للمعيار ST.26 جميع مُعرِّفات تسلسلات الأحماض الأمينية التي يكون نسق قيمها نصاً حراً يعتمد على اللغة
- انظر إلى "نسق القيمة الإلزامية" في وصف المُعرِّف

6.5.	Qualifier	cell_type
	Definition	cell type from which the sequence was obtained
	Mandatory value format	free text Language-dependent: this value may require translation for National/Regional procedures
	Example	<INSDQualifier_value>leukocyte</INSDQualifier_value>

قيم المُعرِّفات

أنواع الأنساق - "نص حر"

6.20. Qualifier	frequency
Definition	frequency of the occurrence of a feature
Mandatory value format	free text representing the proportion of a population carrying the feature expressed as a fraction
Example	<pre><INSDQualifier_value>23/108</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>1 in 12</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>0.85</INSDQualifier_value></pre>
6.21. Qualifier	function
Definition	function attributed to a sequence
Mandatory value format	free text Language-dependent: this value may require translation for National/Regional procedures
Example	<pre><INSDQualifier_value>essential for recognition of cofactor </INSDQualifier_value></pre>
Comment	The function qualifier is used when the gene name and/or product name do not convey the function attributable to a sequence.

قيم المُعرِّفات

أنواع الأنساق - "نص حر يعتمد على اللغة"

- قيم المُعرِّفات ذات "النص الحر المعتمد على اللغة" يمكن كتابتها بلغتين في الكشف التسلسلي ذي النسق XML، هما: اللغة الإنكليزية ولغة أخرى غير الإنكليزية (المعيار ST.26، الفقرة 87)

قيم المُعرِّفات

أنواع الأنساق - "نص حر يعتمد على اللغة"

- قيم المُعرِّفات ذات "النص الحر المعتمد على اللغة" يمكن كتابتها بلغتين في الكشف التسلسلي ذي النسق XML، هما: اللغة الإنكليزية ولغة أخرى غير الإنكليزية (المعيار ST.26، الفقرة 87)
- إذا كانت قيمة المُعرِّف المعتمدة على اللغة مكتوبة باللغة الإنكليزية، فيجب أن ترد في عنصر INSDQualifier_value

قيم المُعرِّفات

أنواع الأنساق - "نص حر يعتمد على اللغة"

- قيم المُعرِّفات ذات "النص الحر المعتمد على اللغة" يمكن كتابتها بلغتين في الكشف التسلسلي ذي النسق XML، هما: اللغة الإنكليزية ولغة أخرى غير الإنكليزية (المعيار ST.26، الفقرة 87)
- إذا كانت قيمة المُعرِّف المعتمدة على اللغة مكتوبة باللغة الإنكليزية، فيجب أن ترد في عنصر INSDQualifier_value
- إذا كانت قيمة المُعرِّف المعتمدة على اللغة مكتوبة بأي لغة أخرى غير الإنكليزية، فيجب أن ترد في عنصر NonEnglishQualifier_value

قيم المُعرِّفات

أنواع الأنساق - "نص حر يعتمد على اللغة"

- قيم المُعرِّفات ذات "النص الحر المعتمد على اللغة" يمكن كتابتها بلغتين في الكشف التسلسلي ذي النسق XML، هما: اللغة الإنكليزية ولغة أخرى غير الإنكليزية (المعيار ST.26، الفقرة 87)
- إذا كانت قيمة المُعرِّف المعتمدة على اللغة مكتوبة باللغة الإنكليزية، فيجب أن ترد في عنصر INSDQualifier_value
- إذا كانت قيمة المُعرِّف المعتمدة على اللغة مكتوبة بأي لغة أخرى غير الإنكليزية، فيجب أن ترد في عنصر NonEnglishQualifier_value
- لا يُسمح بعنصر NonEnglishQualifier_value إلا للمُعرِّفات التي تكون قيمتها بنسق النص الحر المعتمد على اللغة (المعيار ST.26، الفقرة 87(ب))

قيم المُعرِّفات

أنواع الأنساق - "نص حر يعتمد على اللغة"

```

<SequenceData sequenceIDNumber="2">
  <INSDSeq>
    <INSDSeq_length>29</INSDSeq_length>
    <INSDSeq_moltype>AA</INSDSeq_moltype>
    <INSDSeq_division>PAT</INSDSeq_division>
    <INSDSeq_feature-table>
      <INSDFeature>
        <INSDFeature_key>SOURCE</INSDFeature_key>
        <INSDFeature_location>1..29</INSDFeature_location>
        <INSDFeature_qual>
          <INSDQualifier>
            <INSDQualifier_name>ORGANISM</INSDQualifier_name>
            <INSDQualifier_value>synthetic construct</INSDQualifier_value>
          </INSDQualifier>
          <INSDQualifier>
            <INSDQualifier_name>MOL_TYPE</INSDQualifier_name>
            <INSDQualifier_value>protein</INSDQualifier_value>
          </INSDQualifier>
          <INSDQualifier id="q1">
            <INSDQualifier_name>NOTE</INSDQualifier_name>
            <INSDQualifier_value>Synthetic peptide antigen fragment</INSDQualifier_value>
            <NonEnglishQualifier_value>Synthetisches Peptidantigenfragment</NonEnglishQualifier_value>
          </INSDQualifier>
        </INSDFeature_qual>
      </INSDFeature>
    </INSDSeq_feature-table>
    <INSDSeq_sequence>GSLSDVRKDVVEKRIDKALEAFKNKMDKEK</INSDSeq_sequence>
  </INSDSeq>
</SequenceData>
<SequenceData sequenceIDNumber="3">

```

قيم المُعرِّفات

أنواع الأنساق - "نص حر يعتمد على اللغة"

■ عندما يحتوي الكشف التسلسلي ذو النسق XML على قيم مُعرِّفات بلغة غير الإنكليزية:

1. يجب أن يحتوي العنصر الجذري للكشف التسلسلي ذي النسق XML على خاصية "nonEnglishFreeTextLanguageCode" مع اختصار رمز اللغة المناسب المكون من حرفين (المعيار ST.26، الفقرتان 43 و87((ب)؛

```
<ST26SequenceListing dtdVersion="V1_3" fileName="st26-annex-iii-sequence-listing-specimen.xml" softwareName="WIPO
Sequence" softwareVersion="1.0" productionDate="2022-01-01" originalFreeTextLanguageCode="de"
nonEnglishFreeTextLanguageCode="de">
```

قيم المُعرِّفات

أنواع الأنساق - "نص حر يعتمد على اللغة"

■ عندما يحتوي الكشف التسلسلي ذو النسق XML على قيم مُعرِّفات بلغة غير الإنكليزية:

1. يجب أن يحتوي العنصر الجذري للكشف التسلسلي ذي النسق XML على خاصية "nonEnglishFreeTextLanguageCode" مع اختصار رمز اللغة المناسب المكون من حرفين (المعيار ST.26، الفقرتان 43 و 87(ب))؛
2. جميع المُعرِّفات المعتمدة على اللغة في الكشف التسلسلي يجب أن تحتوي على قيم باللغة المُشار إليها في الخاصية "nonEnglishFreeTextLanguageCode"؛

قيم المُعرِّفات

أنواع الأنساق - "نص حر يعتمد على اللغة"

■ عندما يحتوي الكشف التسلسلي ذو النسق XML على قيم مُعرِّفات بلغة غير الإنكليزية:

1. يجب أن يحتوي العنصر الجذري للكشف التسلسلي ذي النسق XML على خاصية "nonEnglishFreeTextLanguageCode" مع اختصار رمز اللغة المناسب المكون من حرفين (المعيار ST.26، الفقرتان 43 و 87(ب))؛
2. جميع المُعرِّفات المعتمدة على اللغة في الكشف التسلسلي يجب أن تحتوي على قيم باللغة المُشار إليها في الخاصية "nonEnglishFreeTextLanguageCode"؛
3. إذا كان كلا العنصرين NonEnglishQualifier_value و INSDQualifier_value موجود لمُعرِّف واحد، فيجب أن تكون المعلومات الواردة في كلا العنصرين مكافئة (المعيار ST.26، الفقرة 87(ج)).

قيم المُعرِّفات

أنواع الأنساق - "نص حر يعتمد على اللغة"

■ ما هي خاصية "id" للعنصر INSDQualifier؟

■ تنص الفقرة 87(د) من المعيار ST.26 على ما يلي: "في حالة المُعرِّفات المعتمدة على اللغة، يجوز أن يحتوي العنصر *INSDQualifier* على خاصية "id" اختيارية. ويجب أن تكون قيمة هذه الخاصية عبارة عن حرف "q" متبوعاً بعدد صحيح موجب، مثل: "q23"، ويجب أن تكون قيمةً فريدةً لعنصر *INSDQualifier* واحد لا يشاركه فيها غيره، أي يجب استخدام قيمة الخاصية مرة واحدة فقط في ملف الكشف التسلسلي."

```
<INSDQualifier id="q2">
  <INSDQualifier_name>note</INSDQualifier_name>
  <INSDQualifier_value>common name: tomato</INSDQualifier_value>
  <NonEnglishQualifier_value>gemeinsamen Namen: Tomate</NonEnglishQualifier_value>
</INSDQualifier>
```


قيم المُعرِّفات

أنواع الأنساق - "نص حر يعتمد على اللغة"

■ خصائص "id" للعنصر INSDQualifier:

- تُحدّد بشكل فريد قيم المُعرِّفات التي قد تلزم ترجمتها من أجل التصدير إلى ملف XLIFF عن طريق أداة الويبو للتسلسل؛
- اختيارية؛
- لا يُسمح بها إلا للمُعرِّفات المعتمدة على اللغة؛
- يجب ألا تتكرر في الكشف التسلسلي؛
- تُضاف تلقائياً في ملف XML الذي تُنشئه أداة الويبو للتسلسل.

قيم المُعرِّفات

أنواع الأنساق - "نص حر يعتمد على اللغة"

■ الخاصية "originalFreeTextLanguageCode"

```
<ST26SequenceListing dtdVersion="V1_3" fileName="st26-annex-iii-sequence-listing-specimen.xml" softwareName="WIPO
Sequence" softwareVersion="1.0" productionDate="2022-01-01" originalFreeTextLanguageCode="de"
nonEnglishFreeTextLanguageCode="de">
```

■ الفقرة 43 من المعيار ST.26 تُعرِّف الخاصية "originalFreeTextLanguageCode" بأنها "رمز اللغة ... الذي يشير إلى اللغة الأصلية الوحيدة التي كُتبت بها المُعرِّفات ذات النصوص الحرة المعتمدة على اللغة".

■ هذه الخاصية اختيارية

حالات خاصة:

جزيئات الدنا/ الرنا الهجينة

يُوراسيل في الحمض النووي (الدنا)

وثيمين في الحمض النووي الريبي (الرنا)

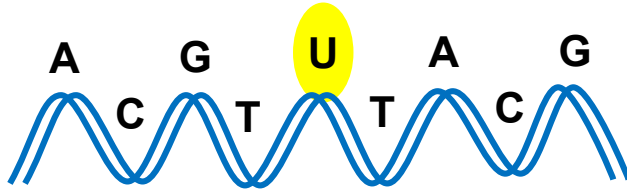
حالات خاصة

- تذكير: الرمز "u" الخاص باليُوراسيل غير مسموح به في المعيار ST.26
- "t" في الحمض النووي هو الثيمين
- "t" في الحمض النووي الريبي هو اليُوراسيل
- سيناريو هان ينبغي وضعهما في الاعتبار:
 1. جزيء حمض نووي مع قاعدة يُوراسيل أو جزيء حمض نووي ربيبي مع قاعدة ثيمين؛
 2. جزيء الدنا/ الرنا الهجين

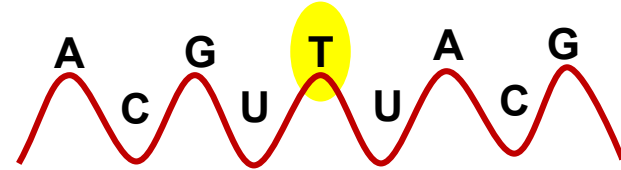
حالات خاصة

يُوراسيل في الحمض النووي وثيمين في الحمض النووي الريبسي

■ إذا كان التسلسل يحتوي على عمود فقري للدنا مع قاعدة يُوراسيل، أو عمود فقري للRNA مع قاعدة ثيمين، فيُوصف بأنه "نوكليو تيد مُعدّل"



الدنا



الRNA

تُطبَّق الفقرة 14 من المعيار ST.26:

“14. سَيُفسَّر الرمز "t" على أنه ثيمين في الحمض النووي (الدنا)، ويُوراسيل في الحمض النووي الريبسي (الRNA). ويُعتبر اليُوراسيل في الدنا أو الثيمين في الRNA **نوكليو تيداً معدّلاً** ويجب وصفه بمزيد من التفصيل في جدول السمات على النحو المنصوص عليه في الفقرة 19.”

حالات خاصة

تسلسلات الدنا والرنا

يكشف أحد الطلبات عن تسلسل الحمض النووي الريبي (الرنا) التالي:

5' -cgucccagugtccgaggua-3'

■ لاحظ أن "الثيمين" في الموضع 12. ويجب وصف هذه البقية بأنها نكليوتيد مُعدّل.

■ تنص الفقرة 19 من المعيار ST.26 على ما يلي: يُعتبر اليوراسيل الموجود في الحمض النووي (الدنا) أو الثيمين الموجود في الحمض النووي الريبي (الرنا) من النوكليوتيدات المُعدّلة، ويجب تمثيلهما في التسلسل بالرمز "t" ووصفهما في جدول السمات باستخدام مفتاح السمة "modified_base"، والمُعرّف "mod_base" بالقيمة "OTHER"، والمُعرّف "note" بالقيمة "uracil" أو "thymine" على التوالي.

حالات خاصة

تسلسلات الدنا والرنا

يكشف أحد الطلبات عن تسلسل الحمض النووي الريبي (الرنا) التالي:

5' -cgucccagugtccgaggua-3'

■ لاحظ أن "الثيمين" في الموضع 12. ويجب وصف هذه البقية بأنها نكليوتيد مُعدّل.

■ تنص الفقرة 19 من المعيار ST.26 على ما يلي: يُعتبر اليوراسيل الموجود في الحمض النووي (الدنا) أو الثيمين الموجود في الحمض النووي الريبي (الرنا) من النوكليوتيدات المُعدّلة، ويجب تمثيلهما في التسلسل بالرمز "t" ووصفهما في جدول السمات باستخدام مفتاح السمة "modified_base"، والمُعرّف "mod_base" بالقيمة "OTHER"، والمُعرّف "note" بالقيمة "uracil" أو "thymine" على التوالي.

حالات خاصة

تسلسلات الدنا والرنا

يكشف أحد الطلبات عن تسلسل الحمض النووي الريبي (الرنا) التالي:

5'-cgucccacgugtccgaggua-3'

يجب تمثيل جميع بقايا اليوراسيل بالرمز "t". ولذلك، يجب تمثيل التسلسل في الكشف التسلسلي على النحو الآتي: ✓

cgtccccacgtgtccgaggta

حالات خاصة

تسلسلات الدنا والرنا

يكشف أحد الطلبات عن تسلسل الحمض النووي الريبي (الرنا) التالي:

5'-cgucccacgugtccgaggua-3'

يجب تمثيل جميع بقايا اليوراسيل بالرمز "t". ولذلك، يجب تمثيل التسلسل في الكشف التسلسلي على النحو الآتي: ✓

cg^tcccacg^tg^tccgaggta

مفتاح السمة "modified_base" بالموقع "12" ✓

حالات خاصة

تسلسلات الدنا والرنا

يكشف أحد الطلبات عن تسلسل الحمض النووي الريبسي (الرنا) التالي:

5'-cgucccacgugtccgaggua-3'

يجب تمثيل جميع بقايا اليوراسيل بالرمز "t". ولذلك، يجب تمثيل التسلسل في الكشف التسلسلي على النحو الآتي: ✓

cgtccccacgtgtccgaggta

مفتاح السمة "modified_base" بالموقع "12" ✓

المُعَرَّف "mod_base" بالقيمة "OTHER" ✓

حالات خاصة

تسلسلات الدنا والرنا

يكشف أحد الطلبات عن تسلسل الحمض النووي الريبي (الرنا) التالي:

5'-cguccacgugtccgaggua-3'

✓ يجب تمثيل جميع بقايا اليوراسيل بالرمز "t". ولذلك، يجب تمثيل التسلسل في الكشف التسلسلي على النحو الآتي:

cgtcccacgugtccgaggta

✓ مفتاح السمة "modified_base" بالموقع "12"

✓ المُعرِّف "mod_base" بالقيمة "OTHER"

✓ المُعرِّف "note" بالقيمة "thymine"

حالات خاصة

تسلسلات الدنا والرنا

```

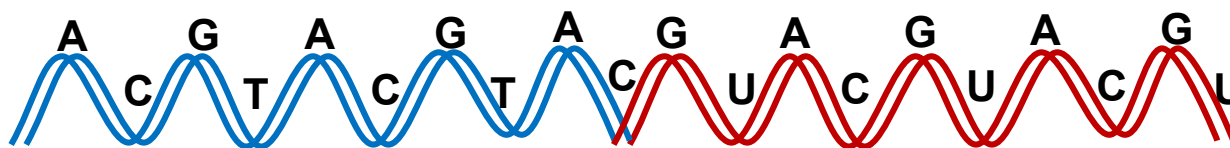
<SequenceData sequenceIDNumber="3">
  <INSDSeq>
    <INSDSeq_length>20</INSDSeq_length>
    <INSDSeq_moltype>RNA</INSDSeq_moltype>
    <INSDSeq_division>PAT</INSDSeq_division>
    <INSDSeq_feature-table>
      <INSDFeature>
        <INSDFeature_key>source</INSDFeature_key>
        <INSDFeature_location>1..20</INSDFeature_location>
        <INSDFeature_qual>
          <INSDQualifier>
            <INSDQualifier_name>mol_type</INSDQualifier_name>
            <INSDQualifier_value>other RNA</INSDQualifier_value>
          </INSDQualifier>
          <INSDQualifier id="q7">
            <INSDQualifier_name>organism</INSDQualifier_name>
            <INSDQualifier_value>synthetic construct</INSDQualifier_value>
          </INSDQualifier>
        </INSDFeature_qual>
      </INSDFeature>
      <INSDFeature>
        <INSDFeature_key>modified_base</INSDFeature_key>
        <INSDFeature_location>12</INSDFeature_location>
        <INSDFeature_qual>
          <INSDQualifier>
            <INSDQualifier_name>mod_base</INSDQualifier_name>
            <INSDQualifier_value>OTHER</INSDQualifier_value>
          </INSDQualifier>
          <INSDQualifier id="q8">
            <INSDQualifier_name>note</INSDQualifier_name>
            <INSDQualifier_value>thymine</INSDQualifier_value>
          </INSDQualifier>
        </INSDFeature_qual>
      </INSDFeature>
    </INSDSeq_feature-table>
    <INSDSeq_sequence>cggtcccacgtgtcgaggta</INSDSeq_sequence>
  </INSDSeq>
</SequenceData>

```

حالات خاصة

تسلسلات الدنا/ الرنا الهجينة

■ إذا كان التسلسل عبارة عن جزيء هجين، أي إذا كان جزء من العمود الفقري حمضاً نووياً، وجزء آخر حمضاً نووياً ريبياً:



جزء من حمض نووي ريبوي

جزء من حمض نووي

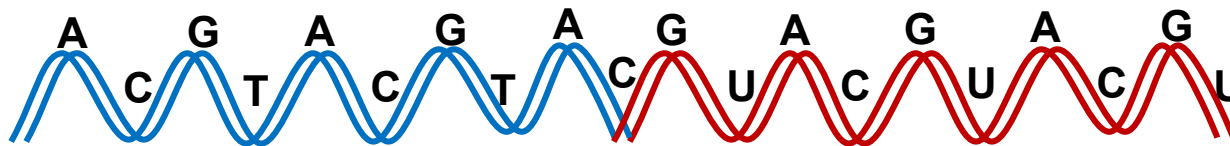
تُطبَّق الفقرة 55 من المعيار ST.26:

"55. إذا كان تسلسل النوكليوتيدات يحتوي على أجزاء حمض نووي (دنا) وحمض نووي ريبوي (رنا) لنوكليوتيد واحد أو أكثر، فيجب الإشارة إلى أن نوع الجزيء هو DNA. ويجب وصف جزيء الدنا/ الرنا المختلط في جدول السمات، باستخدام مفتاح السمة "source" والمُعَرَّف الإلزامي "organism" بالقيمة "synthetic construct" والمُعَرَّف الإلزامي "mol_type" بالقيمة "other DNA". ويجب وصف كل جزء من الدنا والرنا في جزيء الدنا/ الرنا المختلط باستخدام مفتاح السمة "misc_feature" والمُعَرَّف "note" الذي يحدد هل هذا الجزء عبارة عن دنا أم رنا."

حالات خاصة

تسلسلات الدنا/ الرنا الهجينة

■ إذا كان التسلسل عبارة عن جزيء هجين، أي إذا كان جزء من العمود الفقري حمضاً نووياً، وجزء آخر حمضاً نووياً ريبياً:



جزء من حمض نووي ريبوي

جزء من حمض نووي

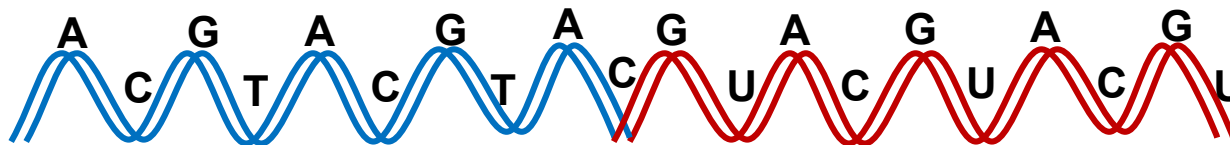
تُطبَّق الفقرة 55 من المعيار ST.26:

"55. إذا كان تسلسل النوكليوتيدات يحتوي على أجزاء حمض نووي (دنا) وحمض نووي ريبوي (رنا) لنوكليوتيد واحد أو أكثر، فيجب الإشارة إلى أن نوع الجزيء هو DNA. ويجب وصف جزيء الدنا/ الرنا المختلط في جدول السمات، باستخدام مفتاح السمة "source" والمُعرّف الإلزامي "organism" بالقيمة "synthetic construct" والمُعرّف الإلزامي "mol_type" بالقيمة "other DNA". ويجب وصف كل جزء من الدنا والرنا في جزيء الدنا/ الرنا المختلط باستخدام مفتاح السمة "misc_feature" والمُعرّف "note" الذي يحدد هل هذا الجزء عبارة عن دنا أم رنا."

حالات خاصة

تسلسلات الدنا/ الرنا الهجينة

■ إذا كان التسلسل عبارة عن جزيء هجين، أي إذا كان جزء من العمود الفقري حمضاً نووياً، وجزء آخر حمضاً نووياً ريبياً:



جزء من حمض نووي ريبوي

جزء من حمض نووي

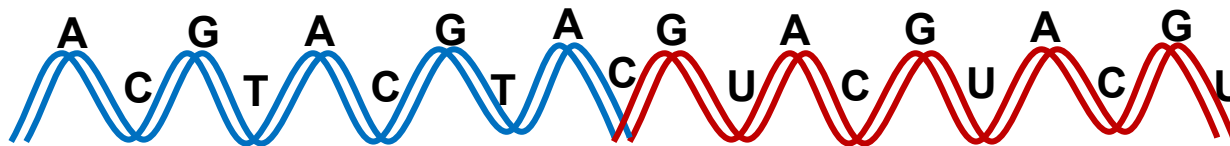
تُطبَّق الفقرة 55 من المعيار ST.26:

"55. إذا كان تسلسل النوكليوتيدات يحتوي على أجزاء حمض نووي (دنا) وحمض نووي ريبوي (رنا) لنوكليوتيد واحد أو أكثر، فيجب الإشارة إلى أن نوع الجزيء هو DNA. ويجب وصف جزيء الدنا/ الرنا المختلط في جدول السمات، باستخدام مفتاح السمة "source" والمُعرّف الإلزامي "organism" بالقيمة "synthetic construct" والمُعرّف الإلزامي "mol_type" بالقيمة "other DNA". ويجب وصف كل جزء من الدنا والرنا في جزيء الدنا/ الرنا المختلط باستخدام مفتاح السمة "misc_feature" والمُعرّف "note" الذي يحدد هل هذا الجزء عبارة عن دنا أم رنا."

حالات خاصة

تسلسلات الدنا/ الرنا الهجينة

■ إذا كان التسلسل عبارة عن جزيء هجين، أي إذا كان جزء من العمود الفقري حمضاً نووياً، وجزء آخر حمضاً نووياً ريبياً:



جزء من حمض نووي ريبوي

جزء من حمض نووي

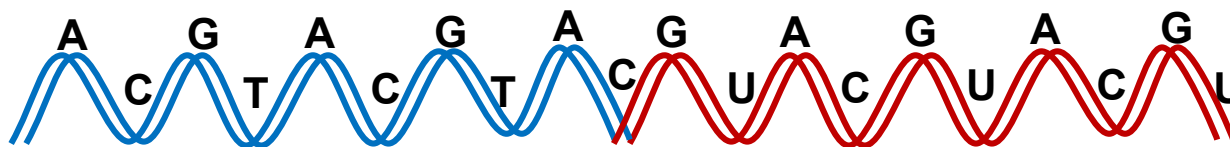
تُطبَّق الفقرة 55 من المعيار ST.26:

"55. إذا كان تسلسل النوكليوتيدات يحتوي على أجزاء حمض نووي (دنا) وحمض نووي ريبوي (رنا) لنوكليوتيد واحد أو أكثر، فيجب الإشارة إلى أن نوع الجزيء هو DNA. ويجب وصف جزيء الدنا/ الرنا المختلط في جدول السمات، باستخدام مفتاح السمة "source" والمُعَرَّف الإلزامي "organism" بالقيمة "synthetic construct" والمُعَرَّف الإلزامي "mol_type" بالقيمة "other DNA". ويجب وصف كل جزء من الدنا والرنا في جزيء الدنا/ الرنا المختلط باستخدام مفتاح السمة "misc_feature" والمُعَرَّف "note" الذي يحدد هل هذا الجزء عبارة عن دنا أم رنا."

حالات خاصة

تسلسلات الدنا/ الرنا الهجينة

■ إذا كان التسلسل عبارة عن جزيء هجين، أي إذا كان جزء من العمود الفقري حمضاً نووياً، وجزء آخر حمضاً نووياً ريبياً:



جزء من حمض نووي ريبوي

جزء من حمض نووي

تُطبَّق الفقرة 55 من المعيار ST.26:

"55. إذا كان تسلسل النوكليوتيدات يحتوي على أجزاء حمض نووي (دنا) وحمض نووي ريبوي (رنا) لنوكليوتيد واحد أو أكثر، فيجب الإشارة إلى أن نوع الجزيء هو DNA. ويجب وصف جزيء الدنا/ الرنا المختلط في جدول السمات، باستخدام مفتاح السمة "source" والمُعَرَّف الإلزامي "organism" بالقيمة "synthetic construct" والمُعَرَّف الإلزامي "mol_type" بالقيمة "other DNA". ويجب وصف كل جزء من الدنا والرنا في جزيء الدنا/ الرنا المختلط باستخدام مفتاح السمة "misc_feature" والمُعَرَّف "note" الذي يحدد هل هذا الجزء عبارة عن دنا أم رنا."

حالات خاصة

تسلسلات الدنا/ الرنا الهجينة

يكشف أحد الطلبات عن تسلسل الدنا/ الرنا الهجين التالي:

5' -ACCTGCcgucccacguguccgagguaGCATTA-3'

حيث تمثل الرموز ذات الأحرف الكبيرة جزء الحمض النووي، وتمثل الرموز ذات الأحرف الصغيرة جزء الحمض النووي الريبسي.

■ البقايا 6-1 و 32-27 هي حمض نووي، والبقايا 7-26 هي حمض نووي ريبسي

■ ينبغي وضع ما يلي في الاعتبار:

1. تعيين الكائن
2. نوع الجزيء و mol_type
3. تحديد أجزاء الحمض النووي والحمض النووي الريبسي

حالات خاصة

تسلسلات الدنا والرنا

يكشف أحد الطلبات عن تسلسل الدنا/ الرنا الهجين التالي:

5' -ACCTGCcgucccacguguccgagguaGCATTA-3'

حيث تمثل الرموز ذات الأحرف الكبيرة جزء الحمض النووي، وتمثل الرموز ذات الأحرف الصغيرة جزء الحمض النووي الريبسي.

■ تنص الفقرة 55 من المعيار ST.26 على ما يلي: "... يجب الإشارة إلى نوع الجزيء على أنه DNA. ويجب وصف جزيء الدنا/ الرنا المختلط في جدول السمات، باستخدام مفتاح السمة "source" والمُعَرَّف الإلزامي "organism" بالقيمة "synthetic construct" والمُعَرَّف الإلزامي "mol_type" بالقيمة "other DNA"."

✓ نوع الجزيء = "DNA"

✓ اسم كائن المُعَرَّف = "synthetic construct"

✓ المُعَرَّف "mol_type" = "other DNA"

حالات خاصة

تسلسلات الدنا والرنا

يكشف أحد الطلبات عن تسلسل الدنا/ الرنا الهجين التالي:

5' -ACCTGCcgucccacguguccgagguaGCATTA-3'

حيث تمثل الرموز ذات الأحرف الكبيرة جزء الحمض النووي، وتمثل الرموز ذات الأحرف الصغيرة جزء الحمض النووي الريبسي.

يجب تمثيل بقايا اليوراسيل بالرمز "t". ولذلك، يجب تمثيل التسلسل في الكشف التسلسلي على النحو الآتي: ✓

acctgccgtcccacgtgtccgaggtagcatta

حالات خاصة

تسلسلات الدنا والرنا

يكشف أحد الطلبات عن تسلسل الدنا/ الرنا الهجين التالي:

5' -ACCTGCcgucccacguguccgagguaGCATTA-3'

حيث تمثل الرموز ذات الأحرف الكبيرة جزء الحمض النووي، وتمثل الرموز ذات الأحرف الصغيرة جزء الحمض النووي الريبسي.

■ تنص الفقرة 55 من المعيار ST.26 على ما يلي: "يجب وصف كل جزء من الدنا والرنا في جزيء الدنا/ الرنا المختلط باستخدام مفتاح السمة "misc_feature" والمُعَرَّف "note" الذي يحدد هل هذا الجزء عبارة عن دنا أم رنا."

✓ ثلاثة أجزاء = ثلاثة مفاتيح للسمة "misc_feature"

حالات خاصة

تسلسلات الدنا والرنا

يكشف أحد الطلبات عن تسلسل الدنا/ الرنا الهجين التالي:

5' -ACCTGCcguccacguguccgagguaGCATTA-3'

حيث تمثل الرموز ذات الأحرف الكبيرة جزء الحمض النووي،
وتمثل الرموز ذات الأحرف الصغيرة جزء الحمض النووي
الريبسي.

الجزء 1، البقايا 1-6:

مفتاح السمة "misc_feature" بالموقع "6..1"
المُعَرَّف "note" بالقيمة "DNA"

الجزء 2، البقايا 7-26:

مفتاح السمة "misc_feature" بالموقع "26..7"
المُعَرَّف "note" بالقيمة "RNA"

الجزء 3، البقايا 27-32:

مفتاح السمة "misc_feature" بالموقع "32..27"
المُعَرَّف "note" بالقيمة "DNA"

حالات خاصة

تسلسلات الدنا والرنا

```

<SequenceData sequenceIDNumber="4">
  <INSDSeq>
    <INSDSeq_length>32</INSDSeq_length>
    <INSDSeq_moltype>DNA</INSDSeq_moltype>
    <INSDSeq_division>PAT</INSDSeq_division>
    <INSDSeq_feature-table>
      <INSDFeature>
        <INSDFeature_key>source</INSDFeature_key>
        <INSDFeature_location>1..32</INSDFeature_location>
        <INSDFeature_quals>
          <INSDQualifier>
            <INSDQualifier_name>mol_type</INSDQualifier_name>
            <INSDQualifier_value>other DNA</INSDQualifier_value>
          </INSDQualifier>
          <INSDQualifier id="q10">
            <INSDQualifier_name>organism</INSDQualifier_name>
            <INSDQualifier_value>synthetic construct</INSDQualifier_value>
          </INSDQualifier>
        </INSDFeature_quals>
      </INSDFeature>
    </INSDSeq_feature-table>
  </INSDSeq>
</SequenceData>

```

حالات خاصة

تسلسلات الدنا والرنا

الجزء 1 من الحمض النووي (الدنا)

الجزء 2 من الحمض النووي الريبي (الرنا)

الجزء 3 من الحمض النووي (الدنا)

```

<INSDFeature>
  <INSDFeature_key>misc_feature</INSDFeature_key>
  <INSDFeature_location>1..6</INSDFeature_location>
  <INSDFeature_qual>
    <INSDQualifier id="q11">
      <INSDQualifier_name>note</INSDQualifier_name>
      <INSDQualifier_value>DNA</INSDQualifier_value>
    </INSDQualifier>
  </INSDFeature_qual>
</INSDFeature>
<INSDFeature>
  <INSDFeature_key>misc_feature</INSDFeature_key>
  <INSDFeature_location>7..26</INSDFeature_location>
  <INSDFeature_qual>
    <INSDQualifier id="q12">
      <INSDQualifier_name>note</INSDQualifier_name>
      <INSDQualifier_value>RNA</INSDQualifier_value>
    </INSDQualifier>
  </INSDFeature_qual>
</INSDFeature>
<INSDFeature>
  <INSDFeature_key>misc_feature</INSDFeature_key>
  <INSDFeature_location>27..32</INSDFeature_location>
  <INSDFeature_qual>
    <INSDQualifier id="q13">
      <INSDQualifier_name>note</INSDQualifier_name>
      <INSDQualifier_value>DNA</INSDQualifier_value>
    </INSDQualifier>
  </INSDFeature_qual>
</INSDFeature>
/INSDSeq_feature-table>
INSDSeq_sequence>acctgccgtcccacgtgtccgaggtagcatta</INSDSeq_sequence>
</INSDSeq>
</SeqData>
</ST26SequenceListing>

```


هل لديكم أسئلة؟

نظائر النوكليوتيدات،
والأحماض الأمينية D،
والتسلسلات المتفرعة

أنواع الجزيئات الجديدة

نظائر النوكليوتيدات

- تسلسلات الأحماض النووية التي تحتوي على نظير واحد أو أكثر من نظائر النوكليوتيدات تخضع لقواعد المعيار ST.26
- ترد نظائر النوكليوتيدات في تعريف "النوكليوتيد" الوارد في الفقرة 3(ز)(2) من المعيار ST.26:

"نظير 2-ديوكسيريبوز 5-أحادي الفوسفات أو ريبوز 5-أحادي الفوسفات، الذي يُسفر، عند تكوين العمود الفقري لنظير الحمض النووي، عن ترتيب القواعد النووية الذي يحاكي ترتيب القواعد النووية في الأحماض النووية التي تحتوي على 2-ديوكسيريبوز 5-أحادي الفوسفات أو ريبوز 5-العمود الفقري لأحادي الفوسفات، حيث يكون نظير الحمض النووي قادراً على الاقتران القاعدي بحمض نووي مُكَمَّل"

- نظائر النوكليوتيدات الشائعة تشمل أحماض الببتيد النووية (PNAs)، وأحماض الغليكول النووية (GNAs)، وأحماض الثريوز النووية، والمورفولينوس
- يجب تمثيلها في الاتجاه من اليسار إلى اليمين الذي يحاكي الاتجاه من 5 إلى 3. (المعيار ST.26، الفقرة (11))

أنواع الجزيئات الجديدة

نظائر النوكليوتيدات

يكشف أحد طلبات البراءات عن التسلسل الآتي لحمض الغليكول النووي (GNA):

PO_4 -tagttcattgactaaggctccccattgact-OH

حيث تحاكي نهاية التسلسل PO_4 النهاية 5 لتسلسل الحمض النووي.

يجب إدراج هذا التسلسل في كشف تسلسلي



أنواع الجزيئات الجديدة

نظائر النوكليوتيدات

يكشف أحد طلبات البراءات عن التسلسل الآتي لحمض الغليكول النووي (GNA):

PO_4 -tagttcattgactaaggctccccattgact-OH

حيث تحاكي نهاية التسلسل PO_4 النهاية 5 لتسلسل الحمض النووي.

✓ يجب إدراج هذا التسلسل في كشف تسلسلي

✓ النهاية PO_4 تحاكي النهاية 5، ولذلك يجب تمثيل التسلسل في الاتجاه الموضَّح

أنواع الجزيئات الجديدة

نظائر النوكليوتيدات

يكشف أحد طلبات البراءات عن التسلسل الآتي لحمض الغليكول النووي (GNA):

PO₄-tagttcattgactaaggctccccattgact-OH

حيث تحاكي نهاية التسلسل PO₄ النهاية 5 لتسلسل الحمض النووي.

✓ يجب إدراج هذا التسلسل في كشف تسلسلي

✓ النهاية PO₄ تحاكي النهاية 5، ولذلك يجب تمثيل التسلسل في الاتجاه الموضَّح

✓ يجب تقديم شرح للتسلسل بأكمله باستخدام مفتاح السمة "modified_base"، والمُعَرَّف "mod_base" بالقيمة "OTHER"، والمُعَرَّف note الذي يتضمن الاسم الكامل غير المختصر للنوكليوتيدات المعدلة، مثل "أحماض الغليكول النووية"

أنواع الجزيئات الجديدة

نظائر النوكليوتيدات

```

- <INSDFeature>
  <INSDFeature_key>modified_base</INSDFeature_key>
  <INSDFeature_location>1..30</INSDFeature_location>
  - <INSDFeature_qual>
    - <INSDQualifier>
      <INSDQualifier_name>mod_base</INSDQualifier_name>
      <INSDQualifier_value>OTHER</INSDQualifier_value>
    </INSDQualifier>
    - <INSDQualifier>
      <INSDQualifier_name>note</INSDQualifier_name>
      <INSDQualifier_value>2,3-dihydroxypropyl nucleosides (glycol nucleic acids)</INSDQualifier_value>
    </INSDQualifier>
  </INSDFeature_qual>
</INSDFeature>
</INSDSeq_feature-table>
<INSDSeq_sequence>tagttcattgactaaggctccccattgact</INSDSeq_sequence>
</INSDSeq>

```

ملاحظة: توجد مناقشة مستفيضة لهذا المثال في معيار الويبو ST.26، المرفق السادس، المثال 3(ز)-4.

أنواع الجزيئات الجديدة

الأحماض الأمينية D

■ تسلسلات الأحماض الأمينية التي تحتوي على حمض واحد أو أكثر من الأحماض الأمينية D تخضع لقواعد المعيار ST.26

■ ترد الأحماض الأمينية D في تعريف "الحمض الأميني" الوارد في الفقرة 3(أ) من المعيار ST.26:

يُقصد "بالحمض الأميني" أي حمض أميني يمكن تمثيله باستخدام أي رمز من الرموز الواردة في المرفق الأول (انظر القسم 3، الجدول 3). وتشمل هذه الأحماض الأمينية، على سبيل المثال لا الحصر، الأحماض الأمينية D والأحماض الأمينية التي تحتوي على سلاسل جانبية معدلة أو تخليقية.

■ يجب تمثيل الأحماض الأمينية D في التسلسل برمز الحمض الأميني L المقابل غير المعدّل، إن أمكن

■ يجب وصفها في جدول السمات بأنها حمض أميني مُعدّل

أنواع الجزيئات الجديدة الأحماض الأمينية D

يصف أحد طلبات البراءات التسلسل الآتي:

D-Ala-D-Glu-Lys-Leu-Gly-D-Met

يجب إدراج هذا التسلسل في كشف تسلسلي ✓

أنواع الجزيئات الجديدة

الأحماض الأمينية D

يصف أحد طلبات البراءات التسلسل الآتي:

D-Ala-D-Glu-Lys-Leu-Gly-D-Met

✓ يجب إدراج هذا التسلسل في كشف تسلسلي

✓ ينبغي تمثيله على النحو الآتي: AGKLGGM

✓ يجب تقديم شرح لكل من الألانين في الموضع 1، وحمض الغلوتاميك في الموضع 2، والميثيونين في الموضع 6، وذلك باستخدام مفتاح السمة "SITE" والمُعَرَّف "NOTE" الذي يتضمن الاسم الكامل غير المختصر للحمض الأميني المقابل

أنواع الجزيئات الجديدة

الأحماض الأمينية D

```

- <INSDFeature>
  <INSDFeature_key>SITE</INSDFeature_key>
  <INSDFeature_location>1</INSDFeature_location>
  - <INSDFeature_qual>
    - <INSDQualifier id="q4">
      <INSDQualifier_name>NOTE</INSDQualifier_name>
      <INSDQualifier_value>D-alanine</INSDQualifier_value>
    </INSDQualifier>
  </INSDFeature_qual>
</INSDFeature>
- <INSDFeature>
  <INSDFeature_key>SITE</INSDFeature_key>
  <INSDFeature_location>2</INSDFeature_location>
  - <INSDFeature_qual>
    - <INSDQualifier id="q5">
      <INSDQualifier_name>NOTE</INSDQualifier_name>
      <INSDQualifier_value>D-glutamic acid</INSDQualifier_value>
    </INSDQualifier>
  </INSDFeature_qual>
</INSDFeature>
- <INSDFeature>
  <INSDFeature_key>SITE</INSDFeature_key>
  <INSDFeature_location>6</INSDFeature_location>
  - <INSDFeature_qual>
    - <INSDQualifier id="q6">
      <INSDQualifier_name>NOTE</INSDQualifier_name>
      <INSDQualifier_value>D-methionine</INSDQualifier_value>
    </INSDQualifier>
  </INSDFeature_qual>
</INSDFeature>
</INSDSeq_feature-table>
<INSDSeq_sequence>AEKLG</INSDSeq_sequence>

```

ملاحظة: توجد مناقشة مستفيضة لمثال مشابه في معيار الويبو ST.26، المرفق السادس، المثال 3(أ)-1.

أنواع الجزئيات الجديدة

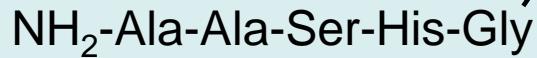
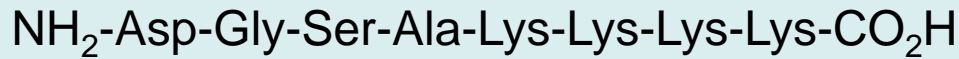
التسلسلات المتفرعة

- تخضع تسلسلات الأحماض النووية المتفرعة وتسلسلات الأحماض الأمينية المتفرعة لقواعد المعيار ST.26
- يجب إدراج المناطق الخطية للتسلسلات المتفرعة في الكشف التسلسلي عندما تحتوي على 10 أو أكثر من النوكليوتيدات المُحدَّدة صراحةً أو على 4 أو أكثر من الأحماض الأمينية المُحدَّدة صراحةً. (معياري الويبيو ST.26، الفقرة 7)
- كل منطقة خطية للتسلسل المتفرَّع تستوفي متطلبات الحد الأدنى للطول يجب إدراجها كتسلسل منفصل مع رقم SEQ ID الخاص بها
- يجب مراعاة عدد البقايا المُحدَّدة صراحةً في كل منطقة خطية فردية، وليس العدد الإجمالي للبقايا المحددة صراحةً في الهيكل

أنواع الجزيئات الجديدة

التسلسلات المتفرعة

يصف أحد طلبات البراءات أحد البيبتيدات بالتسلسل الآتي:



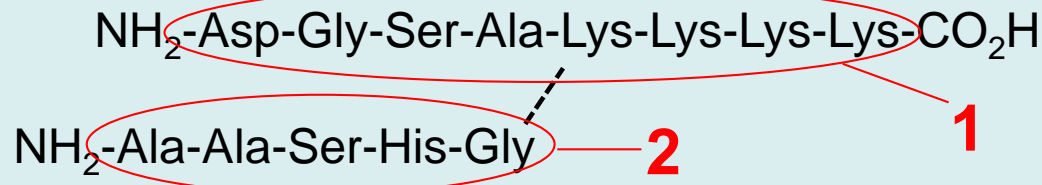
حيث يشير ----- إلى رابطة أميد بين نهاية الغليسين الكربوكسية وسلسلة الليزين الجانبية

✓ تحتوي كلتا المنطقتين الخطيتين على $4 \leq$ أحماض أمينية مُحدَّدة صراحةً، ولذلك يجب إدراج كليهما في كشف تسلسلي

أنواع الجزيئات الجديدة

التسلسلات المتفرعة

يصف أحد طلبات البراءات أحد البيبتيدات بالتسلسل الآتي:



حيث يشير إلى رابطة أميد بين نهاية الغليسين الكربوكسية وسلسلة الليزين الجانبية--

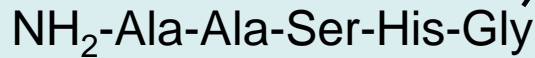
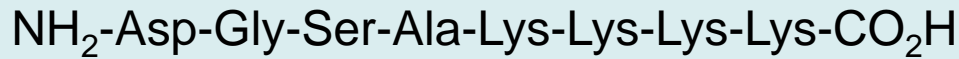
✓ تحتوي كلتا المنطقتين الخطيتين على $4 \leq$ أحماض أمينية مُحدَّدة صراحةً، ولذلك يجب إدراج كليهما في كشف تسلسلي

✓ يجب إدراج كل منطقة خطية كتسلسل منفصل برقم SEQ ID الخاص به

أنواع الجزيئات الجديدة

التسلسلات المتفرعة

يصف أحد طلبات البراءات أحد البيبتيدات بالتسلسل الآتي:



حيث يشير----- إلى رابطة أميد بين نهاية الغليسين الكربوكسية وسلسلة الليزين الجانبية

تحتوي كلتا المنطقتين الخطيتين على $4 \leq$ أحماض أمينية مُحدَّدة صراحةً، ولذلك يجب إدراج كليهما في كشف تسلسلي ✓

يجب إدراج كل منطقة خطية كتسلسل منفصل برقم SEQ ID الخاص به ✓

ينبغي تقديم شرح لكلا التسلسلين من أجل الإشارة إلى موقع وطبيعة رابطة الأميد ✓

أنواع الجزيئات الجديدة

التسلسلات المتفرعة

1

```

- <INSDFeature>
  <INSDFeature_key>SITE</INSDFeature_key>
  <INSDFeature_location>5</INSDFeature_location>
  - <INSDFeature_qual>
    - <INSDQualifier id="q4">
      <INSDQualifier_name>NOTE</INSDQualifier_name>
      <INSDQualifier_value>Lysine side chain is amide bonded to the carboxy
        terminus of the glycine in SEQ ID NO:2</INSDQualifier_value>
    </INSDQualifier>
  </INSDFeature_qual>
</INSDFeature>
</INSDSeq_feature-table>
<INSDSeq_sequence>DGS AKKKK</INSDSeq_sequence>

```

2

```

- <INSDFeature>
  <INSDFeature_key>SITE</INSDFeature_key>
  <INSDFeature_location>5</INSDFeature_location>
  - <INSDFeature_qual>
    - <INSDQualifier id="q11">
      <INSDQualifier_name>NOTE</INSDQualifier_name>
      <INSDQualifier_value>glycine carboxy terminus is amide bonded to the side
        chain of the lysine in SEQ ID NO:1, position 5</INSDQualifier_value>
    </INSDQualifier>
  </INSDFeature_qual>
</INSDFeature>
</INSDSeq_feature-table>
<INSDSeq_sequence>AASHG</INSDSeq_sequence>

```

ملاحظة: توجد مناقشة مستفيضة لمثال مشابه في معيار الويبو ST.26، المرفق السادس، المثال 7 (ب)-3.

متغيرات التسلسلات

متغيرات التسلسلات

■ الفقرة 3(م) من المعيار ST.26 تُعرِّف "التسلسل المغاير" بأنه

"تسلسل نوكلبيوتيد أو حمض أميني يتضمن اختلافاً واحداً أو أكثر عن التسلسل الأولي. وقد تشمل هذه الاختلافات بقايا بديلة (انظر الفقرتين 15 و 27)، وبقايا مُعدّلة (انظر الفقرات 3(ز) و 3(ح) و 16 و 29)، وحالات حذف أو إضافة أو استبدال. انظر الفقرات من 93 إلى 95."

■ طريقة الكشف عن التسلسل المغاير ستُحدّد كيف يجب تمثيله في الكشف التسلسلي.

■ الفقرات 93 و 94 و 95 من المعيار ST.26 تنظم كيفية تمثيل المتغيرات.

متغيرات التسلسلات

الفقرة 93

الفقرة 93: التسلسل الأولي وأي متغير لذلك التسلسل، إذا كان قد كُشف عن كل منهما عن طريق سرد البقايا الخاص به وكانا مشمولين بالفقرة 7، فيجب أن يُدرَج كل منهما في الكشف التسلسلي وأن يُخصَّص لكل منهما رقم تعريف التسلسل الخاص به.

في حالة سرد كل شكل مغاير بشكل منفصل، فيجب أن يكون لكل شكل مغاير رقم SEQ ID خاص به!



متغيرات التسلسلات

الفقرة 93

يتضمن أحد طلبات البراءات شكلاً به المحاذاة التالية المتعددة التسلسلات:

LEG n EQFINA ak IRHP k nrk TL n NDI m LIK	توافقي
LEGNEQFINAAKIIRHPQYDRKTLNNDIMLIK	الإنسان العاقل
LEGNEQFINAAKIIRHPQYDRKTVNNDIMLIK	إنسان الغاب السومطري
LEGNEQFINAAKIIRHPKYNRITLNNDIMLIK	قرد البونوبو
LEGNEQFINATKIIRHPKYNNGNTLNNDIMLIK	القرود الأسود الأفطس الأنف
LEGNEQFINATQIIRHPKYNNGNTLNNDIMLIK	القرود الذهبي الأفطس الأنف

الأحرف الصغيرة تمثل بقايا الأحماض الأمينية السائدة بين التسلسلات المتحاذية.

كل تسلسل من التسلسلات الستة المذكورة يجب إدراجه في الكشف التسلسلي كتسلسل منفصل برقم SEQ ID خاص به. ✓

ملاحظة: توجد مناقشة مستفيضة لمثال مشابه في معيار الويبو ST.26، المرفق السادس، المثال 3-93.

متغيرات التسلسلات

الشرح المناسب

■ مفتاح السمة المناسب لشرح المتغير يتوقف على نوع الجزيء وطبيعة الاختلاف:

Type of sequence	Feature Key	Qualifier	Use
Nucleic acid	variation	replace or note	Naturally occurring mutations and polymorphisms, e.g., alleles, RFLPs.
Nucleic acid	misc_difference	replace or note	Variability introduced artificially, e.g., by genetic manipulation or by chemical synthesis.
Amino acid	VAR_SEQ	NOTE	Variant produced by alternative splicing, alternative promoter usage, alternative initiation and ribosomal frameshifting.
Amino acid	VARIANT	NOTE	Any type of variant for which VAR_SEQ is not applicable.

معييار الويبو ST.26، الفقرة 96

متغيرات التسلسلات

رمز الالتباس الأكثر تقييداً

■ تنص الفقرتان 15 و 27 من المعيار ST.26 على أن رمز الالتباس حينما يكون مطلوباً، "ينبغي استخدام الرمز الأكثر تقييداً..."

ماذا يعني ذلك؟

على سبيل المثال:

في تسلسل النوكليوتيد، إذا كان الموضع يمكن أن يكون "a" أو "c"، فاستخدم رمز الالتباس "m" بدلاً من "n".

في تسلسل الحمض الأميني، إذا كان الموضع يمكن أن يكون "L" أو "I"، فاستخدم رمز الالتباس "J" بدلاً من "X".

تذكر أن "n" و "X" لهما قيمتان افتراضيتان، ولذلك كلما استخدم "n" أو "X" لشيء آخر غير القيمة الافتراضية، يجب تقديم شرح توضيحي.

متغيرات التسلسلات

الفقرة 94

الفقرة 94: أي تسلسل متغير، كُشف عنه كتسلسل واحد مع سرد بقايا بديلة في موقع واحد أو أكثر، يجب إدراجه في الكشف التسلسلي، وينبغي تمثيله بتسلسل واحد تُمثل فيه البقايا البديلة المذكورة برمز الالتباس الأكثر تقييداً (انظر الفقرتين 15 و 27).

إذا كانت المتغيرات غير مسرودة بشكل منفصل، ولكنها معروضة فحسب كبقايا متغيرة في التسلسل الأولي، فلا يلزم أن يكون لها رقم SEQ ID منفصل!



متغيرات التسلسلات

الفقرة 94

يكشف أحد طلبات البراءات عن بيتيد بالتسلسل الآتي:

Gly-Gly-Gly-[Leu or Ile]-Ala-Thr-[Ser or Thr]

✓ يجوز إدراجه في الكشف التسلسلي كتسلسل وحيد

✓ التمثيل المفضل لهذا التسلسل هو: GGGJATX

✓ ينبغي تمثيل [Leu أو Ile] برمز الالتباس الأكثر تقييداً "J"

✓ ينبغي تمثيل [Ser أو Thr] بالرمز "X" إلى جانب مفتاح السمة "VARIANT" مع المُعرّف note الذي يشير إلى أن X هو حمض السيرين أو الثريونين

متغيرات التسلسلات

الفقرة 95

الفقرة 95: أي تسلسل مغاير، لم يُكشف عنه إلا بالإشارة إلى حالة واحدة أو أكثر من حالات الحذف أو الإدراج أو الاستبدال في تسلسل أولي في الكشف التسلسلي، ينبغي إدراجه في الكشف التسلسلي. وفي حالة إدراجه في الكشف التسلسلي، فإن التسلسل المغاير:

- (أ) يجوز تمثيله من خلال شرح توضيحي للتسلسل الأولي، إذا كان يحتوي على اختلاف (اختلافات) في موقع واحد أو مواقع مميزة متعددة ويكون حدوث تلك الاختلافات مستقلاً؛
- (ب) وينبغي تمثيله كتسلسل منفصل وتخصيص رقم تعريفي خاص به، إذا كان يحتوي على اختلافات في مواقع مميزة متعددة ويكون حدوث تلك الاختلافات معتمداً على غيره؛
- (ج) ويجب تمثيله كتسلسل منفصل وتخصيص رقم تعريفي خاص به، إذا كان يحتوي على تسلسل مُدرج أو مُستبدل يتضمن ما يزيد على 1000 بقية (انظر الفقرة 86).

"الإشارة إلى حالة واحدة أو أكثر من حالات الحذف أو الإضافة أو الاستبدال" تعني أن المتغيرات كُشف عنها نثراً.



متغيرات التسلسلات

الفقرة 95(أ)

يكشف أحد الطلبات عمّا يأتي:

الجزء 1 من الببتيد: Gly-Leu-Pro-Xaa-Arg-Ile-Cys
حيث Xaa هو أي حمض أميني

* * *

... في تجسيد آخر، الجزء 1 من الببتيد هو Gly-Leu-Pro-Xaa-Arg-Ile-Cys حيث يمكن أن يكون Xaa هو Val أو Thr أو Asp.....

* * *

... في تجسيد آخر، الجزء 1 من الببتيد هو Gly-Leu-Pro-Xaa-Arg-Ile-Cys حيث يمكن أن يكون Xaa هو Val.....

يحتوي التسلسل الأولي، Gly-Leu-Pro-Xaa-Arg-Ile-Cys، على اختلاف واحد أو أكثر في موقع واحد، ويكون حدوث تلك الاختلافات مستقلاً

متغيرات التسلسلات

الفقرة 95(أ)

✓ يجب إدراج التسلسل الأولي في الكشف التسلسلي، ويجوز تمثيل المتغيرات من خلال شرح توضيحي للتسلسل الأولي

✓ يجب أن يكون التجسيد الأكثر شمولاً هو النسخة الواردة في الكشف التسلسلي - في هذا المثال، هي النسخة التي يكون فيها Xaa هو "أي حمض أميني"

✓ يجب تمثيل التسلسل على النحو الآتي: GLPXRIC، ويتطلب التسلسل مفتاح السمة "VARIANT" في الموضع 4 والمُعَرَّف "note" الذي يشير إلى أن Xaa هو "أي حمض أميني"

✓ يُوصى بإدراج المتغيرات الثلاثة التالية في الكشف التسلسلي كتسلسلات منفصلة، ولكن ذلك ليس إلزامياً:

GLPVRIC

GLPTRIC

GLPDRIC

متغيرات التسلسلات

الفقرة 95(ب)

يصف أحد طلبات البراءات التسلسل التوافقي الآتي:

$$aatgn_1cccacgaatgn_2cac$$

حيث يمكن أن يكون n_1 و n_2 هو a أو t أو g أو c .

ويُفصح عن عدة تسلسلات مغايرة على النحو التالي:

إذا كان n_1 هو a ، فإن n_2 هو t أو g أو c

إذا كان n_1 هو t ، فإن n_2 هو a أو g أو c

إذا كان n_1 هو g ، فإن n_2 هو t أو a أو c

إذا كان n_1 هو c ، فإن n_2 هو t أو g أو a

يحتوي التسلسل التوافقي على اختلافات في عدة مواقع مختلفة، ويكون حدوث تلك الاختلافات معتمداً على غيره

متغيرات التسلسلات

الفقرة 95(ب)

✓ يجب إدراج التسلسل التوافقي في الكشف التسلسلي، وينبغي تمثيل المتغيرات في شكل تسلسلات منفصلة

✓ يجب أن يكون التجسيد الأكثر شمولاً هو النسخة الواردة في الكشف التسلسلي: حيث n_1 و n_2 "يمكن أن يكون a أو t أو g أو c"

✓ يجب تمثيل التسلسل على النحو التالي: `aatgncccacgaatgncac`

✓ لا يلزم وجود شرح توضيحي للرمز n، لأن "n" يُفسَّر على أنه "a" أو "c" أو "g" أو "t" في حالة عدم وجود مفتاح للسمة (انظر الفقرة 15 من المعيار ST.26)

✓ يُوصى بشدة بإدراج المتغيرات الأربعة التالية في الكشف التسلسلي كتسلسلات منفصلة، ولكن ذلك ليس إلزامياً:

(c أو g أو t = b)

`aatgacccacgaatgbcac`

(c أو g أو a = v)

`aatgttcccacgaatgvcac`

(c أو a أو t = h)

`aatggcccacgaatghcac`

(a أو g أو t = d)

`aatgccccacgaatgdcac`

متغيرات التسلسلات

الفقرة 95(ج)

يكشف أحد الطلبات عمّا يأتي:

... -Met-Gly-Leu-Pro-Arg-Xaa-Arg-Ile-Cys-Lys- ...

حيث Xaa هو Gly أو إضافة للتسلسل

Cys-Tyr-Ile-Lys-Ser-(1000 amino acids)-Leu-Thr-Pro-Lys

يحتوي تسلسل متغير واحد على تسلسل مُدرج أو مُستبدل يزيد على 1000 بقية

متغيرات التسلسلات

الفقرة 95(ج)

التسلسل المتغير الذي يكون فيه Xaa = إضافة لأكثر من 1000 بقية يجب إدراجه في الكشف التسلسلي كتسلسل منفصل برقم SEQ ID خاص به. ✓

التسلسل المتغير الذي يكون فيه Xaa = Gly سيُدرج أيضاً في الكشف التسلسلي كتسلسل منفصل برقم SEQ ID خاص به. ✓

...-MGLPRGRICK-...

متغيرات التسلسلات

س: ما الفقرة التي تنطبق على الكشف الآتي؟

G-L-P-T-R-I-C- [L or I]-A-V- [G or A]

متغيرات التسلسلات

س: ما الفقرة التي تنطبق على الكشف الآتي؟

G-L-P-T-R-I-C- [L or I]-A-V- [G or A]

ج: الفقرة 94:

"أي تسلسل متغير، كُشف عنه كتسلسل واحد مع سرد بقايا بديلة في موقع واحد أو أكثر، يجب إدراجه في الكشف التسلسلي، وينبغي تمثيله بتسلسل واحد تُمثل فيه البقايا البديلة المذكورة برمز الالتباس الأكثر تقييداً."

متغيرات التسلسلات

س: ما الفقرة التي تنطبق على الكشف الآتي؟

Position	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Sequence	A	V	L	T	Y	L	R	G	E
Variant 1									A
Variant 2			P			P			
Variant 3			A	I	G	Y			
Variant 4							-		

تشير المساحة الفارغة في الجدول إلى أن الحمض الأميني في المتغير هو نفس الحمض الأميني المقابل في "التسلسل"، وتشير علامة "-" إلى حذف الحمض الأميني المقابل في "التسلسل".

متغيرات التسلسلات

س: ما الفقرة التي تنطبق على الكشف الآتي؟

Position	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Sequence	A	V	L	T	Y	L	R	G	E
Variant 1									A
Variant 2			P			P			
Variant 3			A	I	G	Y			
Variant 4							-		

تشير المساحة الفارغة في الجدول إلى أن الحمض الأميني في المتغير هو نفس الحمض الأميني المقابل في "التسلسل"، وتشير علامة "-" إلى حذف الحمض الأميني المقابل في "التسلسل".

ج: الفقرة 93

"التسلسل الأولي وأي متغير لذلك التسلسل، إذا كان قد كُشف عن كل منهما عن طريق سرد البقايا الخاص به وكانا مشمولين بالفقرة 7، فيجب أن يُدرج كل منهما في الكشف التسلسلي وأن يُخصَّص لكل منهما رقم تعريف التسلسل الخاص به."

متغيرات التسلسلات

س: ما الفقرة التي تنطبق على الكشف الآتي؟

شكل يكشف عن التسلسل التالي:

(التسلسل 1) Met-Gly-Ala-Ile-Pro-Asp-Val-Lys-Arg-Ala-Cys-Trp

تحتوي المواصفات على المعلومات التالية بشأن التسلسل 1:

... في بعض التجسيديات، يُستعاض عن الفالين في الموضع 7 من التسلسل 1 بالألانين ...

متغيرات التسلسلات

س: ما الفقرة التي تنطبق على الكشف الآتي؟

شكل يكشف عن التسلسل التالي:

(التسلسل 1) Met-Gly-Ala-Ile-Pro-Asp-Val-Lys-Arg-Ala-Cys-Trp

تحتوي المواصفات على المعلومات التالية بشأن التسلسل 1:

... في بعض التجسيديات، يُستعاض عن الفالين في الموضع 7 من التسلسل 1 بالألانين ...

ج: الفقرة 95(أ): "أي تسلسل مغاير، لم يُكشف عنه إلا بالإشارة إلى حالة واحدة أو أكثر من حالات الحذف أو الإدراج أو الاستبدال في تسلسل أولي في الكشف التسلسلي، ينبغي إدراجه في الكشف التسلسلي. وفي حالة إدراجه في الكشف التسلسلي، فإن التسلسل المغاير:

(أ) يجوز تمثيله من خلال شرح توضيحي للتسلسل الأولي، إذا كان يحتوي على اختلاف (اختلافات) في موقع واحد أو مواقع مميزة متعددة ويكون حدوث تلك الاختلافات مستقلاً؛"

متغيرات التسلسلات

س: ما الفقرة التي تنطبق على الكشف الآتي؟

شكل يكشف عن التسلسل التالي:

(التسلسل 1) Met-Gly-Ala-Ile-Pro-Asp-Val-Lys-Arg-Ala-Cys-Trp

تحتوي المواصفات على المعلومات التالية بشأن التسلسل 1:

... في حالة الاستعاضة عن الفالين في الموضع 7 من التسلسل 1 بالألانين، يُستعاض عن الألانين في الموضع 10 بالفالين

متغيرات التسلسلات

س: ما الفقرة التي تنطبق على الكشف الآتي؟

شكل يكشف عن التسلسل التالي:

(التسلسل 1) Met-Gly-Ala-Ile-Pro-Asp-Val-Lys-Arg-Ala-Cys-Trp

تحتوي المواصفات على المعلومات التالية بشأن التسلسل 1:

... في حالة الاستعاضة عن الفالين في الموضع 7 من التسلسل 1 بالألانين، يُستعاض عن الألانين في الموضع 10 بالفالين

ج: الفقرة 95(ب): أي تسلسل مغاير، لم يُكشف عنه إلا بالإشارة إلى حالة واحدة أو أكثر من حالات الحذف أو الإدراج أو الاستبدال في تسلسل أولي في الكشف التسلسلي، ينبغي إدراجه في الكشف التسلسلي. وفي حالة إدراجه في الكشف التسلسلي، فإن التسلسل المغاير:

(ب) ينبغي تمثيله كتسلسل منفصل وتخصيص رقم تعريفي خاص به، إذا كان يحتوي على اختلافات في مواقع مميزة متعددة ويكون حدوث تلك الاختلافات معتمداً على غيره؛

هل لديكم أسئلة؟