



# WIPO Sequence, versão 2.3.0

## Manual do Usuário

*O objetivo deste documento é fornecer instruções aos usuários sobre como executar operações básicas com o aplicativo WIPO Sequence para computadores. Tipicamente, os usuários são requerentes de patentes ou seus representantes desejando submeter um pedido de patente que inclui uma listagem de sequências.*

---

# WIPO SEQUENCE, versão 2.3.0

## MANUAL DO USUÁRIO

### Índice

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO</b>	<b>5</b>
	<b>VISÃO GERAL</b>	<b>5</b>
	<b>REQUISITOS DO SISTEMA</b>	<b>5</b>
	Instalação	6
	Desinstalação	7
	Processo de atualização automática	8
<b>2</b>	<b>FUNCIONALIDADES DA FERRAMENTA</b>	<b>9</b>
<b>3</b>	<b>VISÃO GERAL DA FERRAMENTA</b>	<b>13</b>
	<b>ELEMENTOS PRINCIPAIS DA FERRAMENTA</b>	<b>13</b>
	Vista 14	
	Seções 14	
	Sobreposição	14
	Tabelas 15	
	Painéis de visualização	16
	Painel de edição	16
	Seletor de data	17
	Leitor de PDF	18
	Navegação por teclado	18
	<b>VISTA DA PÁGINA PRINCIPAL DE PROJETOS</b>	<b>20</b>
	<b>PÁGINA DE PROJETOS</b>	<b>21</b>
	<b>DETALHES DO PROJETO</b>	<b>23</b>

---

Informações básicas	23
<b>AJUDA 24</b>	
<b>PREFERÊNCIAS</b>	<b>25</b>
<b>4 FUNCIONALIDADES DA FERRAMENTA</b>	<b>26</b>
<b>PÁGINA PRINCIPAL DE PROJETOS</b>	<b>26</b>
Criar um projeto	26
Importar um projeto	27
Importar uma listagem de sequências	30
Validar uma listagem de sequências	34
Excluir projeto	37
<b>PESSOAS E ORGANIZAÇÕES</b>	<b>38</b>
Criar uma pessoa ou organização	38
<b>ORGANISMOS PERSONALIZADOS</b>	<b>39</b>
Criar um organismo personalizado	39
Exportar organismos personalizados	39
Importar organismos personalizados	41
<b>PREFERÊNCIAS DO SISTEMA</b>	<b>42</b>
<b>DETALHES DO PROJETO</b>	<b>45</b>
Imprimir um projeto	45
Exportar um projeto	46
Importar informações de outro projeto	47
Validar um projeto	49
Gerar uma listagem de sequências	52
Informações gerais	53
Sequências	58
<b>RELATÓRIO DE IMPORTAÇÃO</b>	<b>89</b>
Tabela do relatório de importação	90

---

Tabela dos dados modificados	91
<b>VISUALIZAR A LISTAGEM DE SEQUÊNCIAS</b>	<b>92</b>
<b>5 FORMATOS DE ARQUIVO</b>	<b>96</b>
ST.25	96
<b>MULTI-SEQUÊNCIAS</b>	<b>96</b>
RAW	96
<b>FASTA</b>	<b>97</b>
ARQUIVO FASTA COM UMA SEQUÊNCIA	97

# 1 INTRODUÇÃO

## VISÃO GERAL

WIPO Sequence é uma ferramenta para computadores que permite a um usuário:

- (i) criar/editar uma listagem de sequências no formato XML em conformidade com a norma ST.26 da OMPI**
- (ii) verificar a conformidade de uma listagem de sequências no formato XML com os requisitos da norma ST.26 da OMPI.**

A norma ST.26 da OMPI pode ser encontrada em:

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

Este documento descreve como um requerente ou um representante de um requerente pode usar WIPO Sequence. Uma lista das funcionalidades da ferramenta se encontra na seção 2 deste documento.

## REQUISITOS DO SISTEMA

A ferramenta WIPO Sequence foi desenvolvida para ser compatível com os seguintes sistemas operacionais:

- Windows 10, versão 1803 (versões de 32 e 64 bits)
- Linux: Ubuntu, versão 18.04 e CentOS 7, versão 1804
- MacOs, versão 10.13 (versão de 64 bits)

Além das versões acima, é também compatível com os seguintes sistemas operacionais:

- Windows 7 e superiores (tanto 32 quanto 64 bits)
- Ubuntu, versões 12.04 e superiores
- MacOs, versão 10.9 (versão de 64 bits)

A ferramenta WIPO Sequence requer as seguintes especificações mínimas de hardware:

- CPU: 1,6 GHz
- RAM: 4 Gb
- Espaço disponível no disco rígido: 1 GB (espaço adicional pode ser necessário para armazenar as informações sobre as listagens de sequências)
- Resolução da tela: 1366x768

## Instalação

### Windows

WIPO Sequence fornece um único arquivo de instalação para as versões de 32 e 64 bits de Windows. O usuário deve seguir o processo mostrado no assistente de instalação.

Avisamos que os usuários encontrarão problemas de desempenho ou a ferramenta não funcionará corretamente se a versão de 32 bits for usada.

Os arquivos de banco de dados usados para armazenar as informações do projeto, junto com o registro da ferramenta, são armazenados na seguinte localização:

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

Quando o aplicativo é atualizado ou desinstalado, esses arquivos não são removidos, portanto os dados do projeto permanecem se o aplicativo for reinstalado.

### Linux

WIPO Sequence é fornecido como um arquivo "Applmage" (<https://appimage.org/>) que será executado na maioria das distribuições Linux, incluindo CentOS e Ubuntu. Para executar o arquivo, o usuário clica duas vezes nele ou usa a linha de comando.

Inicialmente, uma mensagem solicita que o usuário decida se um atalho deve ser criado na área de trabalho.

### OSX

WIPO Sequence fornece um arquivo "dmg" para instalar o aplicativo em um sistema operacional MacOS de 64 bits. Para instalar a ferramenta, o usuário deve clicar duas vezes no arquivo e seguir as instruções do assistente.

Os arquivos de banco de dados usados para armazenar as informações do projeto, junto com o registro da ferramenta, são armazenados na seguinte localização:

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

Quando o aplicativo é atualizado ou desinstalado, esses arquivos não são removidos, portanto os dados do projeto permanecem se o aplicativo for reinstalado.

## Instalação silenciosa

WIPO Sequence permite uma instalação silenciosa por meio dos sinalizadores seguintes durante a instalação (com o arquivo de instalação .exe):

- `/S`: para lançar uma instalação silenciosa
- `/allusers`: para instalar a ferramenta de modo que esteja disponível para todos os usuários de Windows de um mesmo computador (este comando deve ser lançado quando um usuário administrador está conectado).

## Desinstalação

### Windows

WIPO Sequence fornece um assistente de desinstalação que pode ser ativado na opção "Adicionar ou remover programas" no Windows.

Para remover completamente os arquivos de registro e os arquivos onde as informações do projeto são armazenadas, é preciso excluir a pasta seguinte:

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

### Linux

Quando o arquivo "Applmage" do Linux é removido, o aplicativo é desinstalado do computador. Além disso, é possível remover a entrada de menu excluindo da área de trabalho o arquivo localizado em:

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

Para remover completamente os arquivos de registro e os arquivos onde as informações do projeto são armazenadas, é preciso excluir a pasta seguinte:

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

### OSX

É possível desinstalar o aplicativo no Finder do OSX, na seção de aplicativos.

Para remover completamente os arquivos de registro e os arquivos onde as informações do projeto são armazenadas, é preciso excluir a pasta seguinte:

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

## Processo de atualização automática

Depois de lançar WIPO Sequence, a ferramenta verificará se atualizações estão disponíveis e se achar uma atualização solicitará que o usuário atualize para a nova versão mais estável.

Recomenda-se não omitir a atualização para garantir que a versão usada está em conformidade com a versão mais recente da norma ST.26.

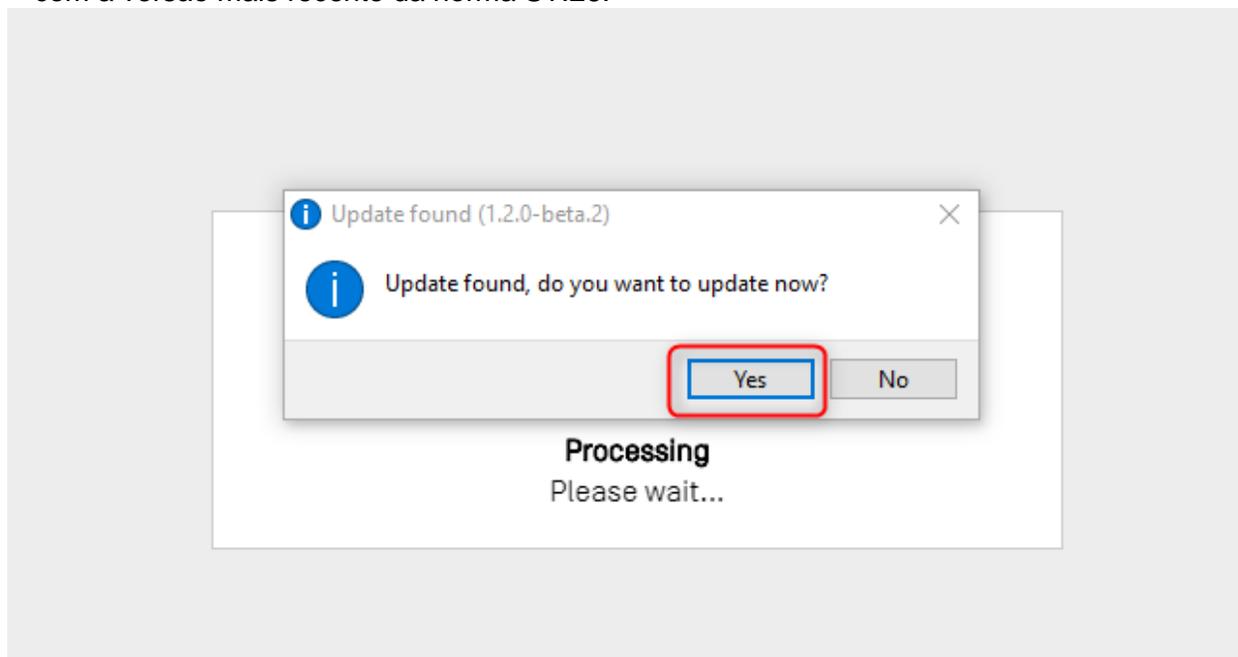


Figura 1: pop-up de atualização automática

---

**Nota:**

Para possibilitar a atualização automática, o computador deve estar conectado à internet e a ferramenta deve ter permissões de acessar o site da OMPI por HTTP. Note que nenhuma informação é enviada do usuário para o servidor de atualização da OMPI.

O usuário deve pacientemente até que a nova versão tenha sido baixada e instalada em vez de se afastar do aplicativo.

---

## 2 FUNCIONALIDADES DA FERRAMENTA

Esta seção descreve todas as funcionalidades implementadas pela ferramenta, na sua versão atual:

<b>Categoria</b>	<b>Funcionalidade</b>
Projetos	Criar um projeto no qual dados relacionados com uma listagem de sequências são armazenados
Projetos	Gerar uma listagem de sequências
Projetos	Editar os atributos de um projeto
Projetos	Exportação de qualificadores de texto livre para fins de tradução para o formato XLIFF
Projetos	Exportar todos os dados armazenados em um projeto para que possam ser mais tarde importados para a mesma ou outra instância do sistema (salvo metadados do projeto)
Projetos	Visualizar/exportar uma listagem de sequências gerada para um formato legível por humanos (.html & .txt)
Projetos	Importar todos os dados armazenados em um arquivo de projeto (.zip) para um novo projeto
Projetos	Importar dados de um arquivo de listagem de sequências ST.25 para um projeto recém-criado
Projetos	Importar dados de um arquivo de listagem de sequências ST.26 para um projeto recém-criado
Projetos	Importar dados de uma sequência FASTA para um projeto existente
Projetos	Importar dados de uma sequência contida em um arquivo no formato "multi-sequências"
Projetos	Importar para o projeto atual (projeto de destino) os dados de outro projeto (projeto de origem)
Projetos	Imprimir dados do projeto
Projetos	Imprimir dados da listagem de sequências ST.26 gerada

Projetos	Registrar dados modificados durante a importação em um relatório indicando os dados originais e os novos dados modificados
Projetos	Verifica um arquivo de listagem de sequências ST.26 e lista os problemas na forma de um relatório de verificação contendo mensagens de aviso e de erro
Projetos	Verifica os dados armazenados num projeto e lista os problemas na forma de um relatório de verificação contendo mensagens de aviso e de erro
Projetos	Excluir um projeto
Informações gerais	Adicionar um título de invenção e seu código da língua correspondente a um projeto
Informações gerais	Adicionar informações sobre um pedido (o atual ou um pedido anterior) a um projeto
Informações gerais	Adicionar informações de requerente ou inventor a um projeto
Sequências	Adicionar uma característica de fonte e seus qualificadores obrigatórios a uma sequência
Sequências	Adicionar informações sobre uma característica a uma sequência
Sequências	Adicionar um qualificador a uma característica
Sequências	Criar uma sequência em um projeto
Sequências	Editar em massa ou adicionar características a um intervalo de sequências
Sequências	Ignorar em massa uma série de sequências
Sequências	Excluir em massa um intervalo de sequências
Sequências	Criar e/ou inserir uma sequência em outra posição na listagem
Sequências	Importar uma sequência para um projeto existente
Sequências	Excluir uma sequência

Sequências	Criar automaticamente um qualificador de tradução e opcionalmente sua sequência de aminoácidos associada identificada por uma <code>protein_id</code> para uma característica selecionada de CDS
Sequências	Editar dados de qualificadores
Sequências	Editar dados de sequências
Sequências	Editar dados de chaves de caracterização
Sequências	Especificar informações de localização para uma característica selecionada
Sequências	Verificar se os resíduos não contém símbolos inválidos
Sequências	Definir o atributo de molécula de uma sequência de aminoácidos para um dos valores predefinidos
Sequências	Traduzir uma sequência de ácidos nucleicos de acordo com um número especificado de uma tabela de códigos genéticos (por predefinição Código Genético 1)
Sequências	Importação de pares de qualificadores de texto livre de origem e de destino no formato XLIFF para fornecer traduções num projeto
Sequências	Edição em massa de anotações de sequências incluindo o qualificador <code>mol_type</code>
Sequências	Exclusão em massa de um intervalo de sequências por edição em massa
Sequências	Reordenar as sequências na listagem de sequências
Organismos personalizados	Adicionar novos nomes de organismos à lista de nomes de organismos armazenada neste sistema
Organismos personalizados	Exportar a lista de nomes de organismos personalizados para um arquivo de texto que possa ser importado mais tarde para uma instância diferente de WIPO Sequence
Organismos personalizados	Importar uma lista de nomes de organismos personalizados de um arquivo XLIFF para um projeto existente

Pessoa/Organizaçã o	Armazenar no sistema informações sobre um requerente ou inventor (por exemplo, seu nome, o código da língua correspondente e sua tradução ou transliteração em caracteres latinos (se for o caso), endereço, etc.) para que possam ser usadas mais tarde em diversos projetos
Pessoa/Organizaçã o	Criar uma nova pessoa ou nome de organização
Preferências do sistema	Ajustar certas preferências da ferramenta que afetam todos os projetos gerados por essa instância

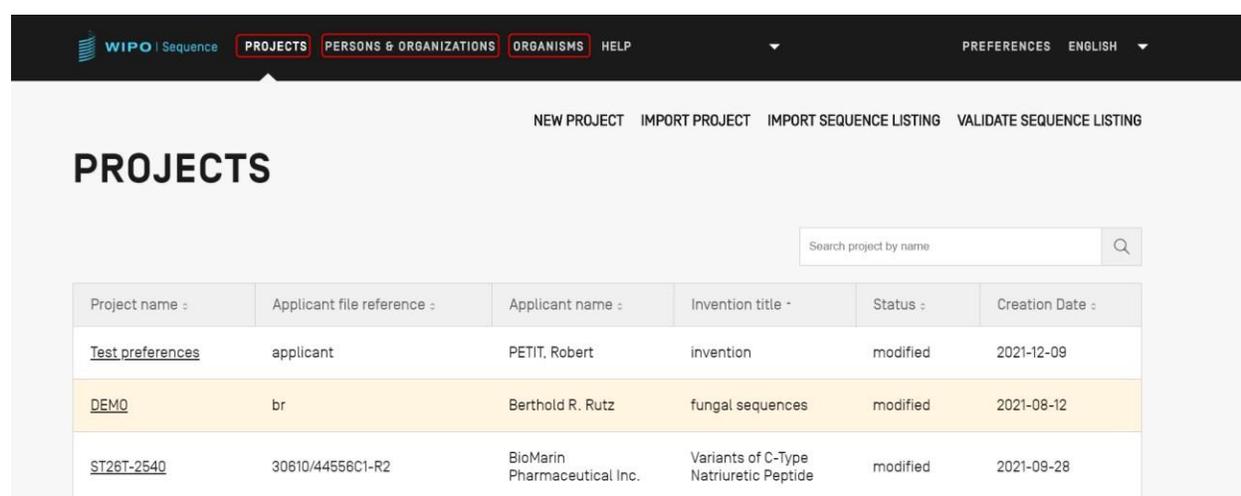
### 3 VISÃO GERAL DA FERRAMENTA

#### ELEMENTOS PRINCIPAIS DA FERRAMENTA

Esta seção detalha os principais elementos da ferramenta. O objetivo deste detalhamento é familiarizar o usuário com os componentes comuns fornecidos com a ferramenta para computadores.

A página ("Page") é o principal contentor de vistas ("Views") dentro da ferramenta. Existem duas páginas principais que contém vistas:

- Página principal
  - Vista da página principal de projetos
  - Vista de pessoas e organizações
  - Vista de organismos personalizados
  - Vista das preferências
- Página de projeto (acessível a partir da vista de projetos)
  - Vista dos detalhes do projeto
  - Vista do relatório de verificação
  - Vista de qualificadores dependentes da língua
  - Vista do relatório de importação
  - Vista da listagem de sequências



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

Figura 2: Vista da página principal de projetos

## Vista

As diferentes seções de informação que podem ser visualizadas em uma mesma página são denominadas vistas ("Views").

## Seções

Algumas vistas podem conter seções. As seções oferecem uma maneira conveniente de compartimentalizar diferentes partes de uma grande vista.

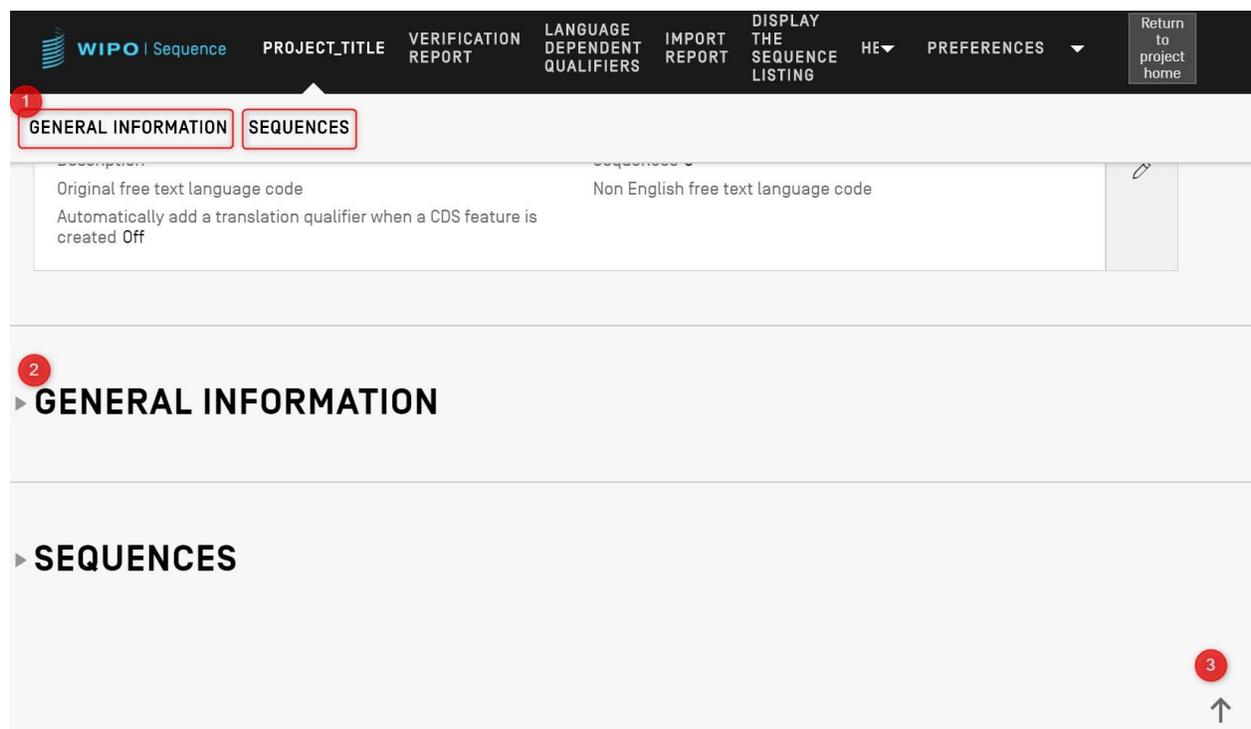


Figura 3: Vista dos detalhes do projeto

Na "Project Detail View" (vista dos detalhes do projeto), ilustrada na Figura 23, há 2 seções recolhíveis: "General Information" (Informações gerais) & "Sequences" (sequências). Na parte superior da vista dos detalhes do projeto, há dois links que levarão o usuário até as seções correspondentes (1); cada seção é recolhível (o que é indicado pelo pequeno triângulo à esquerda) para facilitar a navegação (2); o usuário pode clicar no ícone da seta para rolar até o topo da vista dos detalhes do projeto (3).

## Sobreposição

Por vezes, quando um painel precisa ser preenchido ou modificado, uma sobreposição ("Overlay") aparecerá sobre a vista atual, sombreando o fundo, como no exemplo seguinte ilustrado na Figura 4.

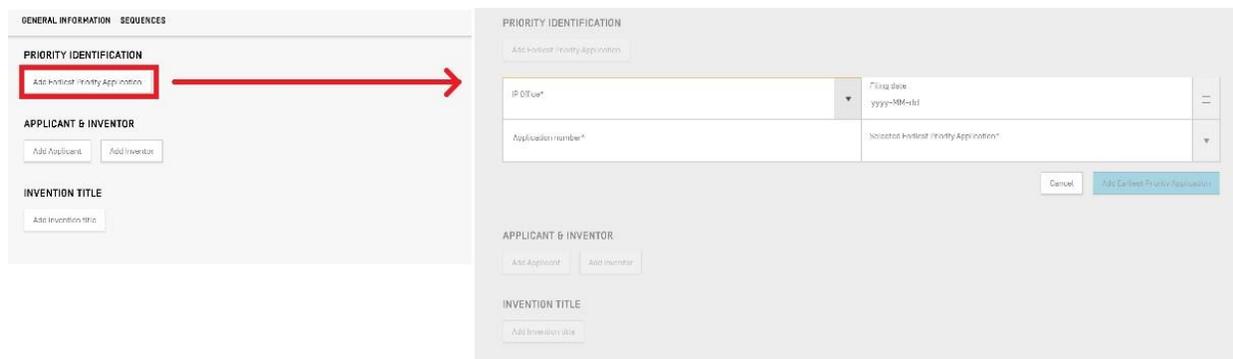


Figura 4: Sobreposição

Quando a sobreposição aparece, todos os elementos atrás da sobreposição deixam de funcionar e só os itens em foco poderão ser modificados.

## Tabelas

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

Figura 5: Exemplo de tabela

Um exemplo de tabela está ilustrado na Figura 5. Quando uma pesquisa da tabela está ativada, o usuário pode inserir alguns dados de pesquisa e clicar no ícone de pesquisa à direita da barra de pesquisa (1). Para voltar à lista completa dos elementos na tabela, limpe a casa de entrada de pesquisa e clique no ícone de pesquisa (1).

O usuário pode navegar pelas páginas contendo linhas de uma tabela clicando nos botões abaixo da tabela, quando as entradas não cabem todas em uma página (2). Para excluir uma entrada de uma tabela, o usuário pode clicar no ícone da lixeira à direita da linha correspondente (3). Para abrir a vista de edição de uma entrada de uma tabela, o usuário deve clicar no valor sublinhado na linha (o que está sublinhado pode ser clicado) (4).

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

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

Figura 6: Editar uma tabela

Quando esta entrada for selecionada, uma sobreposição aparece na tela e um painel editável se abre abaixo da tabela.

## Painéis de visualização

Os "Panel Views" (painéis de visualização) exibem um grupo de dados. Os itens de um painel de visualização podem ser repartidos em várias colunas. Cada item tem uma etiqueta e um valor (facultativo).

**GENERAL INFORMATION**

**APPLICATION IDENTIFICATION** 1

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

Figura 7: Exemplo de painel de de visualização

Como ilustrado na figura 7, quando se clica no botão com o ícone do lápis (1) num painel de visualização, o painel de visualização é substituído por um painel de edição.

## Painel de edição

Uma vez aberto um painel de edição, os campos modificáveis são apresentados ao usuário. Quando o usuário tiver acabado de editar os valores, pode salvar as modificações ou descartá-

las clicando nos botões "Save" (1) ou "Cancel" (2), respectivamente (como ilustrado na Figura 8).

**Nota:**

Os campos que só servem para visualizar e não são modificáveis aparecem sombreados.

▼ 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 um painel

## Seletor de data

Sempre que o usuário precisa inserir uma data, utiliza a interface do seletor de data. Quando clica no ícone do calendário (1), o seletor de data se abre (2), como ilustrado na Figura 9.

Year: 2019, Month: Feb

Calendar grid showing dates from 27 to 09.

Selected date: 2019-02-22

Buttons: Today, <, >

Filing date: 2019-02-22

Figura 9: Seletor de data

A data atualmente selecionada se destaca sobre um fundo cinza (22), e o dia de uso está sublinhado com uma linha preta (26). Domingo é considerado o primeiro dia da semana.

Além disso, o usuário pode simplesmente digitar a data desejada no formato apropriado ("AAAA-MM-DD") (3).

## Leitor de PDF

Quando o usuário imprime um relatório de verificação de uma listagem de sequências determinada, um relatório de importação ou informações sobre um projeto, um arquivo PDF é gerado e se abre em um leitor de PDF. Para baixar e salvar o arquivo, o usuário deve clicar no ícone de download no canto superior direito do visualizador (1), como ilustrado na Figura 10.



Figura 10: Visualizador de PDF

## Navegação por teclado

WIPO Sequence permite uma navegação de base pelo teclado. A tecla de tabulação é usada para navegar entre itens e a tecla de espaço para selecionar casas e botões de seleção.

O foco durante a navegação está visível na Figura 11:

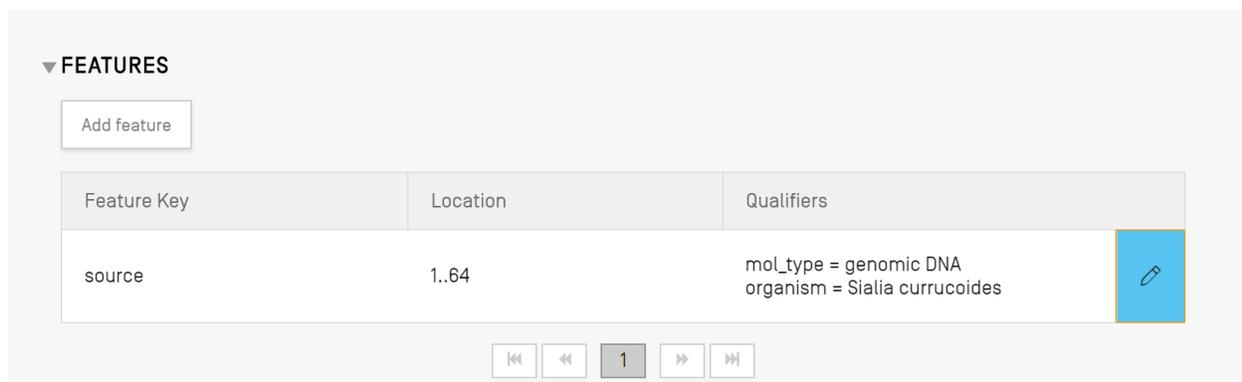
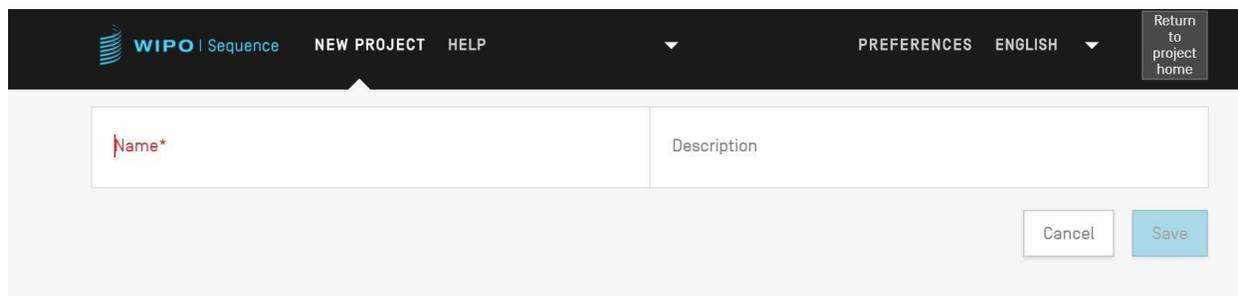


Figura 11: Foco no botão de edição de características

Além disso, coloca o cursor e o foco no campo de entrada superior esquerdo.

Por exemplo, para criar um novo projeto, há apenas um campo obrigatório: o Nome. O cursor e o foco já estão no campo do nome do projeto, como ilustrado na Figura 12 abaixo:



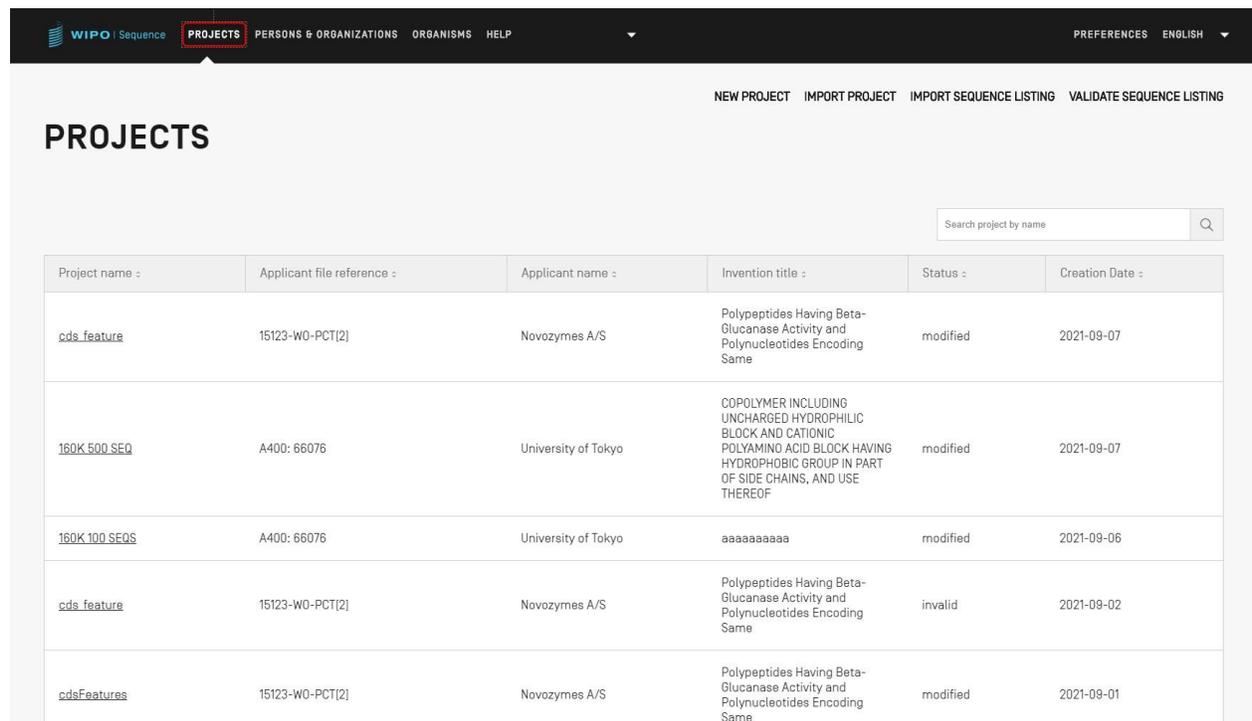
The screenshot shows the 'NEW PROJECT' form in the WIPO Sequence application. The top navigation bar includes the WIPO logo, 'NEW PROJECT', 'HELP', 'PREFERENCES', 'ENGLISH', and a 'Return to project home' button. The form consists of two input fields: 'Name\*' (required) and 'Description'. The 'Name\*'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

Figura 12: Foco do cursor no campo obrigatório

## VISTA DA PÁGINA PRINCIPAL DE PROJETOS

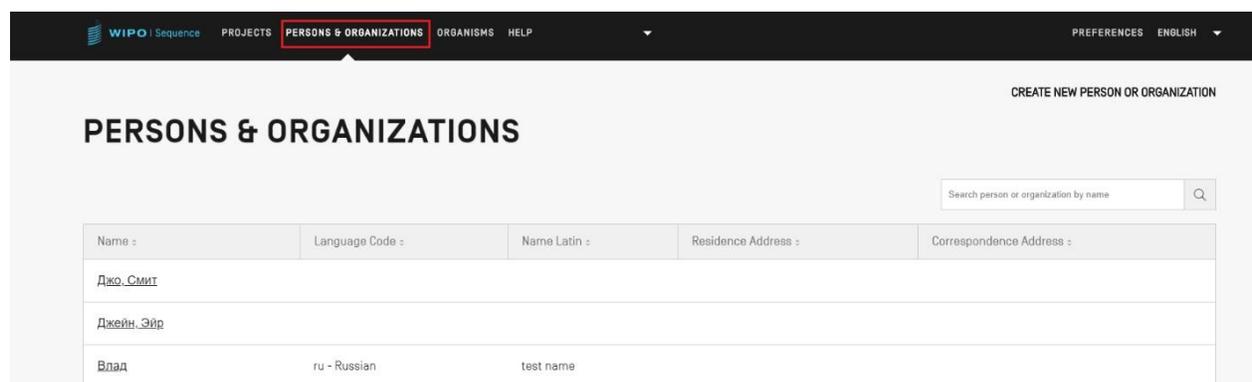
A página principal de projetos da ferramenta consiste em 3 vistas principais:

A **Vista de Projetos** (veja a Figura 13), a **Vista de Pessoas & Organizações** (veja a Figura 14) e a **Vista de Organismos** (veja a figura 15). As Preferências (veja a figura 19), que se aplicam a todos os projetos, estão no canto superior direito.



Project name :	Applicant file reference :	Applicant name :	Invention title :	Status :	Creation Date :
<a href="#">cds_feature</a>	15123-WO-PCT[2]	Novozymes A/S	Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same	modified	2021-09-07
<a href="#">160K 500 SEQ</a>	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
<a href="#">160K 100 SEQs</a>	A400: 66076	University of Tokyo	aaaaaaaaa	modified	2021-09-06
<a href="#">cds_feature</a>	15123-WO-PCT[2]	Novozymes A/S	Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same	invalid	2021-09-02
<a href="#">cdsFeatures</a>	15123-WO-PCT[2]	Novozymes A/S	Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same	modified	2021-09-01

Figura 13: Vista da página principal de projetos



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

Figura 14: Vista de pessoas & organizações

Name	Description
test organism	
Demo Organism	
B	bbb
A	aaa

Figura 15: Vista de organismos

## PÁGINA DE PROJETOS

A página de projeto se compõe de seis vistas que podem ser utilizadas para navegar entre diferentes partes do fluxo de trabalho, como ilustrado na Figura 16:

1. Vista dos detalhes do projeto (1) (indicada pelo nome do projeto, aqui mostrado como "Projeto"): vista principal contendo todos os dados do projeto,
2. Vista do relatório de verificação (2): onde o relatório de verificação pode ser acessado,
3. Vista de qualificadores dependentes da língua (3): onde os qualificadores de texto livre dependentes da língua podem ser acessados e exportados/importados,
4. Vista do relatório de importação (4): onde o relatório de importação pode ser acessado,
5. Vista da listagem de sequências (5): onde formatos legíveis por humanos da listagem de sequências ST.26 gerada podem ser acessados e
6. Menu de Ajuda: inclui referências ao manual do usuário, à norma ST.26 da OMPI e à Base de Conhecimentos sobre WIPO Sequence e ST.26 (6)
7. "Preferences View" (vista das preferências) (7).



Figura 16: Barra de ferramentas dos detalhes de projetos

Para voltar à página principal do projeto, o usuário pode clicar no botão “return to project home” (voltar à página principal do projeto) (8) na extremidade direita do cabeçalho/barra de ferramentas.

## DETALHES DO PROJETO

### Informações básicas

Uma tabela contendo as informações básicas sobre o projeto se encontra na parte superior da vista dos detalhes do projeto, ilustrada na Figura 17.

Esta seção contém:

- Nome do projeto
- Data e hora de criação do projeto
- Data e hora das últimas atualizações do projeto.
- Situação do projeto (valores possíveis: "novo"/"modificado"/"gerado"/"inválido"/"válido"/"avisos") - note que este campo não é editável.
- Descrição do projeto – opcional.
- Nome do arquivo importado (caso o projeto tenha sido importado)
- Código da língua do texto livre original para os qualificadores de texto livre.
- Número de sequências (intitulado: "Sequences")
- Casa de seleção para invocar a adição automática de um qualificador de tradução quando uma característica de CDS é criada (função a nível de projeto).
- Código da língua do texto livre não em inglês.

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: Seção de informações básicas

## AJUDA

A ferramenta permite que o usuário visualize as opções de ajuda disponíveis para obter assistência durante o uso da ferramenta (veja a Figura 18).

As opções de ajuda orientam para informações que:

- fornecem um link para o Manual do Usuário<sup>1</sup>
- Fornecem um link para a Base de Conhecimentos sobre ST.26<sup>2</sup>
- Fornecem um link para o formulário de contato com a equipe de apoio de WIPO Sequence.
- Fornecem um link para a norma ST.26 da OMPI<sup>3</sup>
- Fornecem informações básicas sobre a ferramenta WIPO Sequence para computadores.

<sup>1</sup> Na data de publicação, este link leva à versão em inglês do manual do usuário, disponibilizada offline, ou às versões nas 9 línguas restantes do PCT, online.

<sup>2</sup> Na data de publicação, este link leva à base de conhecimento de WIPO Sequence e ST.26.

<sup>3</sup> Na data de publicação, este link leva à versão mais recente da norma em inglês, francês ou espanhol, online.

**Nota:**

O manual do usuário e a norma ST.26 da OMPI (apenas em inglês) são fornecidos junto com a versão mais recente de WIPO Sequence. Quando um usuário seleciona uma língua diferente para a interface de usuário, precisa estar conectado à Internet para acessar versões em outras línguas tanto da norma quanto do manual do usuário. No entanto, o link fornecido será para a versão na língua correspondente à sua seleção.

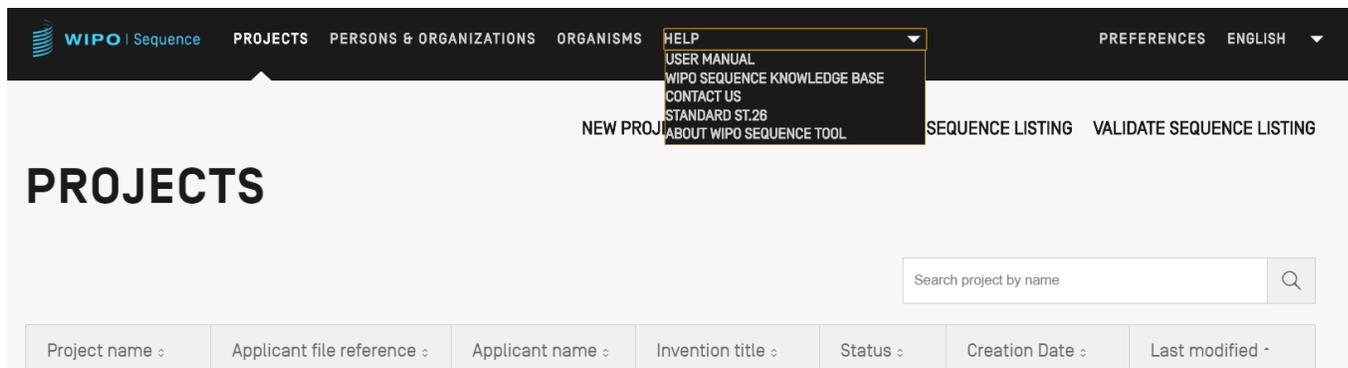


Figura 18: Menu suspenso de ajuda

**PREFERÊNCIAS**

A última vista é onde o usuário pode definir propriedades específicas que se aplicam a todos os projetos (veja a Figura 19). Detalhes específicos sobre cada um destes parâmetros se encontram abaixo, na seção relevante sobre as "Funcionalidades da ferramenta".

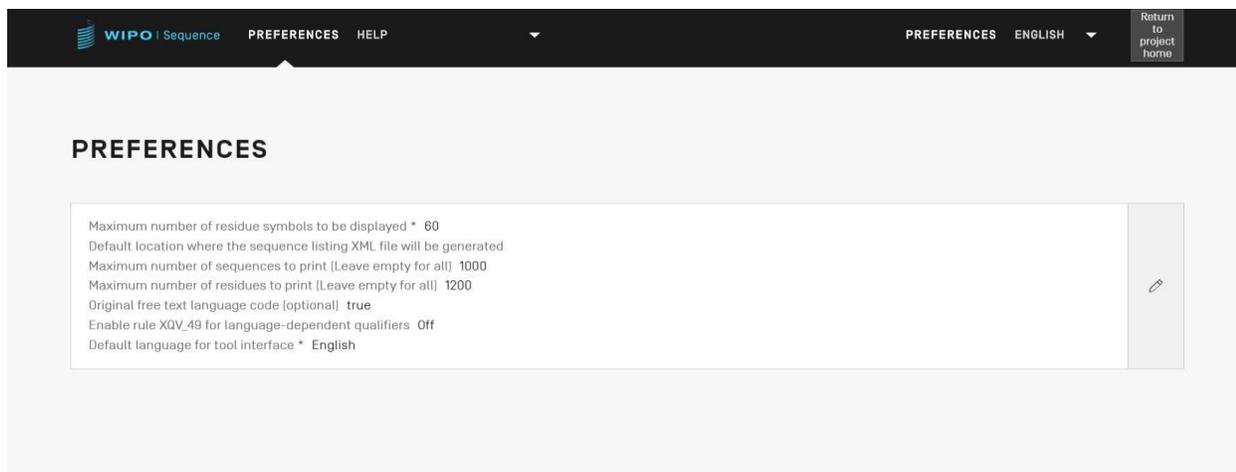


Figura 19: Vista das preferências

## 4 FUNCIONALIDADES DA FERRAMENTA

### PÁGINA PRINCIPAL DE PROJETOS

Esta seção detalha as diferentes opções acessíveis na vista da página principal de projetos.

Um projeto é uma estrutura de objeto usada pela ferramenta para armazenar os dados necessários para gerar uma listagem de sequências. A ferramenta utiliza os dados armazenados no projeto, depois da validação da conformidade dos dados com a norma ST.26 da OMPI, para definir os valores da listagem de sequências gerada.

Esta vista apresenta a lista de projetos criados, dando ao usuário a opção de ordenar ou de usar a função de pesquisa para filtrar por nome de projeto, referência do processo do requerente, nome do requerente, título da invenção, situação ou data de criação.

**Nota:**

A ferramenta apresenta no máximo 1000 projetos. Se o projeto não está apresentado na vista da página principal de projetos, o usuário deve usar a função de pesquisa para identificar o projeto por seu nome, já que este estará armazenado localmente, mesmo que não esteja visível na vista.

### Criar um projeto

Para criar um novo projeto, o usuário deve começar a partir da vista da página principal de projetos (veja a Figura 20).

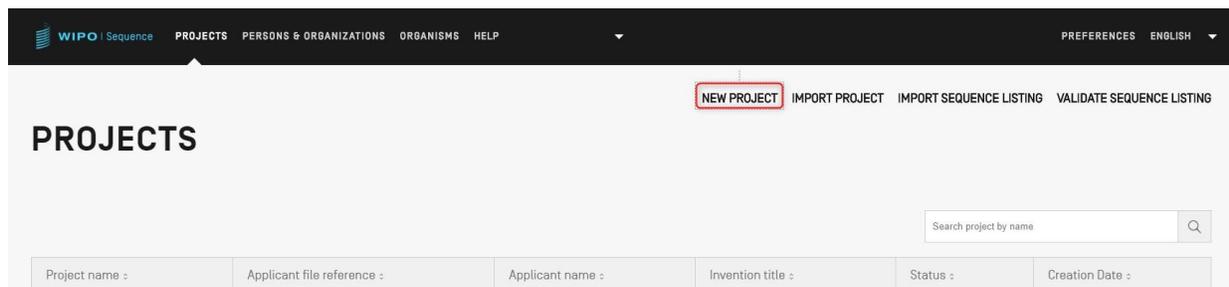
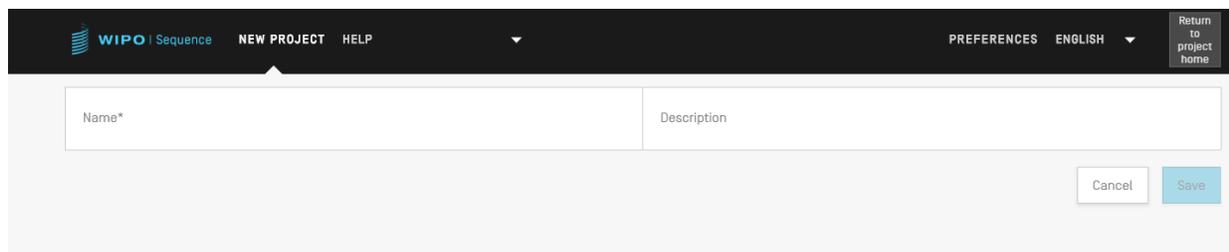


Figura 20: Criar novo projeto, etapa 1

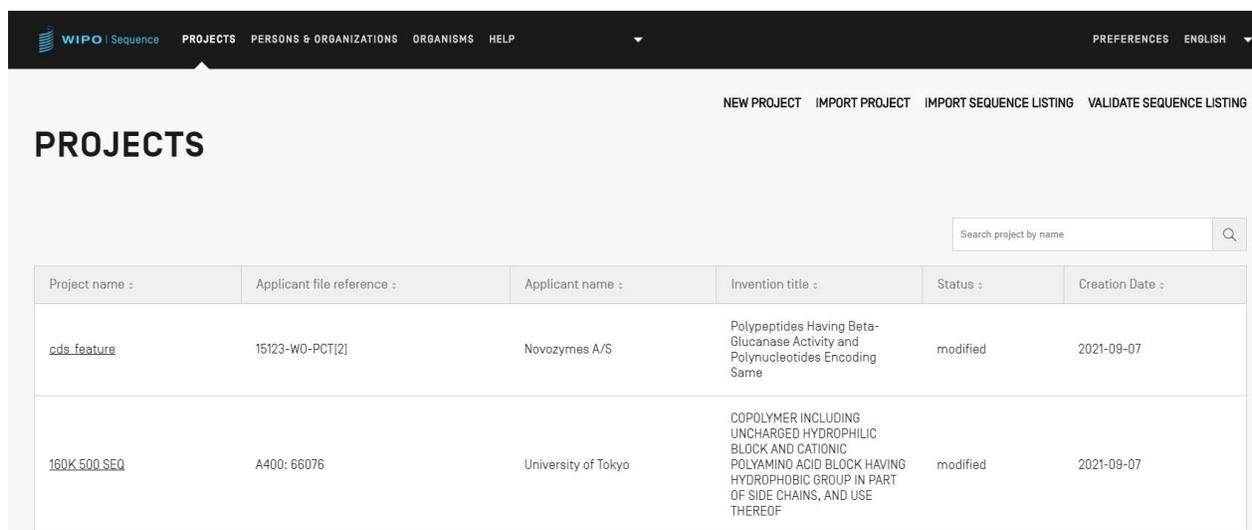
- 1) Clique no link "NEW PROJECT" (novo projeto) na parte superior da vista ilustrada na Figura 20. Na vista seguinte, a ferramenta solicitará um nome (obrigatório) e uma descrição (opcional).



The screenshot shows the 'NEW PROJECT' form. The header includes the WIPO Sequence logo, 'NEW PROJECT', and 'HELP' links. On the right, there are 'PREFERENCES', 'ENGLISH', and a 'Return to project home' button. The form contains two input fields: 'Name\*' and 'Description'. At the bottom right, there are 'Cancel' and 'Save' buttons.

Figura 21: Criar novo projeto, etapa 2

- Quando um valor é inserido no campo do nome, o botão "Save" (salvar) é ativado para que o usuário salve o novo projeto. A lista de projetos, incluindo este novo projeto na vista da página principal de projetos, está ilustrada na Figura 22.



The screenshot shows the 'PROJECTS' page. The header includes the WIPO Sequence logo, 'PROJECTS', 'PERSONS & ORGANIZATIONS', 'ORGANISMS', and 'HELP' links. On the right, there are 'PREFERENCES', 'ENGLISH', and a 'Return to project home' button. Below the header, there are links for 'NEW PROJECT', 'IMPORT PROJECT', 'IMPORT SEQUENCE LISTING', and 'VALIDATE SEQUENCE LISTING'. A search bar is present with the text 'Search project by name'. Below the search bar, there is a table with the following data:

Project name :	Applicant file reference :	Applicant name :	Invention title :	Status :	Creation Date :
<a href="#">clds_feature</a>	15123-W0-PCT[2]	Novozymes A/S	Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same	modified	2021-09-07
<a href="#">160K 500 SEQ</a>	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: Visualização do novo projeto no resumo

## Importar um projeto

Esta funcionalidade permite importar para a ferramenta um projeto exportado anteriormente, como ilustrado na Figura 53. Para importar um arquivo de projeto, o usuário deve partir da vista da página principal de projetos, como ilustrado abaixo na Figura 23.

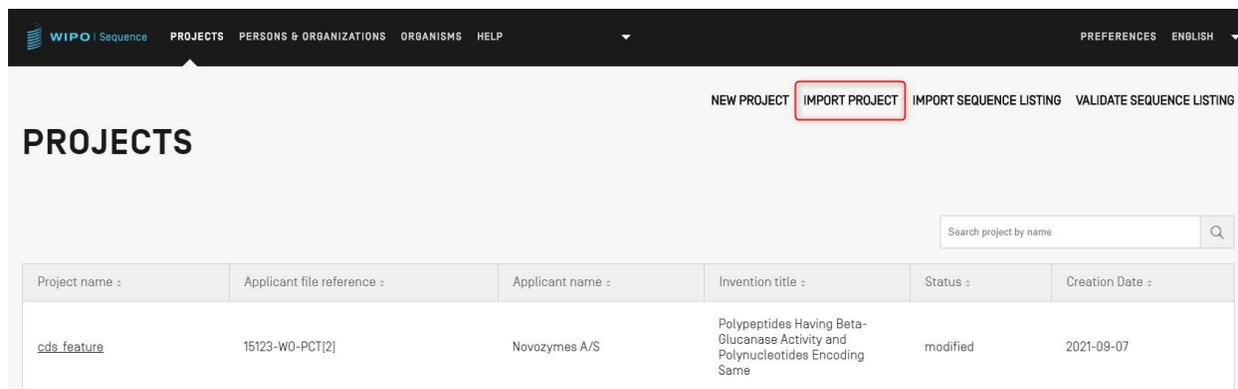
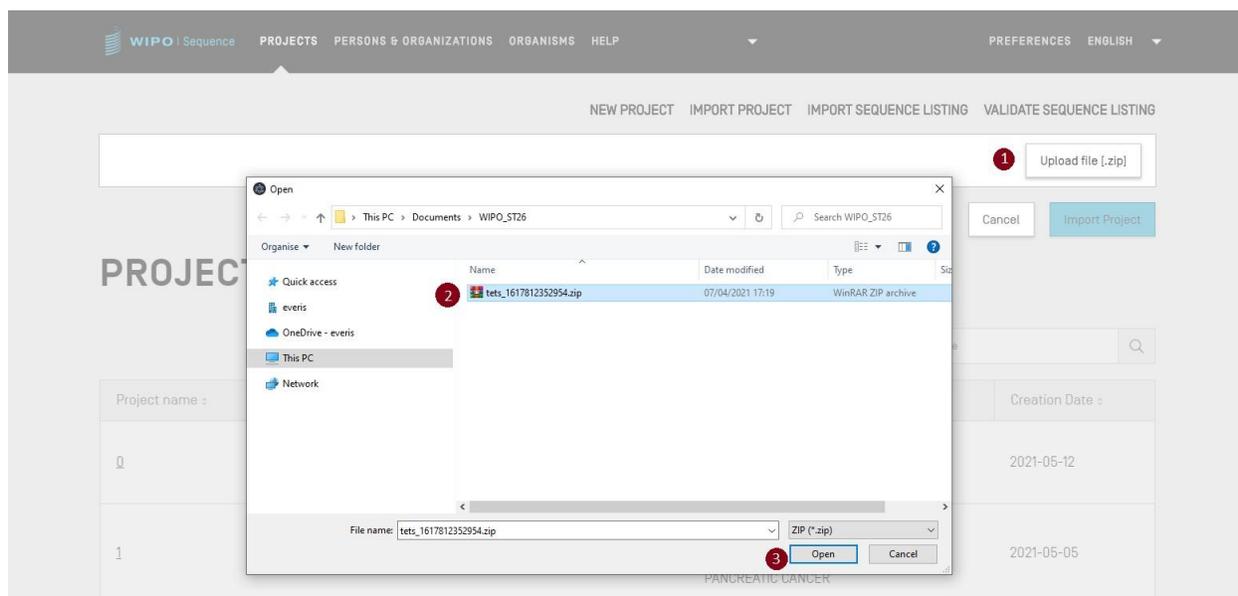


Figura 23: Importar um projeto, etapa 1

- 1) Clique no link "IMPORT PROJECT" (importar um projeto) na parte superior da vista, como indicado na Figura 23.



- 2) Na sobreposição ilustrada na Figura 24, clique no botão "Upload file [.zip]" (carregar um arquivo [.zip]) (1).
- 3) Na caixa de diálogo que se abre, ilustrada na Figura 24, selecione o arquivo de projeto para ser importado (2 & 3).

st26t-2576 (1).xml\_1640106895750.zip Upload file (.zip)

Enter the sequences to be imported

Sequence Number (ID)	Position
1	
2	

Select Range of Sequence IDs. 1-2

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 um projeto, selecionar um intervalo de IDs de sequências

- 4) Se "Select Range of Sequence IDs" (selecionar um intervalo de IDs de sequências) permanecer desmarcado, todas as sequências serão importadas. Para selecionar quais sequências serão importadas para o projeto, o usuário deve marcar a casa de seleção "Select Range of Sequence IDs" (1) e inserir os números de ID das sequências desejadas no campo apropriado (4), como ilustrado na Figura 25. É possível inserir uma única sequência, assim como uma lista de sequências separadas por vírgulas ou um intervalo de sequências na forma  $x-y$ .

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

Por predefinição, o número total de sequências do projeto importado será apresentado como um intervalo, ou seja: 1-número total de sequências

- 5) A etapa final consiste em clicar no botão azul "Import Project" (importar um projeto) (3), como ilustrado na Figura 25.

Se o projeto foi importado com êxito, a faixa azul e a mensagem seguintes aparecem na parte superior da vista, como ilustrado na Figura 26.

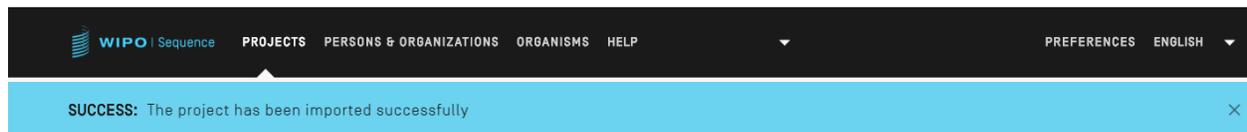


Figura 26: Importação bem-sucedida de um projeto, faixa azul

**Problema conhecido:** WIPO Sequence pode gerar muitos erros inesperados durante a importação do projeto: a causa deste erro não está clara. Na maioria das vezes, isto acontece durante o travamento da ferramenta. Se tiver dificuldades, tente recomeçar o processo de importação.

## Importar uma listagem de seqüências

Na vista da página principal de projetos, o usuário pode importar exclusivamente informações sobre seqüências de uma listagem de seqüências conforme com a norma ST.26 **ou** ST.25. Os formatos de arquivo para estas são \*.xml para o formato ST.26 e \*.txt para os arquivos ST.25.

- 1) Primeiramente, clique no botão “IMPORT SEQUENCE LISTING” (importar uma listagem de seqüências) na parte superior da vista ilustrada na Figura 27.

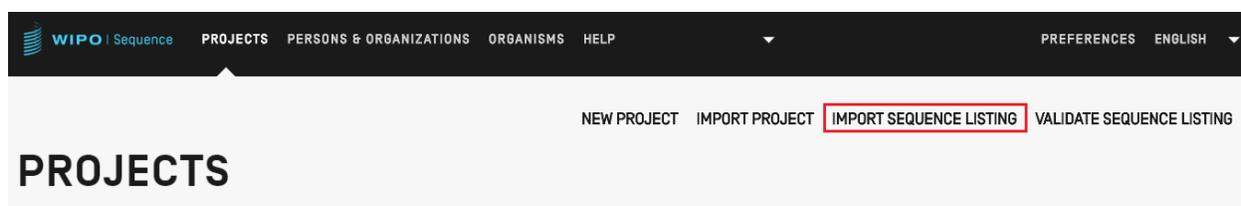


Figura 27: Importar uma listagem de seqüências, etapa 1

- 2) Na sobreposição que se abre, ilustrada na Figura 28, clique no botão “Upload file ST.25 [.txt] or ST.26 [.xml]” (carregar um arquivo ST.25 [.txt] ou ST.26 [.xml]) (1), e selecione o arquivo da listagem de seqüências desejada na caixa de diálogo que se abre (2). Em seguida, insira um nome para o novo projeto sendo criado com o nome inserido no campo “Project Name” (nome do projeto) (3).

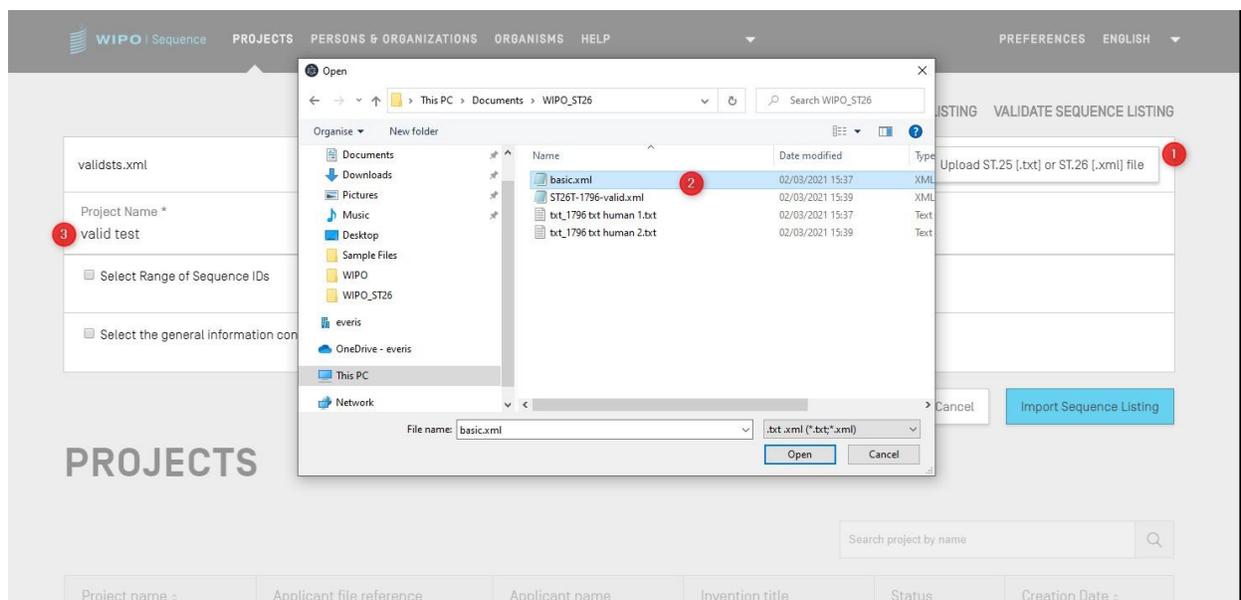


Figura 28: Importar uma listagem de seqüências, caixa de diálogo

Dois casas principais, ilustradas na Figura 29, permitem que o usuário especifique quais seções devem ser importadas para o novo projeto: "Select Range of Sequence IDs" (selecionar um intervalo de IDs de sequências) e "Select the general information contents to be imported" (selecionar as informações gerais a serem importadas).

Sequence Number [ID]	Position
[1]	1

Figura 29: Importar uma listagem de sequências, selecionar um intervalo

A primeira casa permite que o usuário insira quais sequências específicas da listagem de sequências deseja importar. É possível inserir uma única sequência, assim como uma lista de sequências separadas por vírgulas ou um intervalo de sequências na forma  $x-y$ .

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

Por predefinição, o número total de sequências da listagem de sequências importada será apresentada na forma de um intervalo.

A tabela ilustrada na Figura 28 tem duas colunas: uma com o "Sequence ID Number" (número de ID da sequência), para identificar a sequência correspondente, e a outra com a "posição" na qual aparecerá na listagem de sequências.

<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: Importar uma listagem de seqüências, selecionar informações gerais

Quando a segunda casa é marcada, uma lista de casas adicionais é ativada e permite que o usuário selecione individualmente quais propriedades devem ser importadas ou ignoradas, como ilustrado acima na Figura 30.

3) Finalmente, clique no botão azul "Import Project" (importar projeto) para criar o novo projeto.

Se a listagem de seqüências foi importada corretamente, a tabela de dados modificados ("Changed Data Table") ilustrada na Figura 31 aparece, informando o usuário sobre as modificações dos dados das listagens de seqüências em formatos RAW, multi-seqüências e ST.25 feitas automaticamente durante a importação para adaptar a listagem de seqüências às exigências da norma ST.26.

---

**Nota:** Para a importação de uma listagem de seqüências, as características e qualificadores são sensíveis às maiúsculas e minúsculas e devem estar conformes com os valores fornecidos no Anexo I da norma ST.26 da OMPI.

Também é importante notar que as listagens de seqüências importadas conformes com a norma ST.25 devem ser válidos, pois de outra forma a funcionalidade de WIPO Sequence não pode ser garantida.

---

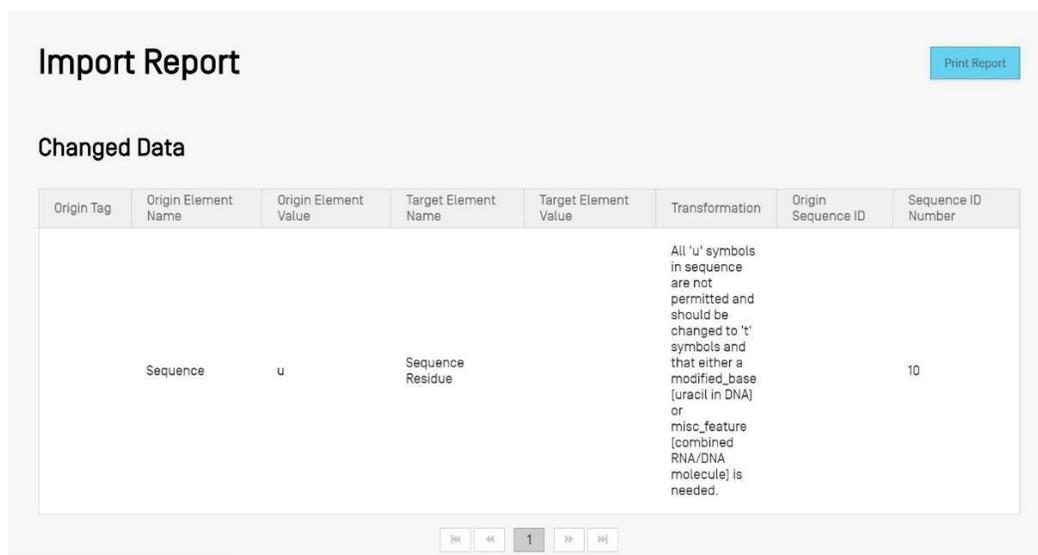


Figura 31: Importar uma listagem de seqüências, dados modificados

Se o arquivo estava no formato ST.25, a vista do relatório de importação inclui primeiramente uma "Import Report Table" (tabela de relatório de importação), assim como a "Changed Data Table" (tabela dos dados modificados). A Figura 31 mostra um exemplo de relatório sobre os dados modificados e a Figura 32 um exemplo de relatório de importação.

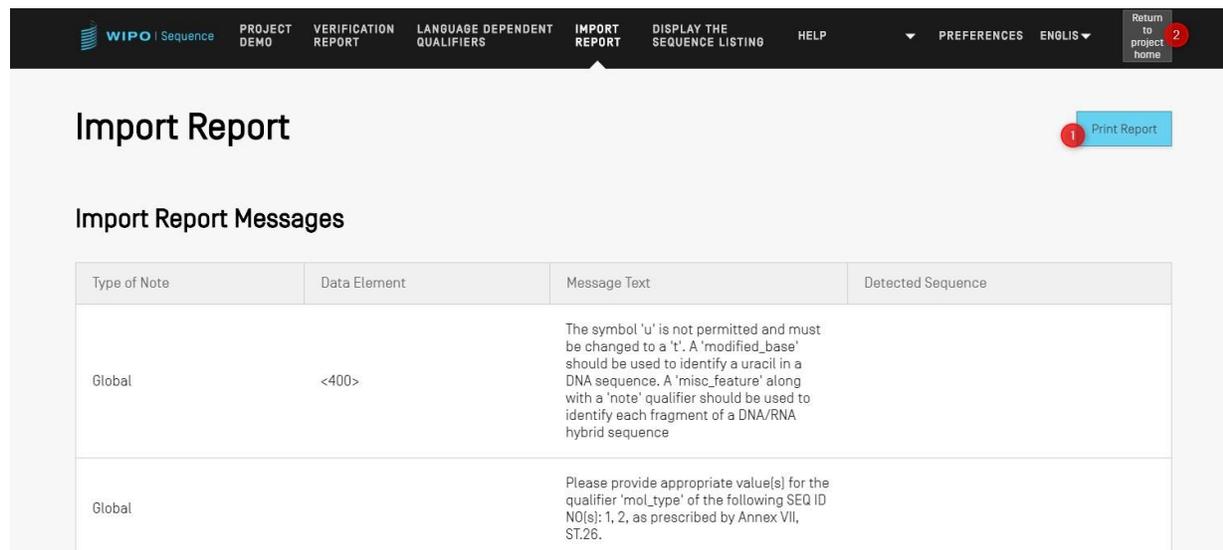


Figura 32: Importar uma listagem de seqüências, relatório de importação

Neste ponto, o usuário pode voltar para a vista da página principal de projetos (2) ou imprimir um relatório sobre estas modificações em formato PDF (1): veja a Figura 32.

Para instruções sobre como baixar o arquivo PDF, veja a Figura 10.

Além disso, a importação pode ser mal-sucedida se o arquivo da listagem de sequências contiver erros. Neste caso, o usuário será notificado, depois de tentar a importação, por uma faixa vermelha indicando que um erro ocorreu durante a importação; veja a Figura 33.

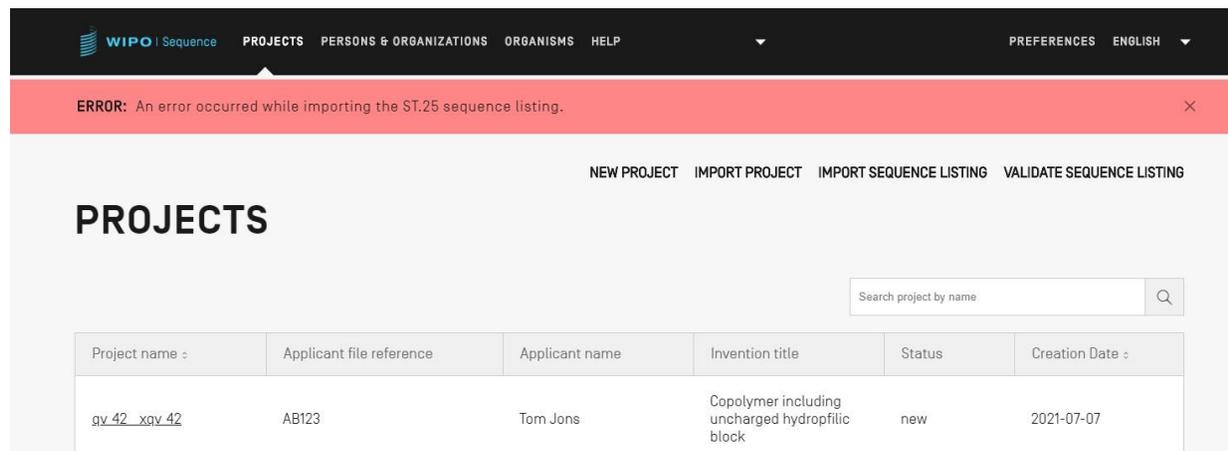


Figura 33: Importar uma listagem de sequências ST.25, faixa vermelha

Fora isso, a ferramenta tem o melhor desempenho dentro de um limite de 100k sequências. Ao lidar com longas listagens de sequências, o usuário pode tentar a solução seguinte: dividir a importação em uma série de etapas, escolhendo um intervalo específico de sequências para serem importadas, e em seguida importar estas sequências dentro de um projeto um intervalo de cada vez. Por exemplo, uma listagem de sequências contendo ~100k sequências pode ser dividida numa série de 10 x 10k sequências e estas podem ser importadas uma a uma. As primeiras 10k sequências serão usadas para criar o projeto.

## Validar uma listagem de sequências

Para validar um arquivo de listagem de sequências ST.26, o usuário pode clicar no botão "VALIDATE SEQUENCE LISTING" (validar uma listagem de sequências) no canto superior direito da vista de projetos, como ilustrado na Figura 34.

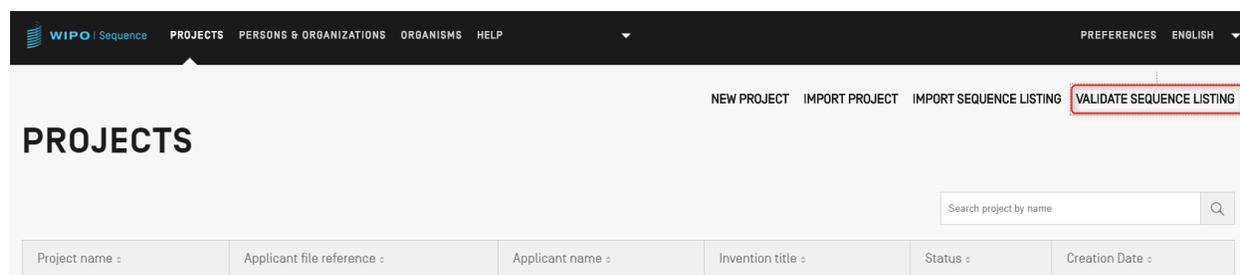


Figura 34: Validar uma listagem de sequências

Em seguida, o usuário deve clicar no botão "Upload file ST.26 [.xml]" (carregar um arquivo ST.26 [.xml]) (1), **ilustrado na** Figura 35, e depois selecionar o arquivo na caixa de diálogo (2). Finalmente, deve clicar no botão "Validate Sequence Listing" (validar uma listagem de sequências) (3).

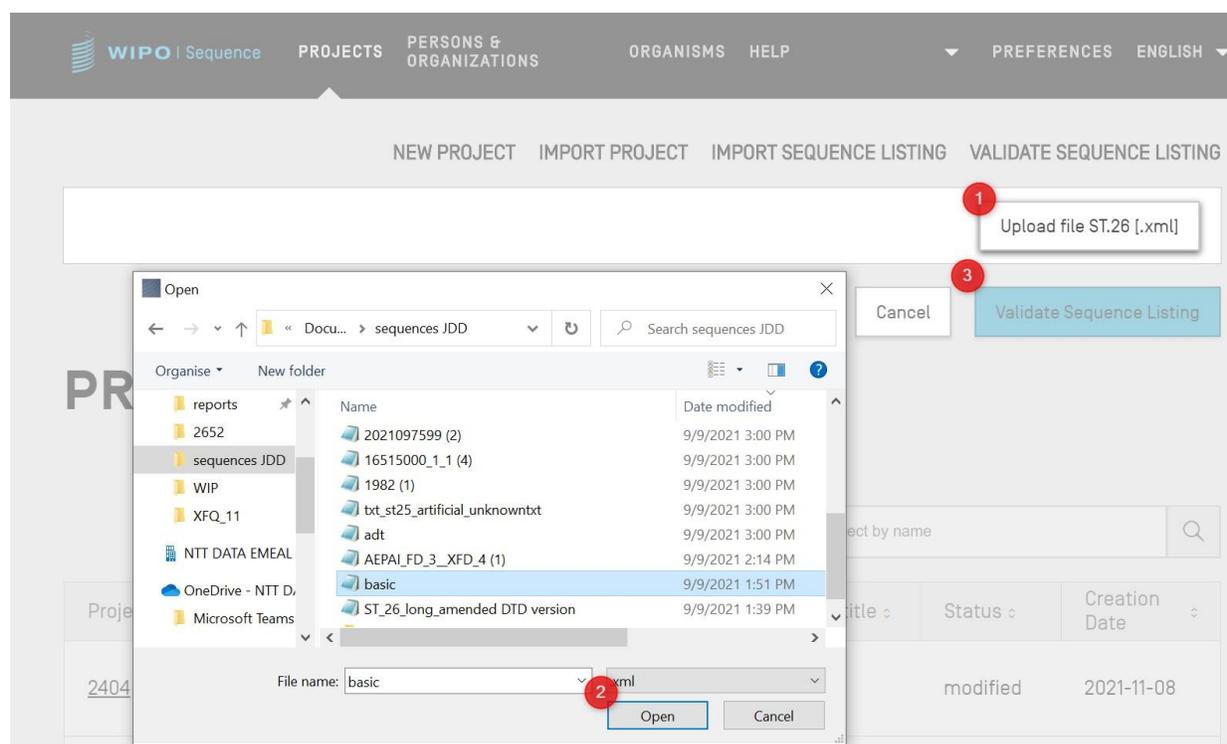


Figura 35: Validar uma listagem de seqüências, caixa de diálogo

Se a validação da listagem de seqüências for bem-sucedida, uma faixa aparecerá, como ilustrada na Figura 36:



Figura 36: Faixa indicando que a validação foi concluída com êxito

Se a validação da listagem de seqüências não for bem-sucedida, um relatório de verificação se abrirá no navegador do usuário, enumerando os erros de validação numa tabela, como ilustrado na 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 uma listagem de sequências, relatório de verificação

A localização do arquivo HTML será apresentada junto com o relatório XML de verificação (1) & (2) caso o usuário deseje copiar os arquivos para uma localização diferente (veja a Figura 37).

**Nota:** O usuário deve permitir que um script interno seja executado em seu computador para que o formato seja exibido corretamente; é o controle ActiveX no navegador IE. Isto deve ser feito clicando em "allow blocked content" (permitir conteúdo bloqueado) para que o formato seja carregado corretamente. Senão, as sequências não serão apresentadas no formato padrão e serão menos legíveis.

Queira **notar** que para validar uma listagem de seqüências, o arquivo ST.26 deve cumprir os seguintes requisitos:

Deve ser codificado em UTF-8 e deve conter caracteres válidos de acordo com a especificação XML 1.0

Deve conter uma linha DOCTYPE na forma seguinte:

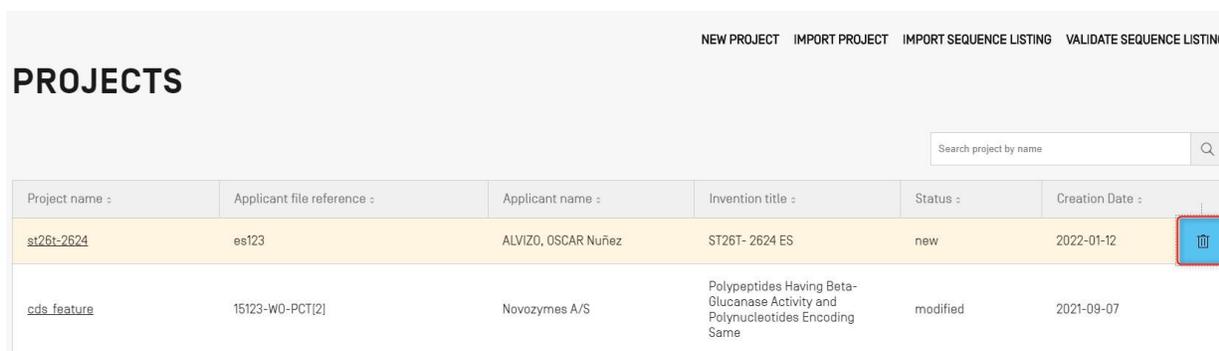
```
<!DOCTYPE ST26SequenceListing PUBLIC "-//WIPO//DTD Sequence Listing 1.3//EN"
"ST26SequenceListing_V1_3.dtd">
```

O atributo dtdVersion deve ser conforme com a versão DTD:

O arquivo deve ser conforme com o arquivo DTD ST26SequenceListing\_V1\_3.dtd<sup>4</sup>.

## Excluir projeto

Para excluir um projeto, o usuário deve partir da vista dos projetos (página principal), ilustrada na Figura 38.



NEW PROJECT IMPORT PROJECT IMPORT SEQUENCE LISTING VALIDATE SEQUENCE LISTING

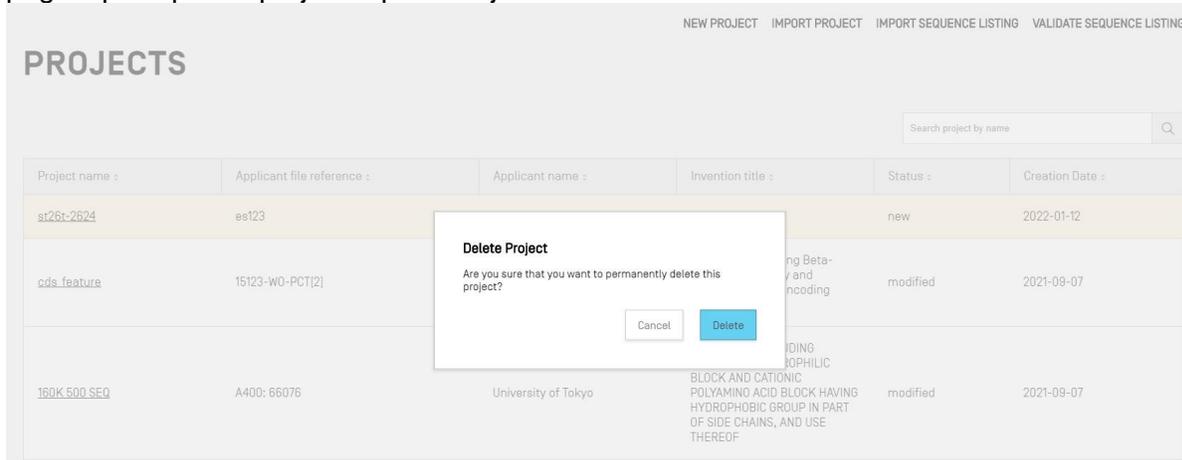
### PROJECTS

Search project by name

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

Figura 38: Excluir um projeto, vista da página principal de projetos

O usuário deve clicar no botão com o ícone da lixeira na linha da tabela de visualização na página principal de projetos que deseja excluir.



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 :	
st26t-2624	es123			new	2022-01-12	
<a href="#">cds_feature</a>	15123-W0-PCT[2]		ing Beta- y and ncoding	modified	2021-09-07	
<a href="#">160K_500_SEQ</a>	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	

**Delete Project**

Are you sure that you want to permanently delete this project?

Figura 39: Excluir um projeto, diálogo de confirmação

<sup>4</sup> Esta é a versão atual do DTD na data de publicação deste documento

No pop-up ilustrado na Figura 39, clicar em "Delete" (excluir) para confirmar que deseja excluir o projeto selecionado.

## PESSOAS E ORGANIZAÇÕES

Esta seção detalha as funcionalidades disponíveis na vista de pessoas e organizações.

### Criar uma pessoa ou organização

Para criar uma nova pessoa ou organização, o usuário deve partir da vista de pessoas e organizações.

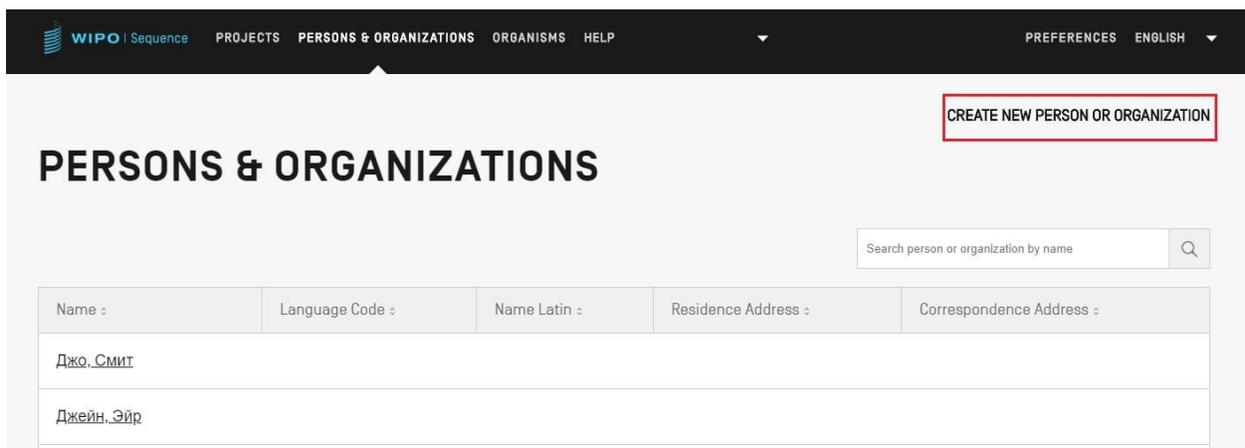


Figura 40: Criar uma nova pessoa ou organização, etapa 1

Primeiramente, o usuário deve clicar no link "CREATE NEW PERSON OR ORGANIZATION" (criar uma nova pessoa ou organização) na parte superior da vista, como ilustrado na Figura 40.

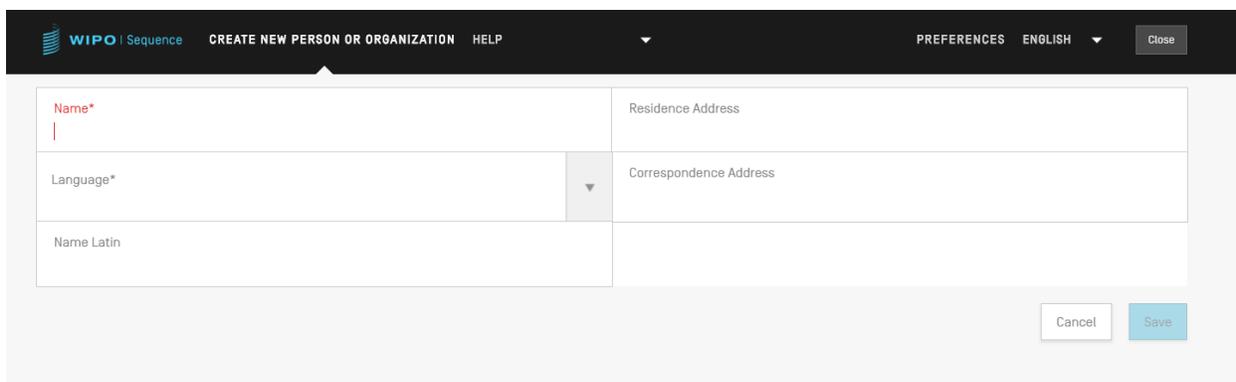


Figura 41: Criar uma nova pessoa ou organização, etapa 2

Na vista de criação de uma nova pessoa ou organização, o usuário deve preencher pelo menos os campos obrigatórios (indicados por um "\*") correspondendo aos detalhes da nova pessoa ou organização. No caso do requerente ou inventor, estes são apenas o nome (se fornecido em caracteres latinos) e a língua.

Quando o nome da pessoa ou organização não está em caracteres latinos, a versão latina do nome deve ser fornecida no campo "Name Latin" (nome latino). Se estas informações não forem fornecidas, o projeto não será validado quando a listagem de sequências ST.26 for validada ou gerada.

## ORGANISMOS PERSONALIZADOS

Para criar, editar, importar, exportar ou excluir organismos personalizados, o usuário deve partir da vista de organismos. A Figura 42 abaixo dá mais detalhes sobre como criar, exportar ou importar organismos personalizados.

### Criar um organismo personalizado

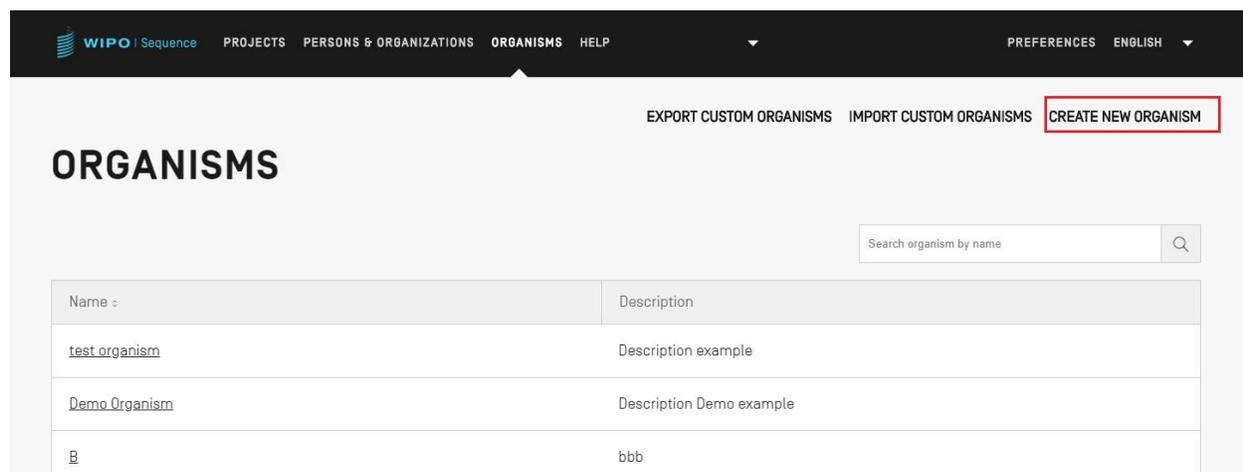


Figura 42: Criar um novo organismo, etapa 1

Para criar um novo organismo personalizado, clique no link "CREATE NEW ORGANISM" (criar novo organismo) na parte superior da vista, como ilustrado na Figura 42. Na tela seguinte (figura 38), insira o nome do novo organismo e clique em "Save" (salvar). Se a descrição deste organismo personalizado for necessária, pode ser opcionalmente acrescentada, como ilustrado na Figura 43.

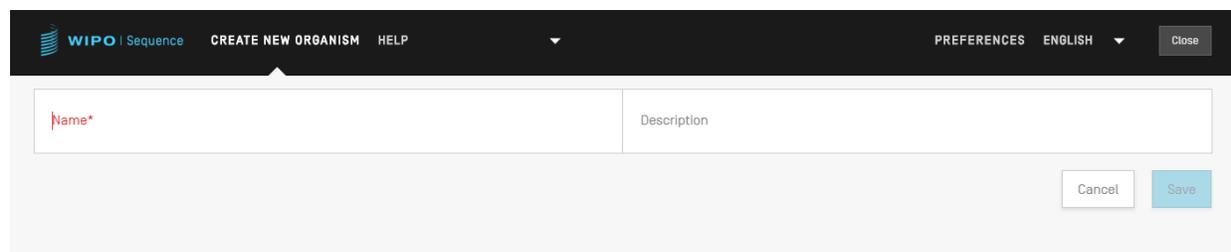


Figura 43: Criar um novo organismo, etapa 2

### Exportar organismos personalizados

Todos os organismos personalizados e suas descrições armazenados na ferramenta podem ser exportados e salvos como arquivos de texto, para serem modificados fora da ferramenta ou

importados em uma data posterior. Para exportar esta lista, comece por selecionar "EXPORT CUSTOM ORGANISMS" (exportar organismos personalizados), como realçado na Figura 44:

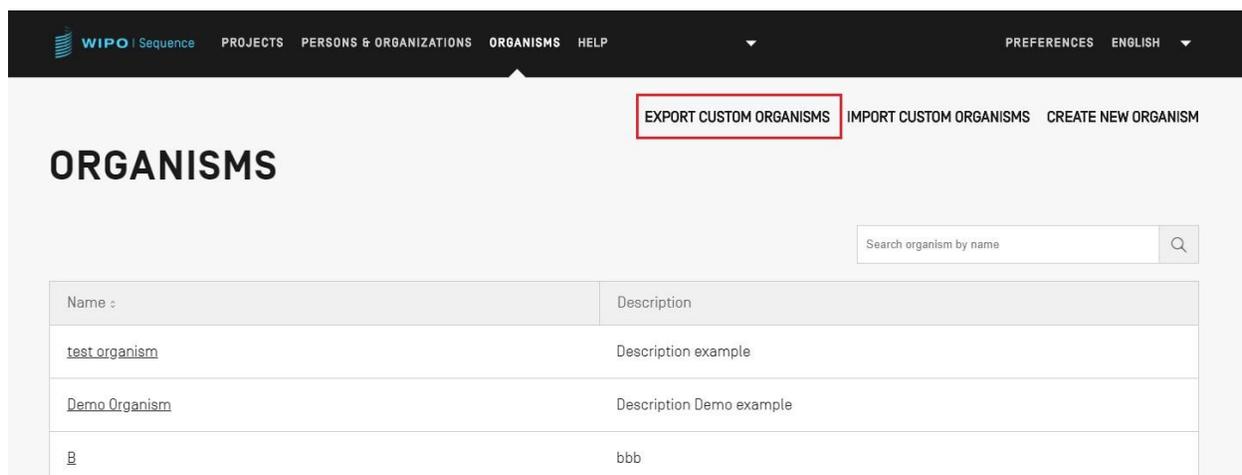


Figura 44: Exportar organismos personalizados, etapa 1

Em seguida, uma caixa de diálogo se abre para permitir que o usuário escolha o nome do arquivo e a localização desejada do arquivo; veja a Figura 45.

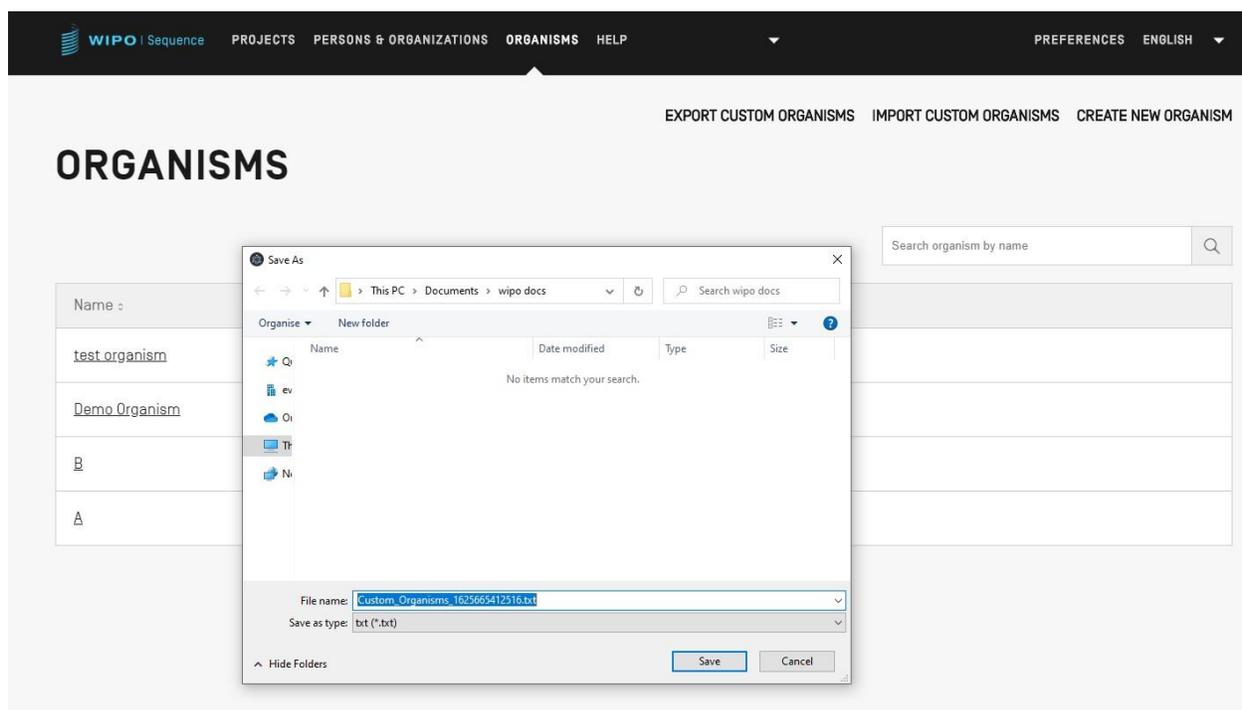
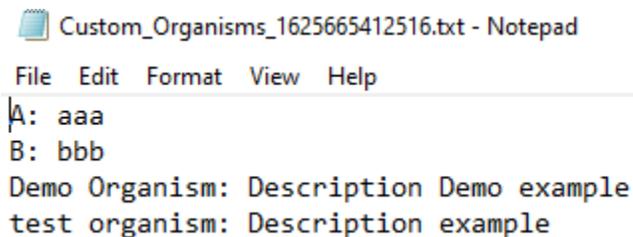


Figura 45: Exportar organismos personalizados, diálogo

O arquivo exportado é um arquivo .txt, incluindo o nome e a descrição do organismo, que pode ser editado e importado para a ferramenta (veja a 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: Exemplo de arquivo de texto com organismos personalizados

## Importar organismos personalizados

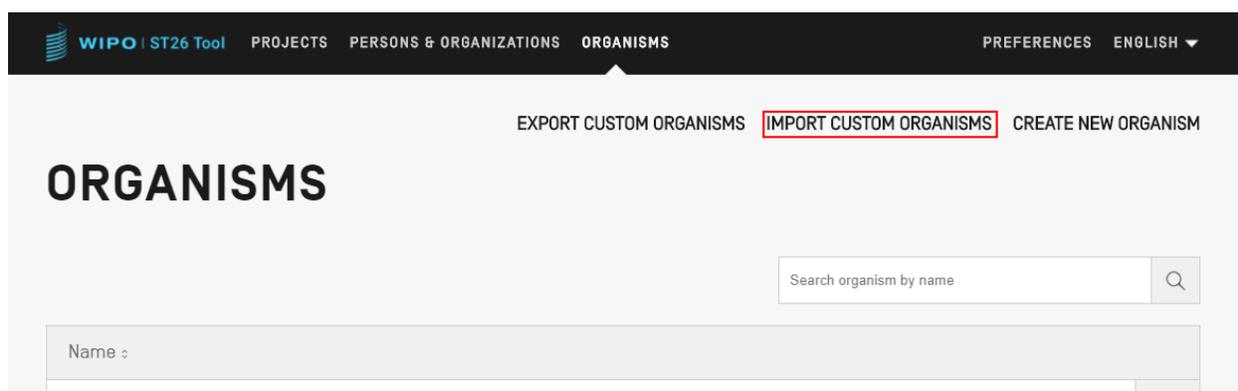


Figura 47: Importar organismos personalizados, etapa 1

Primeiramente, para importar uma lista de organismos personalizados, o usuário deve clicar no link “IMPORT CUSTOM ORGANISMS” (importar organismos personalizados) na parte superior da vista, como ilustrado na Figura 47. Isso abrirá uma sobreposição abaixo da tabela de organismos, como ilustrado na figura 43.

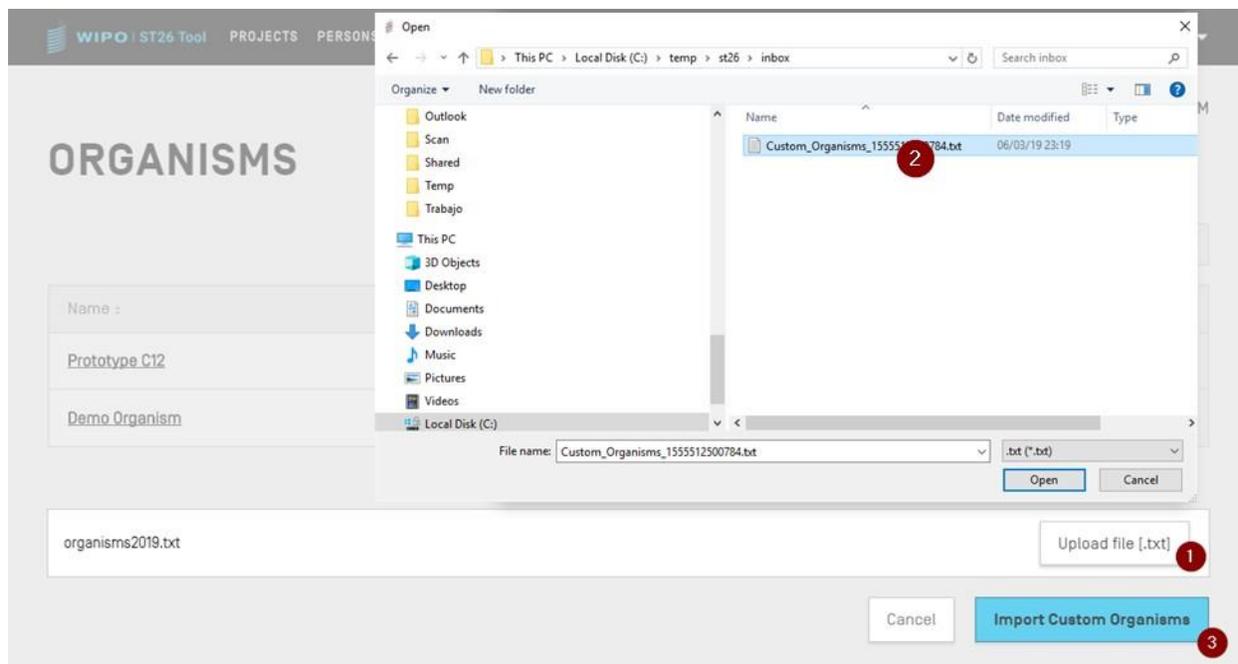


Figura 48: Importar organismos personalizados, diálogo

- 1) Clicar no botão “Upload file [.txt]” (carregar um arquivo [.txt]) (1) ilustrado na Figura 48
- 2) Selecionar na caixa de diálogo o arquivo com os nomes dos organismos personalizados (2)
- 3) Finalmente, clicar no botão azul “Import Custom Organisms” (importar organismos personalizados) (3)

---

**Nota:**

O arquivo a ser importado será um arquivo de texto (\*.txt) contendo uma lista de nomes de organismos em texto simples (UTF-8), com cada item em uma nova linha.

---

## PREFERÊNCIAS DO SISTEMA

A vista das preferências do sistema permite modificar vários parâmetros de configuração de WIPO Sequence. Estes parâmetros serão aplicados a todos os projetos criados ou editados pela ferramenta (veja a figura 44).

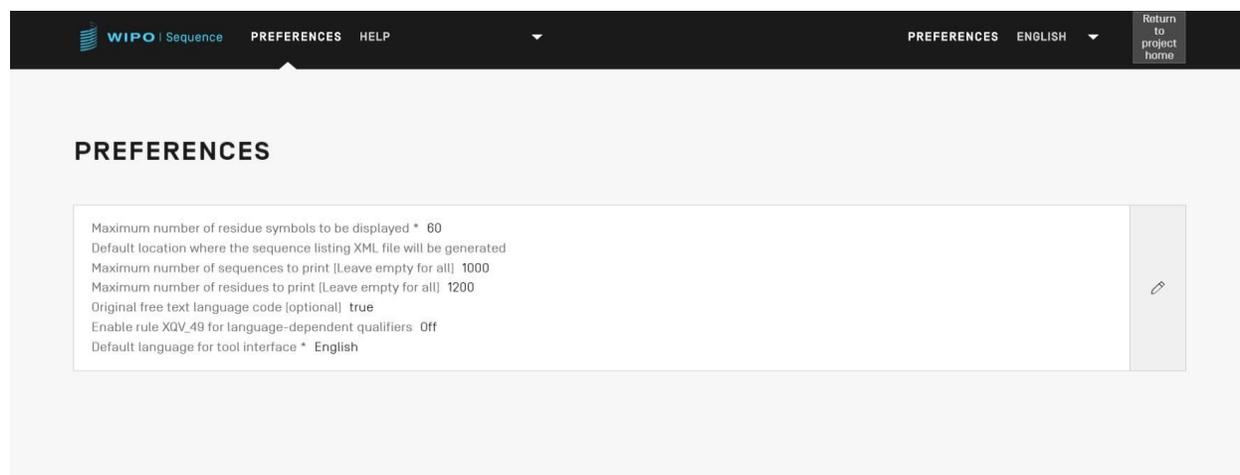


Figura 49: Resumo das preferências do sistema

Para modificar as preferências do sistema, o usuário deve clicar no ícone do lápis ilustrado acima para abrir o painel de edição ilustrado na Figura 49:

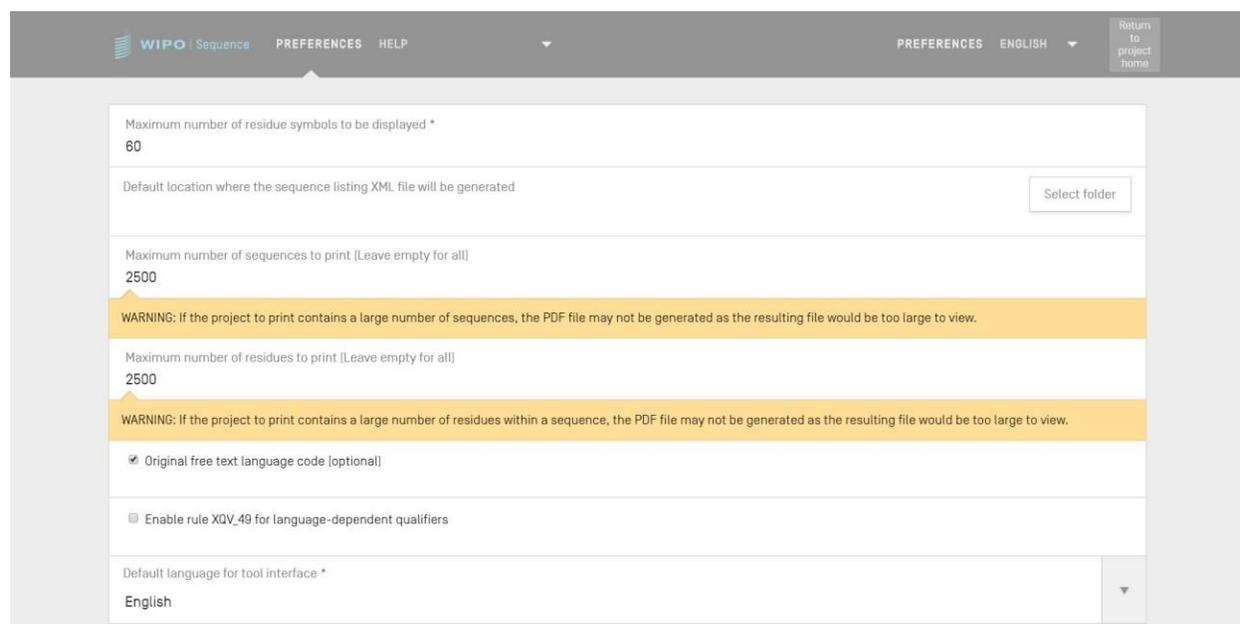


Figura 50: Configurar as preferências do sistema

Os itens de configuração que podem ser modificados nesta vista (em ordem) estão listados abaixo:

- **Número máximo de símbolos de resíduos para visualização:** Este parâmetro define o número de resíduos visualizados por linha quando uma sequência for visualizada. Por predefinição, são 60 resíduos.
- **Localização predefinida onde será gerado o arquivo da listagem de sequências ST.26 (.xml):** Não é necessário indicar esta localização.

- **Número máximo de sequências para impressão (deixar em branco para imprimir todas):** O valor predefinido é de 1000 sequências.
- **Número máximo de resíduos para impressão (deixar em branco para imprimir todos):** O valor predefinido é de 1200 resíduos.
- **Código da língua do texto livre original:** Se esta casa for marcada, um aviso será dado durante a validação se o código da língua do texto livre original não for fornecido. Por predefinição, esta casa não está marcada.
- **Ativar XQV\_49:** Se esta casa for marcada, um aviso será dado se nenhum valor em inglês para um qualificador de texto livre dependente de língua for fornecido. Por predefinição, esta casa não está marcada.
- **Língua predefinida da interface:** É a língua de visualização da interface quando WIPO Sequence for lançada. Por predefinição, a língua é o inglês.

---

**Nota:**

*Os itens 3 e 4 são pertinentes quando o projeto é impresso em PDF. Os usuários devem notar que no caso de listagens muito longas de sequências, o PDF resultante pode conter vários milhares de páginas e ser impossível de visualizar.*

---

## DETALHES DO PROJETO

Esta seção detalha as funcionalidades disponíveis na vista dos detalhes do projeto.

### Imprimir um projeto

Para imprimir um projeto, o usuário deve entrar na vista dos detalhes do projeto desejado e clicar no botão "Print" (imprimir) na parte superior da vista; veja a Figura 51.

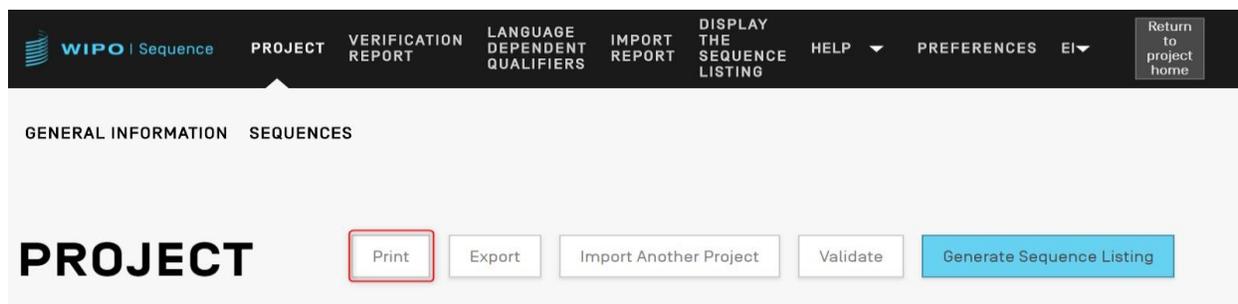


Figura 51: Imprimir um projeto, etapa 1

Em seguida, aparecem duas casas de seleção que permitem ao usuário esclarecer quais informações do projeto deseja imprimir: as informações gerais e/ou as informações sobre sequências (veja a Figura 52).

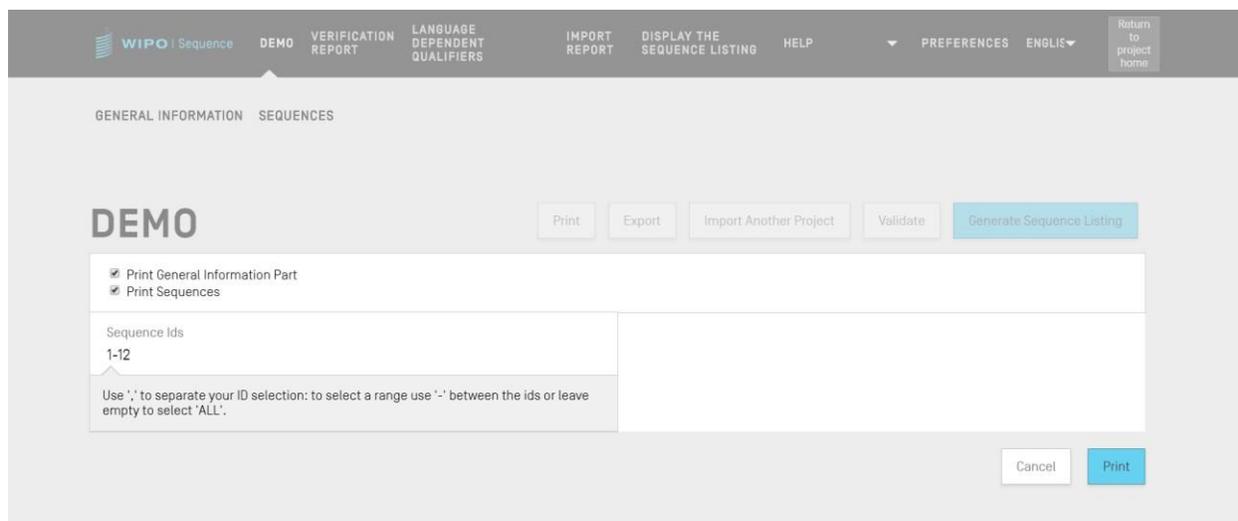


Figura 52: Imprimir um projeto, etapa 2

Se o usuário selecionar "Print Sequences" (imprimir sequências), pode especificar quais sequências devem ser impressas especificando o intervalo de números de ID no campo "Sequence IDs" (IDs de sequências), ou simplesmente imprimir todas deixando este campo em branco.

Por predefinição, o número total de sequências do projeto será apresentado na forma de um intervalo. Depois que o usuário clicar no botão azul "Print" (imprimir), se o arquivo PDF foi gerado corretamente, a ferramenta abrirá o arquivo em um leitor de PDF para que o usuário possa examiná-lo.

Para instruções sobre como baixar o arquivo PDF, veja a figura 9.

## Exportar um projeto

O usuário pode exportar um projeto na forma de um arquivo .zip para fazer uma cópia de segurança dos dados do projeto ou importar o projeto para um outro computador onde WIPO Sequence foi instalado, seguindo as etapas descritas na seção após a Figura 53.

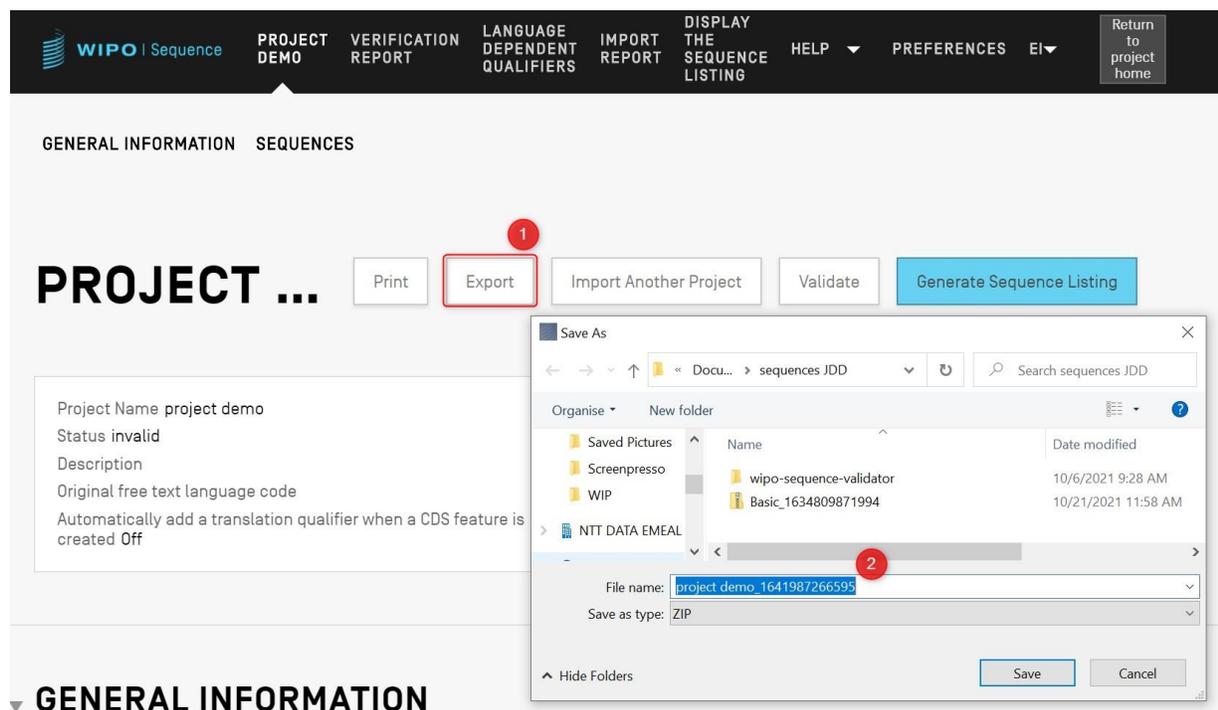


Figura 53: Exportar um projeto, diálogo

- 1) Clicar no botão "Export" (exportar) na parte superior da vista dos detalhes do projeto.
- 2) Na caixa de diálogo que aparece, selecionar o nome do arquivo e a localização onde deseja salvar o projeto.

Se a exportação do projeto for bem-sucedida, uma faixa azul com o nome salvo e sua localização aparece no topo da tela, como ilustrado na Figura 54.

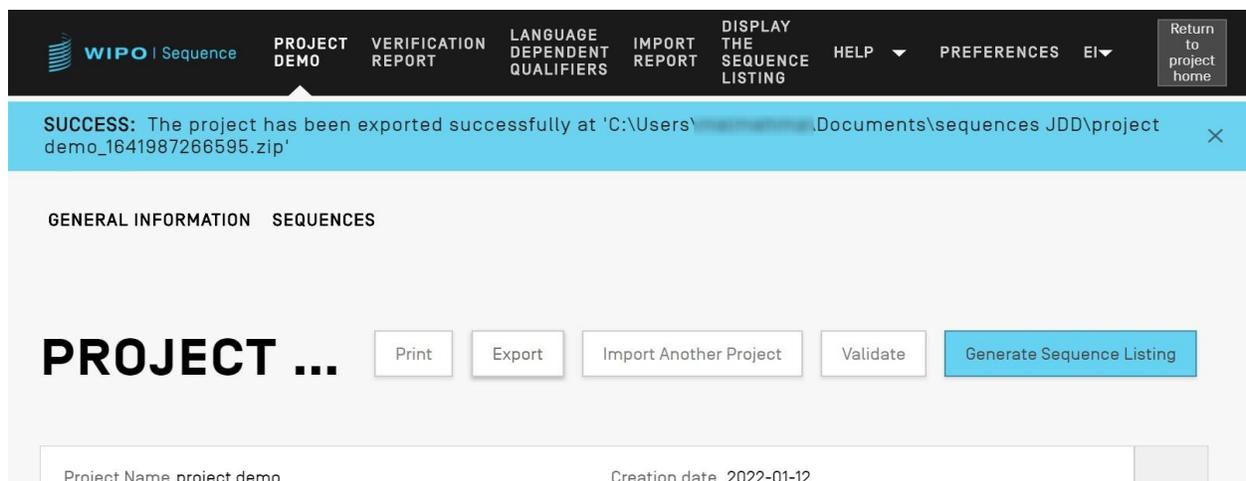


Figura 54: Exportar um projeto, êxito

### Importar informações de outro projeto

O usuário pode copiar informações contidas em outros projetos armazenados na ferramenta para o projeto atualmente aberto. As informações importadas podem pertencer à seção “General Information” (informações gerais) ou à seção “Sequences” (sequências), ou a ambas.

**Nota:** As informações gerais importadas substituirão as informações gerais existentes atualmente no projeto, enquanto que as sequências importadas serão anexadas à lista atual de sequências dentro do projeto.

Para começar, o usuário deve clicar no botão “Import Another Project” (importar outro projeto) na parte superior da vista dos detalhes do projeto; veja a Figura 55.

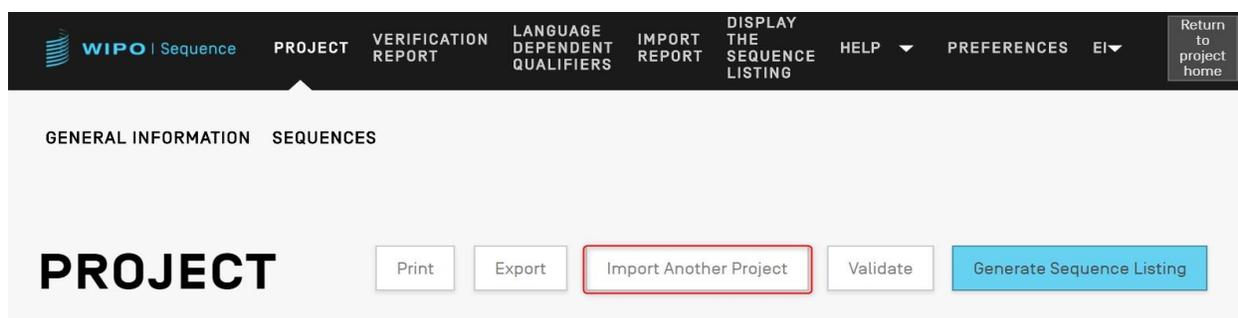


Figura 55: Importar outro projeto, etapa 1

A ferramenta abrirá uma sobreposição, como ilustrada na Figura 56. O usuário deve primeiro selecionar o projeto de origem do qual deseja importar informações.

**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 outro projeto, etapa 2

Em seguida, como ilustrado na Figura 57, o usuário pode selecionar se deseja incluir alguns dos detalhes fornecidos na seção de informações gerais (1) do projeto e também se deseja importar sequências (2); basta fornecer um intervalo de números de ID de sequências (3) para especificar quais sequências devem ser importadas para o projeto.

Por predefinição, o número total de sequências do projeto será apresentado na forma de um 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 outro projeto, etapa 3

Se a casa de seleção das informações gerais for marcada, uma tabela aparecerá exibindo toda a seção de informações gerais de ambos os projetos: o projeto atualmente selecionado (origem) e o projeto de destino.

---

**Nota:**

*Se o usuário não marcar a casa "Selecionar as informações gerais a serem importadas", nenhuma informação geral sobre a listagem de sequências será importada para o projeto.*

---

O usuário deve então selecionar quais elementos das informações gerais devem ser substituídos pelos elementos correspondentes das informações gerais do projeto secundário, como ilustrado na 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 outro projeto, etapa 4

Finalmente, quando o usuário tiver decidido quais elementos das informações gerais e quais sequências devem ser importados para o projeto, deve clicar no botão azul "Import Project" (importar um projeto), ilustrado na parte inferior da Figura 58.

**SUCCESS:** The project has been imported successfully.

Figura 59: Importar outro projeto, êxito

Como ilustrado na Figura 59, uma faixa azul aparece se os elementos foram importados corretamente.

## Validar um projeto

Antes que uma listagem de sequências seja gerada na forma de um arquivo XML conforme com a norma ST.26, o projeto é submetido previamente a uma verificação de validação. Esta etapa é sempre executada antes da geração da listagem de sequências, mas pode também ser executada separadamente.

Para validar um projeto, o usuário deve clicar no botão "Validate" (validar) na parte superior da vista dos detalhes do projeto, ilustrada na Figura 60.

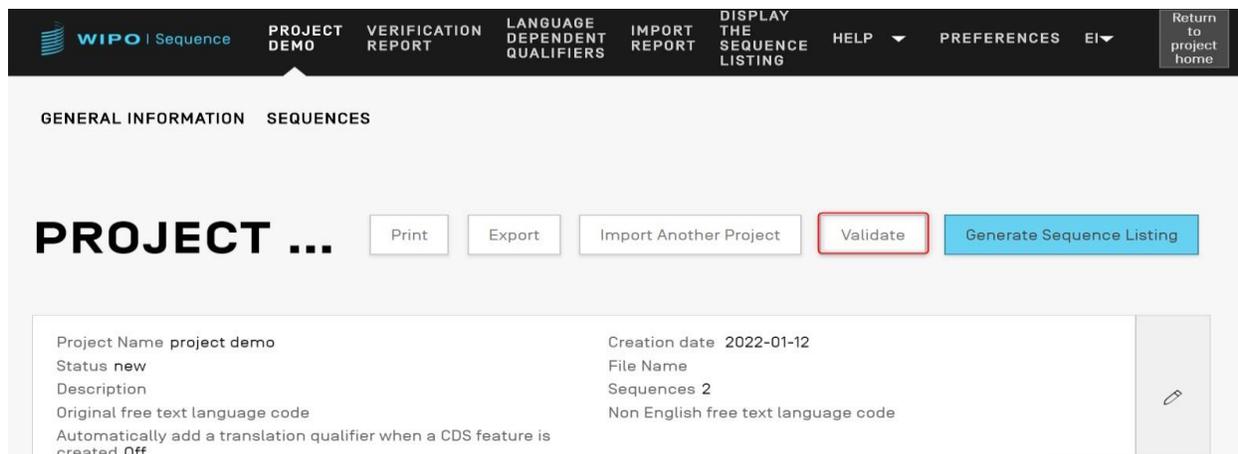


Figura 60: Validação de um projeto, etapa 1

Uma vez concluída a validação, o usuário será levado à vista do relatório de verificação ("Verification Report View"), onde todos os erros de verificação ou avisos que possam ter sido gerados serão exibidos. A Figura 61 mostra a tela que aparece quando a validação é bem-sucedida.

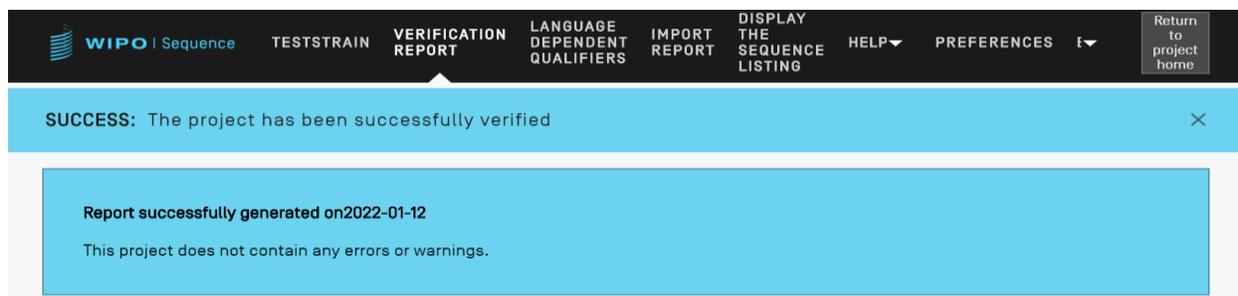


Figura 61: Validação bem-sucedida de um projeto

Se erros forem encontrados ou avisos gerados durante o processo de validação, um relatório de verificação será gerado, contendo uma tabela detalhando quais violações das regras de verificação e das diretrizes foram detectadas. A Figura 62 ilustra um exemplo de um tal relatório. Cada linha também identifica se se trata de um erro que deve ser corrigido ou de um aviso que pode ser ignorado pelo usuário.

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

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

## Report generated on 2022-01-12

Delete selected sequences
Print Report

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

Figura 62: Validação de um projeto, erros/avisos

## Gerar uma listagem de sequências

A última ação que pode ser executada em um projeto, e talvez a mais importante, é a geração da listagem de sequências. Para gerar a listagem de sequências, o usuário deve clicar no botão azul “Generate Sequence Listing” (gerar uma listagem de sequências), na parte superior da vista dos detalhes do projeto, realçado na Figura 63. Antes de mais nada, isto desencadeia automaticamente a execução do processo de validação do projeto).

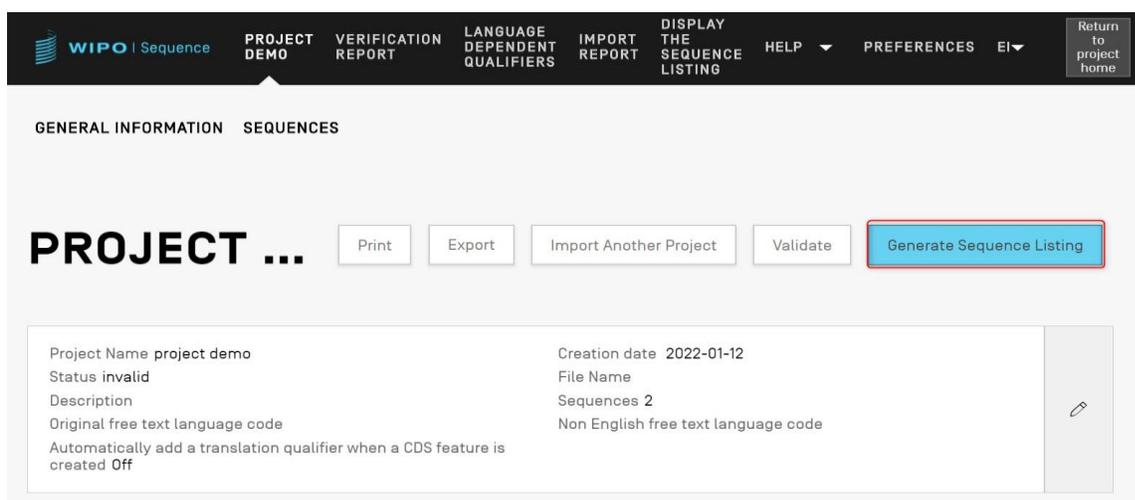


Figura 63: Gerar uma listagem de sequências

Se a validação do projeto for bem-sucedida, uma caixa de diálogo se abre para que o usuário possa selecionar onde salvar a listagem gerada de sequências conforme com a norma ST.26 (.xml), como realçado na Figura 64.

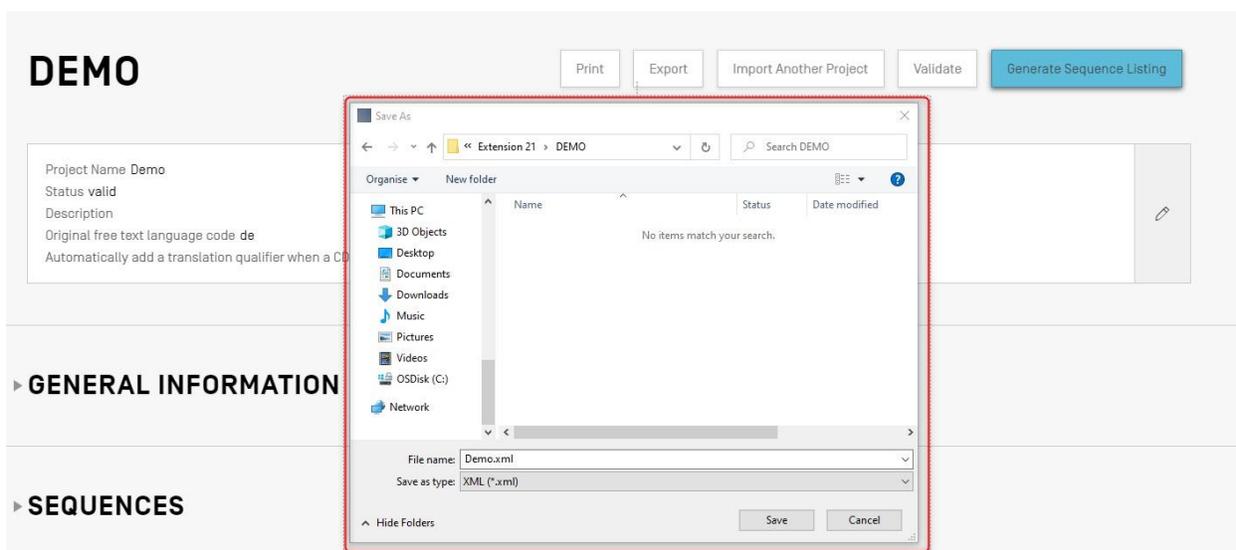


Figura 64: Gerar uma listagem de sequências, diálogo

**Nota:** Existe um problema conhecido quando se utiliza a distribuição Linux: um "\ " extra aparece quando o nome do arquivo é sugerido por predefinição. Para resolver este problema, remova manualmente o "\ " extra antes de salvar.

Se a validação não for bem-sucedida, então aparecerá em vez disso a vista do relatório de verificação, junto com uma faixa vermelha, como ilustrado na Figura 65.

**ERROR:** The ST.26 sequence listing file cannot be generated because the project contains errors.

Report generated on 2022-01-21

Delete selected sequences Print Report

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

Figura 65: Gerar uma listagem de seqüências, erros/avisos

## Informações gerais

Esta seção permite ao usuário inserir informações relacionadas com o próprio pedido de patente, e utilizadas para associar a listagem de seqüências gerada a este pedido.

### Identificação do pedido

A subseção “Application Identification” (identificação do pedido) da seção de informações gerais está relacionada com a situação do pedido de patente e com informações sobre o projeto selecionado; veja a Figura 66.

▼ **GENERAL INFORMATION**

**APPLICATION IDENTIFICATION**

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

Figura 66: Editar a identificação de um pedido

Para editar informações na subseção de identificação do pedido, clique no ícone do lápis realçado acima, à direita da subseção. O usuário deve então fornecer informações em função das etapas seguintes ilustradas na Figura 67:

- 1) Se um número já foi atribuído ao pedido, o usuário deve selecionar o código do Instituto de Propriedade Intelectual (Instituto de PI) onde o pedido foi depositado. Este é o código da norma ST.3 da OMPI.
- 2) O usuário deve selecionar o botão de opção apropriado para indicar se já foi informado do número do pedido ou se este só foi fornecido dentro de um arquivo do pedido.
- 3) Se o usuário não possui o número do pedido, DEVE fornecer neste campo a referência do processo do requerente.
- 4) Se um número do pedido já foi atribuído, o usuário deve inserir o número do pedido fornecido para a patente.
- 5) Selecionar a data do depósito do pedido por meio do seletor de data, se uma data foi atribuída.
- 6) Clicar no botão azul "Save" (salvar).

▼ **GENERAL INFORMATION**

**APPLICATION IDENTIFICATION**

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

Cancel Save 6

Figura 67: Painel de edição da identificação de um pedido

**Nota:** Independentemente do que for inserido, um aviso sempre aparecerá no relatório de verificação, indicando que "Falta o número de identificação do pedido. O número do pedido é obrigatório se o número do pedido tiver sido atribuído."

### Identificação da prioridade

Para adicionar um pedido de prioridade ao projeto, o usuário deve clicar no botão "Add Priority Application" (adicionar pedido de prioridade) na seção de informações gerais da vista dos detalhes do projeto, ilustrada na 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/adicionar um pedido de prioridade, etapa 1

Para definir o pedido de prioridade atualmente selecionado como sendo o pedido mais antigo, o usuário deve selecionar "Yes (sim) na lista de seleção suspensa "Selected Earliest Priority Application" (pedido de prioridade mais antigo selecionado). Isto definirá este pedido como sendo o pedido de prioridade mais antigo quando a listagem de sequências for gerada.

Para terminar, clicar no botão azul "Add Priority Application" (adicionar um pedido de prioridade) na sobreposição ilustrada na Figura 69.

**PRIORITY IDENTIFICATION**

Add Priority Application

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

Cancel Add Priority Application

Figura 69: Painel de edição do pedido de prioridade

### Requerente e inventor

Para adicionar dados relativos a um novo requerente ou inventor ao projeto, o usuário deve clicar

no botão “Add Inventor” (adicionar inventor) ou “Add Applicant” (adicionar requerente) na seção de informações gerais da vista dos detalhes do projeto. As etapas de execução de ambas essas ações são idênticas, portanto apenas instruções gerais são dadas aqui, mas este processo deve ser repetido para incluir tanto um requerente quanto um inventor no projeto, mesmo se o requerente também é o inventor.

Uma sobreposição se abre com dois botões de opção, ilustrados na Figura 70. Se o usuário selecionar “Existing applicant/inventor” (requerente/inventor existente), pode escolher um na lista de seleção suspensa das pessoas e organizações atualmente salvas na instância local da ferramenta. A Figura 70 mostra uma lista de três requerentes existentes, incluindo "John Smith".

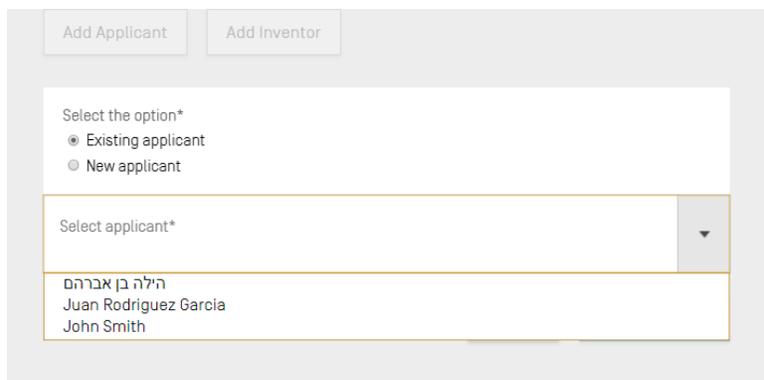


Figura 70: Adicionar um requerente/inventor existente

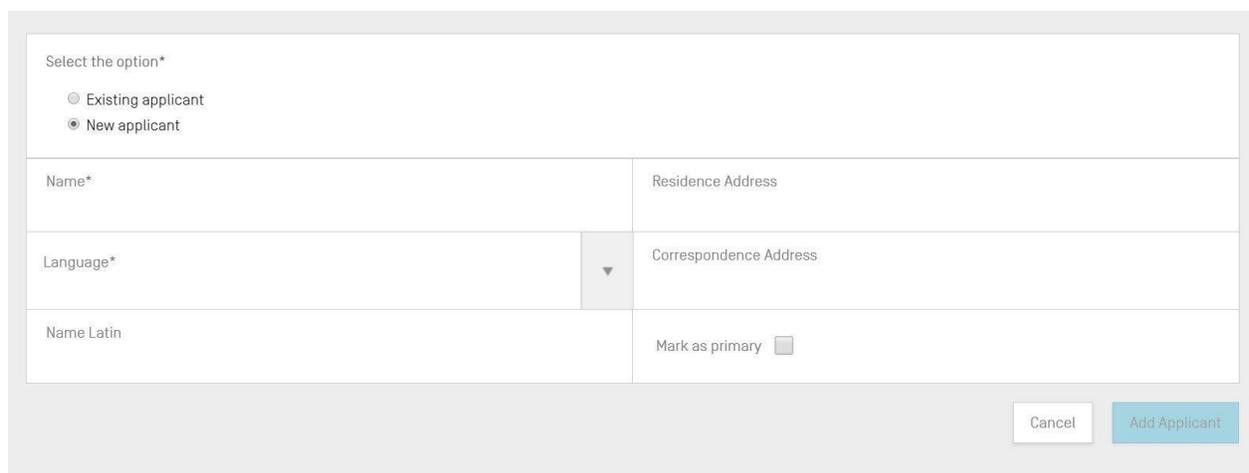
Se o usuário selecionar “New applicant/inventor” (novo requerente/inventor), deve preencher o painel de edição da mesma maneira que quando uma nova pessoa ou organização é criada (veja a Figura 71).

---

**Nota:** Basta um só requerente para que a listagem de sequências seja considerada válida. Portanto, um requerente e/ou inventor deve ser marcado como requerente principal. Este é o requerente/inventor que aparecerá na listagem de sequências gerada.

---

Finalmente, uma vez que todos os detalhes tiverem sido preenchidos, o usuário clica no botão "Add Applicant/Inventor" (adicionar um requerente/inventor) ilustrado na Figura 71. Como os campos obrigatórios indicados abaixo ainda não foram incluídos, o usuário não pode adicionar o requerente e o botão azul "Add Applicant" (adicionar um requerente) está sombreado.



Select the option\*

Existing applicant

New applicant

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

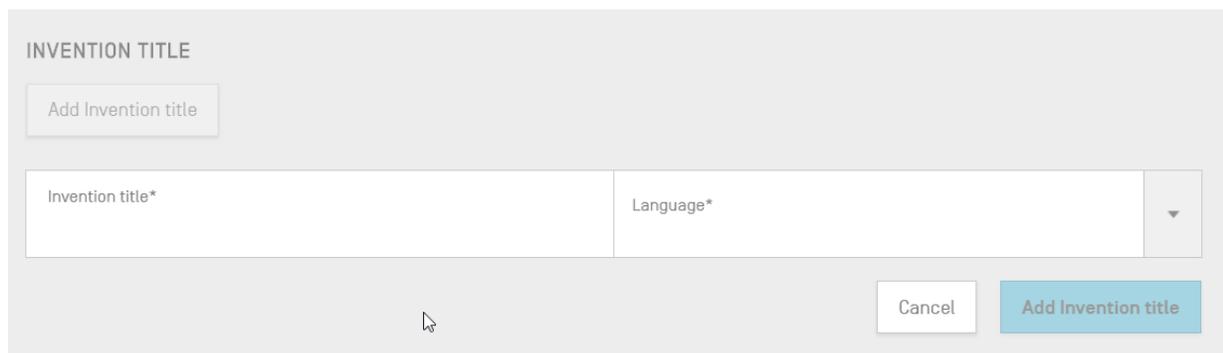
Cancel Add Applicant

Figura 71: Adicionar um novo requerente/inventor

### Título da invenção

A subseção “Invention Title” (título da invenção) é a última na seção de informações gerais.

- 7) Para adicionar um novo título de invenção, clique no botão “Add Invention title” (adicionar o título de uma invenção), como ilustrado na Figura 72.



INVENTION TITLE

Add Invention title

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

Cancel Add Invention title

Figura 72: Adicionar o título de uma invenção, painel de edição

- 8) Nesta sobreposição, o usuário deve inserir o título da invenção e também indicar em que língua o título foi fornecido.
- 9) Clicar no botão azul “Add Invention title” (adicionar título da invenção).

---

**Nota:** De acordo com a norma ST.26 da OMPI, uma listagem de sequências deve obrigatoriamente ter o título da invenção fornecido na língua de depósito. No entanto, um projeto pode opcionalmente incluir mais de um título de invenção, em línguas adicionais, mas apenas um título de invenção por língua. Cada novo título de invenção pode ser adicionado executando as etapas acima.

---

## Sequências

A seção "Sequences" (sequências) da vista dos detalhes do projeto é onde o usuário fornece as informações técnicas relacionadas com as próprias sequências.

Para criar/importar/insertir/reordenar uma sequência, o usuário deve rolar até a seção "Sequences" na parte inferior da vista dos detalhes do projeto. As subseções abaixo fornecem mais detalhes sobre as etapas necessárias para executar estas ações.

### Criar uma sequência

- 1) Clicar no botão "Create new sequence" (criar nova sequência), como ilustrado na Figura 73.

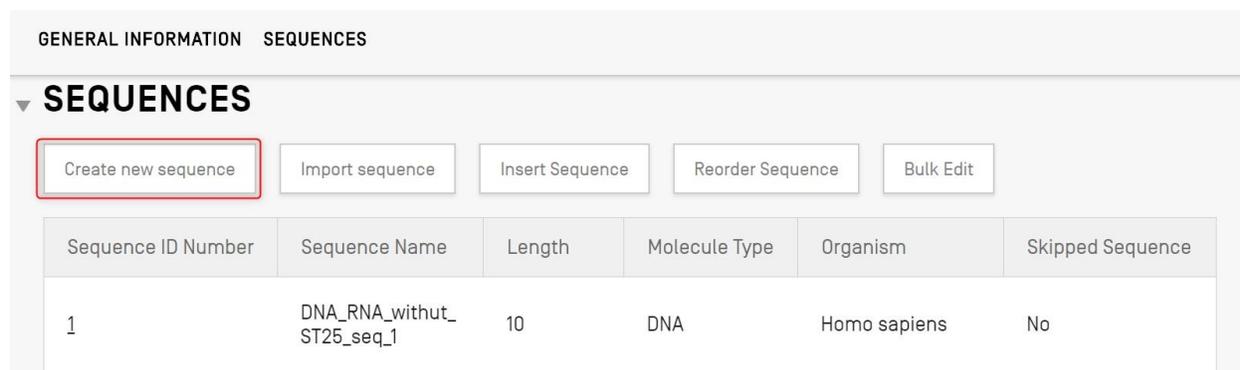


Figura 73: Criar uma nova sequência, etapa 1

As etapas restantes estão ilustradas na Figura 74:

- 2) O usuário tem a opção de fornecer um nome inserindo um valor no campo "Sequence name" (nome da sequência), a fim de poder distinguir mais facilmente esta sequência. Se o campo for deixado em branco, a ferramenta atribuirá um valor predefinido, o nome predefinido de cada nova sequência começando por "Seq" seguido por um número iterativamente crescente ("Seq\_1", "Seq\_2", "Seq\_3") (1).

O usuário deve selecionar um dos três tipos de molécula permitidos pela norma ST.26 e fornecidos na lista de seleção suspensa ("DNA", "RNA" & "AA") (2). A sequência em si deve ser inserida no campo de texto "Residues"<sup>5</sup> (resíduos) (3). Nota: Se o usuário deseja criar uma sequência contendo segmentos tanto de ADN quanto de ARN, deve selecionar "DNA" como o principal tipo de molécula.

O usuário deve também selecionar um nome de organismo para a sequência sendo criada, pois este é um campo obrigatório. Esse nome pode ser selecionado em uma lista de organismos predefinidos contidos na base de dados da ferramenta para computadores ou um dos organismos personalizados criados e salvos localmente pelo usuário. Basta começar a digitar o nome do organismo e uma lista de seleção suspensa aparecerá com as opções de ambas essas fontes (4).

<sup>5</sup> Veja a Norma ST.26 da OMPI – Anexo I, Seções 1 & 3, para as tabelas dos símbolos válidos de nucleotídeos e aminoácidos

O usuário também pode classificar o organismo selecionando um "Qualifier Molecule Type" (qualificador do tipo de molécula)<sup>6</sup> na lista de seleção suspensa (5) que fornece valores que variam dependendo do tipo de molécula previamente selecionado.

Se o usuário marcar a opção "Mark as an intentionally skipped sequence" (marcar como sequência ignorada de modo intencional) (6), o painel de sequências removerá todas as restrições relativas ao fornecimento de valores para os elementos obrigatórios e a sequência salva resultante será ignorada quando o projeto for validado e uma listagem de sequências for gerada (o valor dos resíduos será indicado como sendo "000").

Se o usuário marcar a opção "The sequence contains both DNA & RNA segments" (a sequência contém segmentos de ADN & de ARN) (6), o painel se expandirá para incluir campos que permitem que o usuário descreva cada segmento de ADN e ARN com uma característica "misc\_feature" (características diversas). A localização de cada um dos segmentos definidos será armazenada em uma característica "misc\_feature" diferente (7) da sequência, junto com um qualificador "nota" dentro de cada "misc\_feature", contendo o tipo de molécula seguido pelo valor de campo de texto "Further Text" (texto adicional) dentro de cada "misc\_feature". O usuário pode criar tantas destas características quanto necessário clicando no botão "Add new 'misc\_feature' feature" (adicionar nova característica diversa), e isso deve ser feito desta maneira para todos os segmentos em toda a sequência: tanto segmentos de ADN **quanto** segmentos de ARN.

The screenshot shows a web form for creating a sequence. It includes the following elements:

- 1**: Sequence Name field with the placeholder text "Name/Description for sequence".
- 2**: Molecule Type\* dropdown menu with "DNA" selected.
- 3**: Residues\* text area containing a long string of nucleotide characters.
- 4**: Organism name\* field with the value "Saaristoa firma".
- 5**: Qualifier Molecule Type dropdown menu with "genomic DNA" selected.
- 6**: A group of checkboxes including "Mark as an intentionally skipped sequence" (unchecked) and "The sequence contains both DNA & RNA fragments" (checked).
- 7**: A table for "misc\_feature" entries with columns for Molecule Type (set to "RNA"), Location (set to "7..13"), and Further Text.

At the bottom of the form are four buttons: "Cancel", "Add new 'misc\_feature' feature", "Create sequence", and "Create & Display Sequence".

Figura 74: Criar uma nova sequência, painel de edição

- 3) Para terminar, o usuário deve clicar no botão cinza "Create sequence" (criar sequência) ou no botão azul "Create & Display Sequence" (criar e visualizar sequência).

<sup>6</sup> Veja a Norma ST.26 da OMPI – Anexo I, Seções 6 & 8, tabelas de nucleotídeos e de aminoácidos, para os valores dos qualificadores respectivos de entrada do tipo de molécula ("mol type")

Se o usuário clicar no botão azul “Create & Display sequence”, uma vista recolhível da sequência se abrirá depois que a sequência tiver sido criada, abaixo da seção de sequências, dentro da vista dos detalhes do projeto ilustrada na Figura 69, para que o usuário possa examinar os valores.

A sequência recém-criada pode ser encontrada na última posição da lista de sequências, designada pelo próximo número de ID de sequência disponível. Um exemplo de uma sequência recém-criada está ilustrado na Figura 75.

Para mais detalhes sobre como reordenar a lista de sequências, veja a Figura 85 e a Figura 86.

**SEQUENCE 2**

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

**FEATURES**

Add feature

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

**SEQUENCE**

```

atctacttca  ttgaatctac  ttcattgaat  ctacttoatt  gaatctactt  cattgaatct  acttcattga  atctacttca  80
ttgaatctac  ttcattgaat  ctacttoatt  gaatctactt  cattgaatct  acttcattga  atctacttca  ttgaatctac  160
ttcattgaat  ctacttoatt  gaatctactt  cattgaatct  acttcattga  atctacttca  ttgaatctac  ttcattgaat  240
ctacttoatt  gaatctactt  cattgaatct  acttcattga  atctacttca  ttgaatctac  ttcattgaat  ctacttoatt  320
gaatctactt  cattgaatct  acttcattga  atctacttca  ttgaatctac  ttcattgaat  ctacttoatt  gaatctactt  400

```

Figura 75: A nova sequência foi salva no projeto

### Importar uma sequência

É possível também importar sequências diretamente de arquivos para projetos. Os formatos de arquivo aceitos<sup>7</sup> são **RAW**, **multi-sequências**, **FASTA**, **ST.26** e **ST.25**. Quando um arquivo é selecionado, WIPO Sequence detecta automaticamente o formato do arquivo.

- 1) Clicar no botão "Import sequence" (importar sequência) realçado na Figura 76.

<sup>7</sup> Veja a seção sobre os formatos de arquivo neste documento

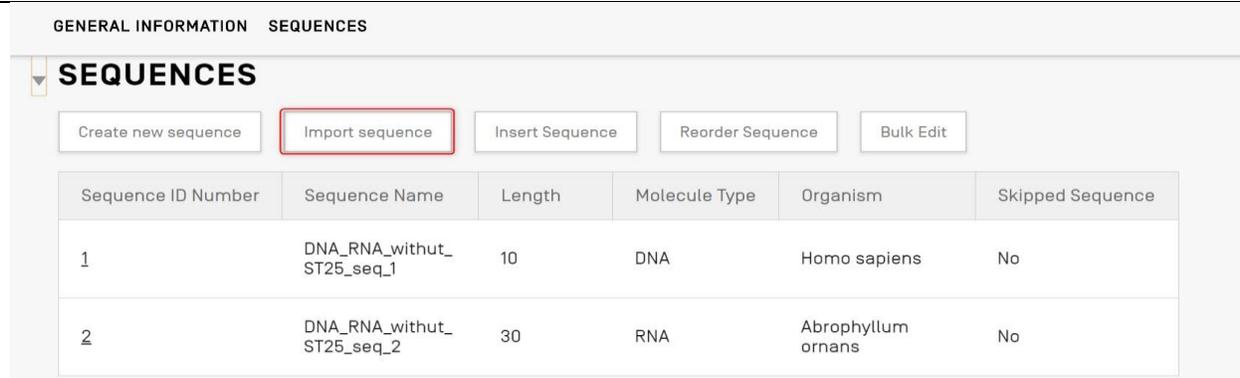


Figura 76: Importar uma sequência, etapa 1

- 2) Clicar em “Upload file [.txt, .xml]” (carregar um arquivo [.txt, .xml]), como ilustrado na Figura 77.

Quando a caixa de diálogo se abre, selecionar o arquivo contendo dados de sequências a serem importados. A ferramenta para computadores detectará o formato usado e executará algumas verificações de validação durante a importação.

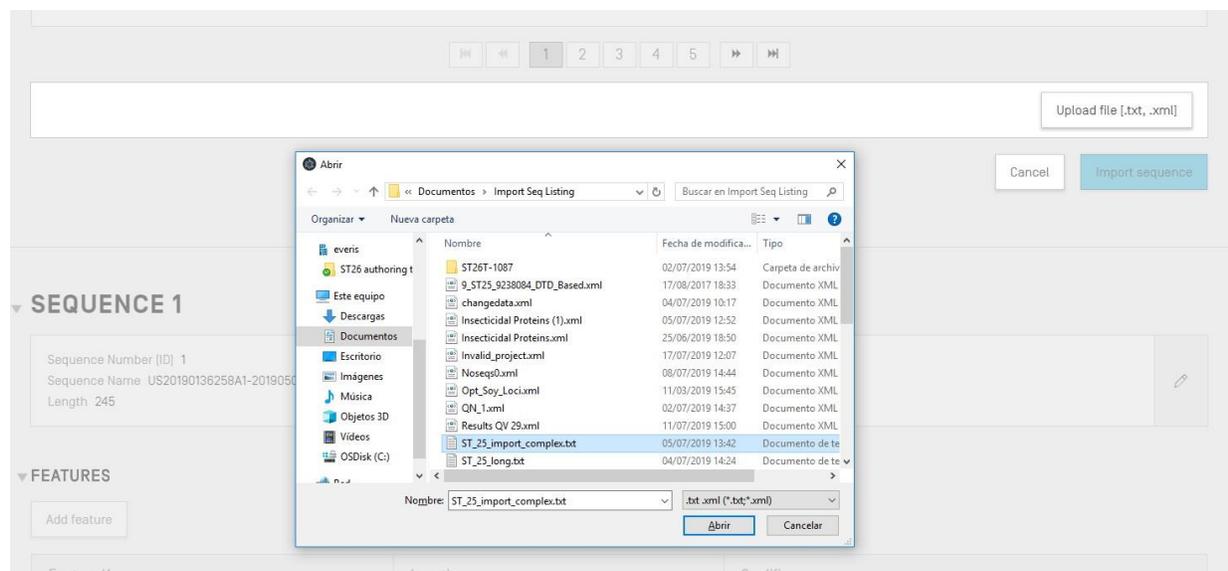


Figura 77: Importar uma sequência, diálogo

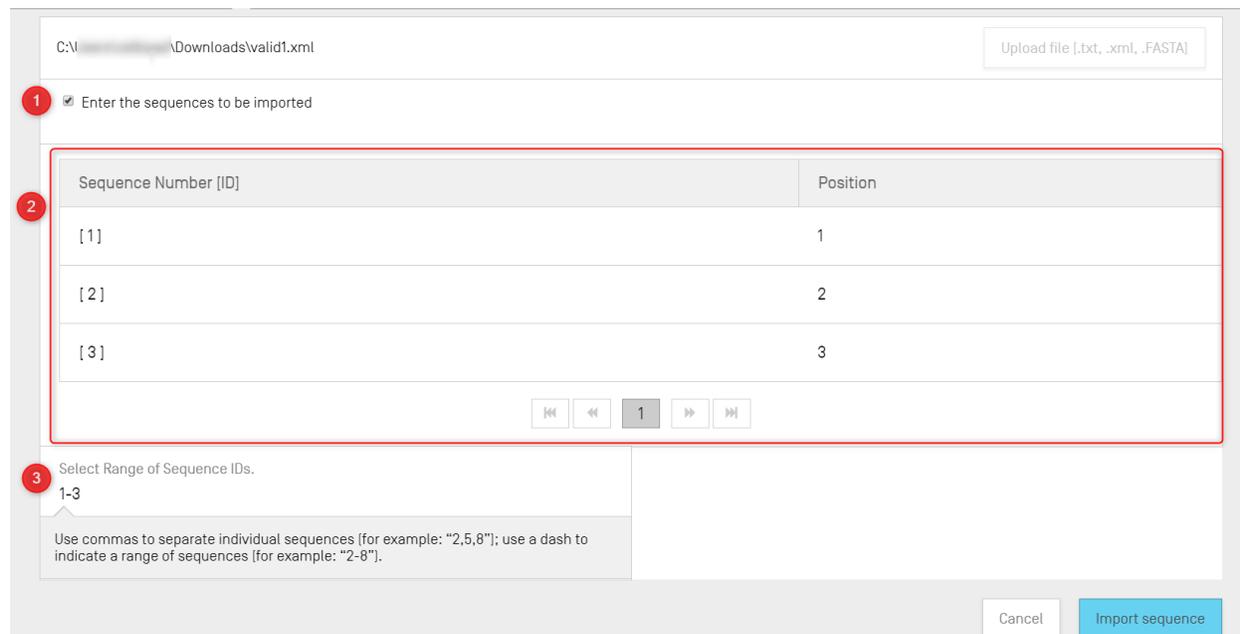
A ferramenta aceita importar sequências em cinco formatos: RAW, multi-sequências, FASTA, ST.26 e ST.25. Os formatos em que esses arquivos devem ser fornecidos são descritos na última seção deste documento.

Quando o usuário seleciona um arquivo no formato ST.25 ou ST.26 (veja a Figura 78), primeiro vê uma casa de seleção, “Select Range of Sequence IDs” (selecionar um intervalo de IDs de sequências) (1). Quando esta casa é marcada, uma tabela (2) se abre com os números de ID de cada sequência no arquivo e a ordem em que serão anexadas à lista de sequências fornecida no projeto.

Se o usuário não deseja importar todas as sequências para o projeto, pode fornecer o intervalo desejado de números de ID de sequências (3).

É possível inserir uma única sequência, assim como uma lista de sequências separadas por vírgulas ou um intervalo de sequências na forma  $x-y$ .

Exemplo: "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, a checkbox labeled "Enter the sequences to be imported" is checked. A table with two columns, "Sequence Number [ID]" and "Position", is displayed. The table contains three rows: [1] at position 1, [2] at position 2, and [3] at position 3. Below the table are navigation buttons: a double left arrow, a single left arrow, a page number "1" in a grey box, a single right arrow, and a double right arrow. Below the table, there is a "Select Range of Sequence IDs" field with the value "1-3" and a tooltip that says "Use commas to separate individual sequences (for example: '2,5,8'); use a dash to indicate a range of sequences (for example: '2-8')." At the bottom right, there are "Cancel" and "Import sequence" buttons.

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

Figura 78: Importar uma sequência, formato ST.25/ST.26

Quando um arquivo no formato multi-sequências é importado (veja a Figura 79), o usuário verá uma casa de seleção, "Select Range of Sequence IDs" (selecionar um intervalo de IDs de sequências) (1), que, quando marcada, exibirá uma tabela de pré-visualização dos números de ID das sequências correspondentes no arquivo, assim como os detalhes de cada sequência na coluna "Detail" (detalhes) (2), incluindo o nome da sequência, o tipo de molécula e o nome do organismo.

O usuário deve selecionar o intervalo de números de ID das sequências que deseja importar para a lista de sequências no projeto (3). Por predefinição, o número total de sequências do arquivo da listagem de sequências selecionado será visualizado como um 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 uma sequência, formato multi-sequências

Os dois últimos formatos aceitos pelo processo de importação de sequências são os formatos de arquivo RAW e FASTA (veja a seção sobre os formatos de arquivos). Estes formatos definem apenas uma única sequência por arquivo. Quando um arquivo RAW é selecionado para ser importado, a ferramenta exibe o painel de edição ilustrado na Figura 80 e quando um arquivo FASTA é importado o painel de edição ilustrado na Figura 81 é exibido. O usuário deve prosseguir preenchendo os campos obrigatórios.

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* <span>▼</span>
Organism name *	Qualifier Molecule Type <span>▼</span>

Cancel Import sequence

Figura 80: Importar uma sequência, formato RAW

Figura 81: Importar uma sequência, formato FASTA

3) Para terminar, o usuário deve clicar no botão azul "Import sequence" (importar sequência).

Depois da importação, a ferramenta levará o usuário à vista do relatório de importação ("Import Report View") ilustrada na Figura 127.

**Inserir uma sequência**

Para inserir uma sequência em uma posição específica da lista de sequências, o usuário deve clicar no botão "Insert Sequence" (inserir uma sequência) na parte superior da seção de sequências (realçado na figura 82).

**SEQUENCES**

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

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

Figura 82: Inserir uma sequência, etapa 1

Um painel sobreposto aparecerá (veja a Figura 83). O usuário deve preencher todas as informações necessárias para criar uma sequência (veja a Figura 73) e, além disso, na parte superior esquerda do painel, o usuário deve inserir a posição na qual a sequência deve aparecer na lista de sequências (como realçado na Figura 83).

Figura 83: Inserir uma sequência, painel de edição

Para terminar, o usuário pode clicar em "Insert sequence" (inserir uma sequência) ou "Insert & Display Sequence" (inserir e visualizar uma sequência), igualmente realçados na 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

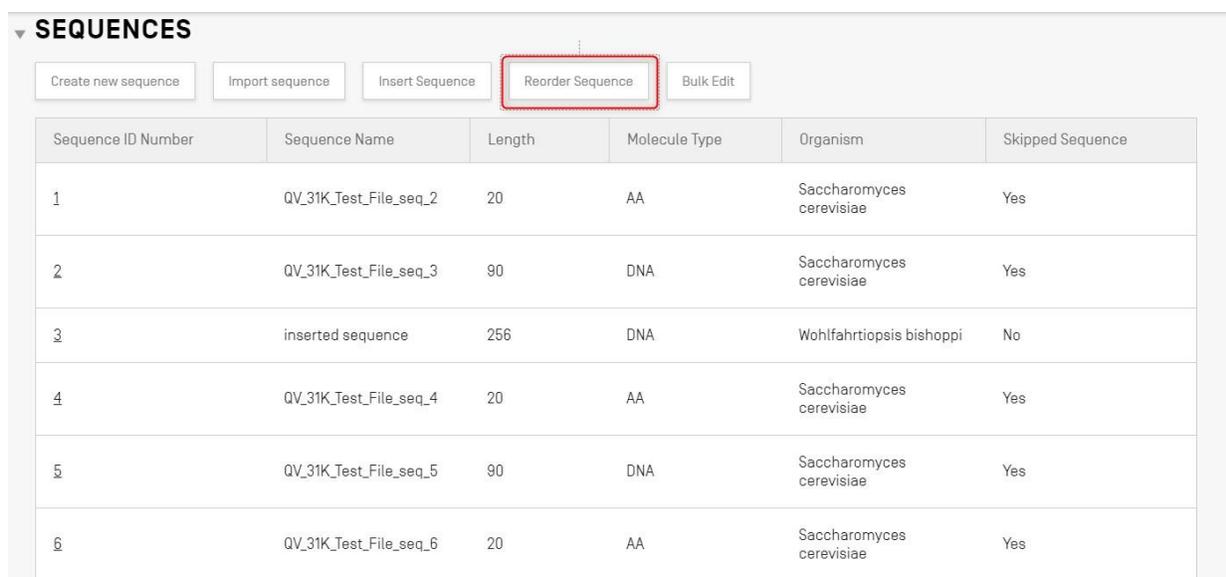
Figurs 84: Sequência inserida na posição especificada

Se o usuário clicar no botão azul "Insert & Display sequence" (inserir e visualizar uma sequência), uma tabela recolhível de sequências se abrirá depois que a sequência tiver sido criada, abaixo da lista de sequências na vista dos detalhes do projeto, como ilustrado na Figurs 84.

## Reordenar uma sequência

O usuário pode modificar a ordem em que as sequências devem aparecer na lista de sequências fornecida em um projeto, executando as etapas seguintes. A modificação da ordem das sequências está ilustrada desde a figura 85 (começo) até a figura 87 (resultado).

- 1) Clicar no botão "Reorder Sequence" (reordenar sequências) ilustrado na Figura 85.



The screenshot shows a web interface titled "SEQUENCES". At the top, there 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 sequências

- 2) Selecionar uma ou mais sequências a serem deslocadas e selecionar a posição em que devem ser colocadas com relação à ordem atual da lista de sequências, como ilustrado na 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 "1", "2", "3", "4", "5" and arrows. The main area has 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: Reordenar sequências, painel de edição

- 3) A sequência agora aparece na Figura 87 na segunda posição.

**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: Sequência(s) mostrada(s) como reordenada(s)

### Edição em massa

O usuário pode usar a edição em massa quando precisa alterar múltiplas sequências. Embora seja possível acessar e editar sequências individualmente, isto seria inviável para projetos com um grande número de sequências.

- 1) Clique em "Bulk edit" (edição em massa), ilustrado na 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: Edição em massa, etapa 1

- 2) Selecione "Qualifier molecule type" (tipo de molécula de qualificador), "Organism" (organismo) ou "Feature" (característica) como "Type of bulk edit" (tipo de edição em massa).

Type of bulk edit\*  
Qualifier molecule type

Select the type of bulk edit to continue

Molecule Type\*  
DNA

Qualifier Molecule Type\*

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'.

Figura 89: Edição em massa, etapa 2

Como ilustrado na Figura 89, o sistema informa o usuário que o valor do qualificador "mol\_type" pode ser editado APENAS em sequências de ácidos nucleicos (porque o sistema define automaticamente o mesmo valor como "protein" em sequências de aminoácidos).

- Depois que o usuário selecionou o tipo de molécula, o sistema solicita que selecione o tipo de sequências de ácidos nucleicos que devem ser editadas em massa

Type of bulk edit\*  
Qualifier molecule type

Select the type of bulk edit to continue

Molecule Type\*  
DNA

Qualifier Molecule Type\*  
unassigned DNA

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

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

Enter one or more of the following DNA sequences to edit the qualifier 'mol\_type'.

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

Figura 90: Edição em massa, o qualificador mol\_type foi identificado

Como ilustrado na Figura 90, o sistema também avisa os usuários que, em sequências onde o organismo = "synthetic sequence" (sequência sintética), o qualificador "mol\_type" deve ser "other DNA" (outro ADN) ou "other RNA" (outro

ARN), e se o usuário alterar estes valores, um erro será gerado durante a validação do projeto.

- 4) O sistema exibe para seleção a lista de sequências a serem editadas em massa.

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: Edição em massa, o qualificador mol\_type foi atualizado

Quando o tipo de edição em massa é organismo:

- 1) Selecione "Organism" como "Type of bulk edit" (tipo de edição em massa) (1), como ilustrado na Figura 92. O usuário deve inserir o intervalo de IDs das sequências a serem editadas (2). Em seguida, se o usuário decidiu modificar o valor de organismo para "synthetic construct" (construção sintética), o sistema o notificará que o qualificador "mol\_type" (tipo de molécula) será automaticamente alterado para "other DNA" (outro ADN) ou "other RNA" (outro ARN) de acordo com o tipo de molécula. (3).

Type of bulk edit\*

Organism

Select Range of Sequence IDs\*

1-3

Select the type of bulk edit to continue

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

Organism name\*

synthetic construct

The qualifier 'mol\_type' value will be automatically changed to 'other DNA' or 'other RNA'.

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

Figura 92: Edição em massa de organismos, etapa 1

Quando o tipo de edição em massa é "Features" (características):

- 1) Escolha "Features" (características) como "Type of bulk edit" (tipo de edição em massa) (veja a Figura 93) (1). Em seguida, o usuário deve especificar se deseja editar características existentes ou adicionar novas (2). O usuário deve inserir o tipo de molécula ("Molecule Type") (3) e o intervalo de IDs

de seqüências para serem editados (4). Se o usuário escolher "Edit feature" (editar uma característica) (2), se decidir então modificar o valor da localização da característica (6) para "complement(join(1..30,61..90))", a ferramenta atualizará todas as características de CDS existentes (5) das seqüências de SEQ ID 5 e 8 para o valor fornecido.

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: Edição em massa de características, etapa 1

2) Caso o usuário escolher "Add feature" (adicionar uma característica) como tipo de edição em massa (veja a Figura 94): uma nova característica "CHAIN" (4) com a localização da característica "1..13" (5) será adicionada a cada uma das seqüências selecionadas de SEQ IDs 1,2,7 (3).

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

Figura 94: Edição em massa de características: adicionar uma característica

3) Caso o usuário escolher "Bulk Skip" (ignorar em massa) como tipo de edição em massa (veja a Figura 95). O intervalo de sequências que deve ser ignorado é identificado como um intervalo de SEQ IDs (1).

The screenshot shows a web interface for bulk editing sequences. At the top, there are navigation buttons and a page number '1'. Below this, there are two main input fields. The first field is labeled 'Type of bulk edit\*' and has a dropdown menu with 'Bulk skip' selected. Below this field is a prompt: 'Select the type of bulk edit to continue'. The second field is labeled 'Select Range of Sequence IDs\*' and contains the number '1', which is circled in red. Below this field is a prompt: 'Use commas to separate individual sequences [for example: "2,5,8"]; use a dash to indicate a range of sequences [for example: "2-8"]'. At the bottom right of the form, there are two buttons: 'Cancel' and 'Edit sequences'.

Figura 95: Edição em massa de características: ignorar em massa

### Editar sequências

Para editar uma sequência, o usuário deve clicar no número de ID da sequência correspondente a ser modificada, como realçado na Figura 96 (Sequence ID "1").

#### Nota:

Todas as listagens de sequências em conformidade com a norma ST.26 da OMPI devem começar pela SEQ ID #1 e ser numeradas consecutivamente até o fim da sequência.

**SEQUENCES**

Create new sequence   Import sequence   Insert Sequence   Reorder Sequence   Bulk Edit

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

Figura 96: Editar uma sequência

Isso abrirá uma nova seção na vista dos detalhes do projeto, abaixo da seção das sequências, como ilustrado na Figura 97.

Esta seção de sequências se compõe do painel de edição das informações básicas ("Basic Information"), que é realçado e colocado em primeiro lugar, da tabela com a lista de características ("Features") em segundo lugar, e do painel de edição dos resíduos ("Sequence") no fim da seção.

Figura 97: Editar uma sequência, painel de edição

### Características

De acordo com a norma ST.26 da OMPI, cada sequência DEVE ter pelo menos uma característica associada a ela: a fonte ("source"), dependendo do tipo de molécula. Cada característica de fonte deve ter dois qualificadores obrigatórios: organismo e mol\_type.

A tabela de características ("Features") contém três colunas: a das chaves de caracterização, a das localizações das características dentro da sequência genética e a dos qualificadores associados com uma característica individual de uma sequência.

A localização da característica indica em qual segmento da sequência a característica existe. Os formatos permitidos para especificar a localização da característica são indicados pela norma ST.26 da OMPI e são os seguintes:

- Número único de resíduos:  $x$
- Números de resíduos definindo uma extensão de sequências:  $x..y$
- Resíduos antes do primeiro ou depois do último número de resíduo especificado:  $<x,$   
 $>x,$   $<x..y,$   $x..>y,$   $<x..>y$
- Um local entre dois nucleotídeos adjacentes:  $x^y$
- Números de resíduos unidos por uma ligação cruzada intra-cadeia:  $x..y$

Operadores de **localização** podem ser usados para formar descrições complexas de localizações:

- "**join (unir)** (localização, localização, ... localização)": As localizações são unidas (umas depois das outras) para formar uma sequência contígua.
- "**order (ordenar)** (localização, localização, ... localização)": Os elementos estão na ordem especificada mas isso não implica que unir estes elementos seja razoável.
- "**complement (complemento)** (localização): Indica que a característica está localizada na cadeia complementar da extensão de sequência especificada pelo descritor de localização, quando lida na direção 5' a 3' ou na direção que imita a direção 5' a 3'.

Para adicionar uma nova característica à sequência, clicar no botão "Add feature" (adicionar uma característica) na seção das características da sequência selecionada, realçado abaixo na Figura 98.

▼ SEQUENCE 2

Sequence Number (ID) 2  
Sequence Name Inserted sequence  
Length 41

Molecule Type DNA  
Organism Wohlfahrtiopsis bishoppi

▼ FEATURES

Add feature

Feature Key	Location	Qualifiers
SOURCE	1..41	mol_type = genomic DNA organism = Wohlfahrtiopsis bishoppi

1

▼ SEQUENCE

gatagtatgt atatatagta gtatgatgat gatatgatga t 41

Figura 98: Adicionar uma característica a uma sequência

Em seguida, na sobreposição que se abre (ilustrada na Figura 99) na tela, selecionar uma entrada na lista de seleção suspensa de chaves de caracterização<sup>8</sup> e especificar a localização da característica na sequência à qual se aplica a característica.

<sup>8</sup> Veja a Norma ST.26 da OMPI – Anexo I, Seções 5 & 7, para as tabelas de chaves de caracterização de nucleotídeos e aminoácidos

▼ FEATURES

Add feature

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

1

**Feature 1**

Feature Key\*  
D\_segment

Feature Location\*  
4..15

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

▼ QUALIFIERS

Add qualifier

Cancel Create Feature

Figura 99 Adicionar uma característica, sobreposição

Nesta fase, é também possível adicionar qualificadores à característica, mas estes serão abordados na próxima seção.

**Feature 1**

Feature Key\*  
CDS

Feature Location\*  
1..13

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

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

Figura 100: Link para um pop-up com uma explicação detalhada da localização da característica

Um link foi adicionado para fornecer uma explicação detalhada do formato da localização da característica. O link está localizado no fim da frase "clique aqui". O link foi sublinhado na Figura 100 para que o usuário possa identificá-lo mais facilmente.

Para terminar, clique no botão azul "Create Feature" (criar uma característica) ilustrado na Figura 99.

### Características de CDS

O tipo de característica de CDS (região de codificação) é utilizado para descrever a sequência de codagem de uma proteína<sup>9</sup>. Uma característica de CDS pode opcionalmente incluir a tradução

em aminoácidos do segmento da sequência à qual pertence, e se essa satisfaz o comprimento mínimo requerido, aparecerá como uma sequência separada dentro do projeto. Na característica de CDS da sequência original, uma referência ao ID da sequência de aminoácidos traduzida será feita no qualificador "protein\_id".

Quando uma característica de CDS é criada para uma sequência, o qualificador de "tradução" (tendo 1 – "Standard Code" (código padrão) – como valor predefinido do "Código genético") pode ser automaticamente adicionado à característica de CDS com um valor do qualificador do pedaço de resíduo traduzido da sequência, como indicado pela localização da característica. Uma "protein id" associada e uma sequência de aminoácidos separada podem também ser geradas. Para isso, basta marcar a casa de seleção nas Informações básicas na parte superior da página de detalhes do projeto (veja a figura 102). No entanto, este qualificador não é obrigatório e pode ser excluído após a geração da sequência. O usuário pode também criar manualmente seus próprios qualificadores "translation" e "protein\_id" que referenciam o ID da sequência traduzida associada que foi igualmente criada pelo usuário.

---

**Nota:**

*A partir da versão 2.1.0, a casa de seleção "Automatically add a translation qualifier..." (adicionar automaticamente um qualificador de tradução) está marcada por predefinição*

---

## Criação automática de características de CDS

As etapas para criar automaticamente um qualificador de característica de CDS são as seguintes:

- 1) Na visualização da sequência em questão, clicar no botão "Add feature" (adicionar uma característica) e selecionar "CDS" como chave de caracterização. Se a casa de seleção, "automatically add a translation qualifier" (adicionar automaticamente um qualificador de tradução), for marcada nas Informações básicas, um qualificador de tradução será automaticamente adicionado, assim como seu valor, e um qualificador "protein\_id" e sua sequência de aminoácidos associada (se for o caso) serão automaticamente adicionados quando uma característica de CDS for adicionada a uma sequência de nucleotídeos.
- 2) O usuário também tem a opção de criar manualmente um qualificador de tradução ("translation").

▼ QUALIFIERS

Add qualifier

Qualifier Name \*  
translation

Select Genetic Code  
1 - Standard Code

Sequence Name

Qualifier Value

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

Cancel Create Qualifier

Figura 101: Criar um qualificador de tradução

- 3) Quando o usuário acabar de editar a característica e seus qualificadores relacionados, deve clicar no botão "Create Feature" (criar característica) para salvá-la. Uma característica de CDS resultante está ilustrada na Figura 102.

▼ FEATURES

Add feature

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

1

Figura 102: Nova característica de CDS na tabela de características

A ferramenta então **cria uma nova sequência\*** para o projeto, tendo os atributos seguintes:

- **Sequence ID Number** = o próximo valor disponível para o número de ID da sequência
- **Length** = comprimento da sequência traduzida
- **Sequence Name** = valor dado no campo "Sequence Name" (nome da sequência) do qualificador "translation" (tradução). Se nenhum nome foi fornecido, o nome predefinido de sequência será fornecido ("Seq\_#").
- **Molecule Type (tipo de molécula)** = "AA"
- **Organism Name (nome do organismo)** = o mesmo valor que já foi fornecido para a sequência original
- **Qualifier Molecule Type (qualificador do tipo de molécula)** = "protein" (proteína)
- **Sequence Residues (resíduos da sequência)** = valores traduzidos da sequência original

Um exemplo do resultado obtido quando este processo foi concluído está ilustrado na Figura 103.

▼ SEQUENCE 3

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

▼ 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 de CDS, sequência de aminoácidos gerada

**Nota acerca da criação da sequência traduzida:**

A sequência traduzida separada é criada somente se tiver pelo menos 4 resíduos definidos especificamente (por exemplo, AXTG conta como tendo 3 caracteres).

No caso de modificação do qualificador "tradução", se o valor do qualificador incluir menos de 4 resíduos especificamente definidos, a tradução da sequência associada será removida, assim como o qualificador "protein\_id".

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

Figura 104: Casa de seleção da geração automática do qualificador de tradução: desmarcar para desativar

**Conselho acerca das características de CDS quando incluindo um qualificador "pseudo" ou "pseudogene":**

Certifique-se que a tradução automática foi desativada quando adicionar um qualificador "pseudo" ou "pseudogene" a uma característica de CDS.

Se a tradução automática não for desativada (se a casa de seleção indicada na Figura 105 estiver marcada) antes de adicionar um qualificador "pseudo" ou "pseudogene" a uma característica de CDS, quando a característica de CDS for atualizada, um qualificador de tradução será adicionado automaticamente. Para corrigir esse erro, desative a tradução automática para o projeto, em seguida abra a característica de CDS e exclua os qualificadores de tradução e de "protein\_id", e atualize a característica.

The screenshot shows the 'PROJECT ...' settings panel in the WIPO Sequence software. The panel includes a navigation bar at the top with options like 'PROJECT DEMO', 'VERIFICATION REPORT', 'LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS', 'IMPORT REPORT', 'DISPLAY THE SEQUENCE LISTING', 'HELP', 'PREFERENCES', and 'Return to project home'. Below the navigation bar, there are tabs for 'GENERAL INFORMATION' and 'SEQUENCES'. The main content area displays the project name 'project demo' and various settings. A red box highlights the checkbox 'Automatically add a translation qualifier when a CDS feature is created', which is currently checked. Other settings include 'Creation date 2022-01-12', 'File Name Sequences 2', and 'Non English free text language code'. Buttons for 'Print', 'Export', 'Import Another Project', 'Validate', and 'Generate Sequence Listing' are also visible.

Figura 105: Geração automática do qualificador de tradução: ATIVADA

Se o usuário deseja gerar automaticamente o qualificador de tradução, pode definir o valor da tabela de tradução e o nome da sequência no painel de edição do qualificador. Quando o usuário cria a característica, a ferramenta executa a tradução e adiciona um qualificador "protein\_id" à característica e uma nova sequência tendo o valor da tradução.

A tradução será executada de novo apenas se a localização da característica ou um dos qualificadores "transl\_table", "transl\_except" ou "codon\_start" mudar de valor, e neste caso a sequência vinculada será atualizada.

---

**Nota:**

*Se o valor de tradução for modificado, o valor da sequência vinculada será automaticamente atualizado. No entanto, se a sequência de nucleotídeos vinculada for modificada, o valor do qualificador de tradução não se modificará. Se o qualificador "protein\_id" for modificado depois da criação da sequência, então a sequência vinculada perderá sua associação com a sequência original.*

---

**Recomendações sobre o uso do códon de terminação:**

Tipicamente, os códons de terminação devem se encontrar apenas no fim de uma característica de CDS, indicando o fim da sequência de aminoácidos codificada. Nunca devem se encontrar no meio de uma característica de CDS, a menos que um "qualificador transl\_except" indique que o códon de terminação deve ser traduzido para um aminoácido específico.

Se um códon de terminação se encontrar no meio de uma característica de CDS (realçada em amarelo abaixo), e nenhum qualificador "transl\_except" indicar que o códon de terminação deve ser traduzido para um aminoácido específico, como ilustrado na Figura 106, a ferramenta interromperá a tradução neste ponto e uma faixa vermelha aparecerá, informando o usuário que nenhuma tradução será gerada.

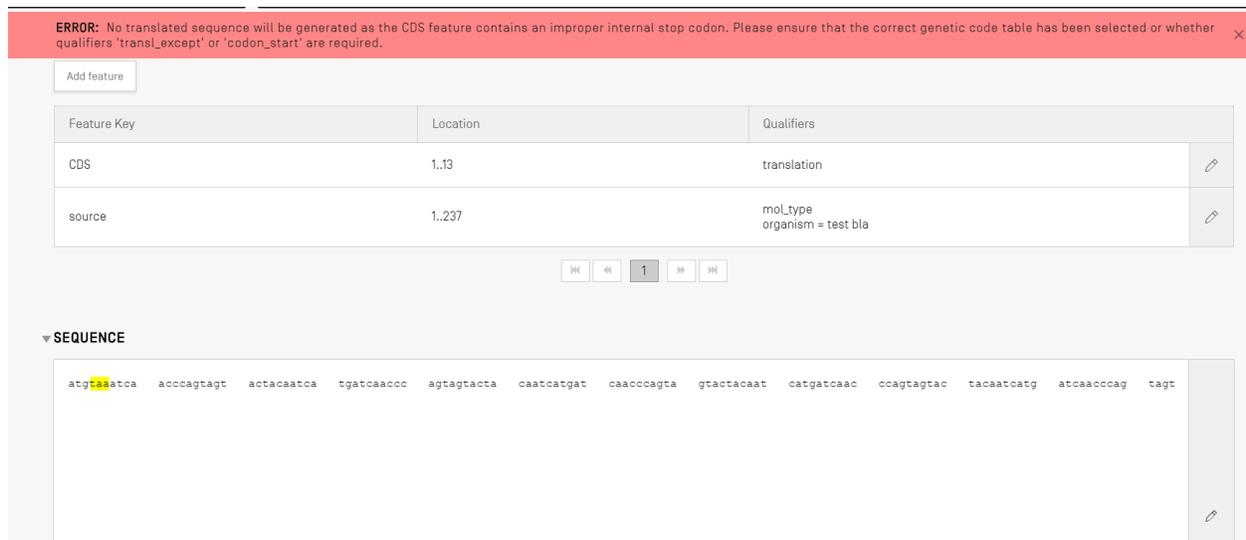


Figura 106: Geração automática do qualificador de tradução ATIVADA e sequência com códon de terminação inadequado

Além disso, um erro será adicionado ao relatório de validação para alertar o usuário sobre um problema na sua sequência de codificação, como ilustrado na Figura 107.

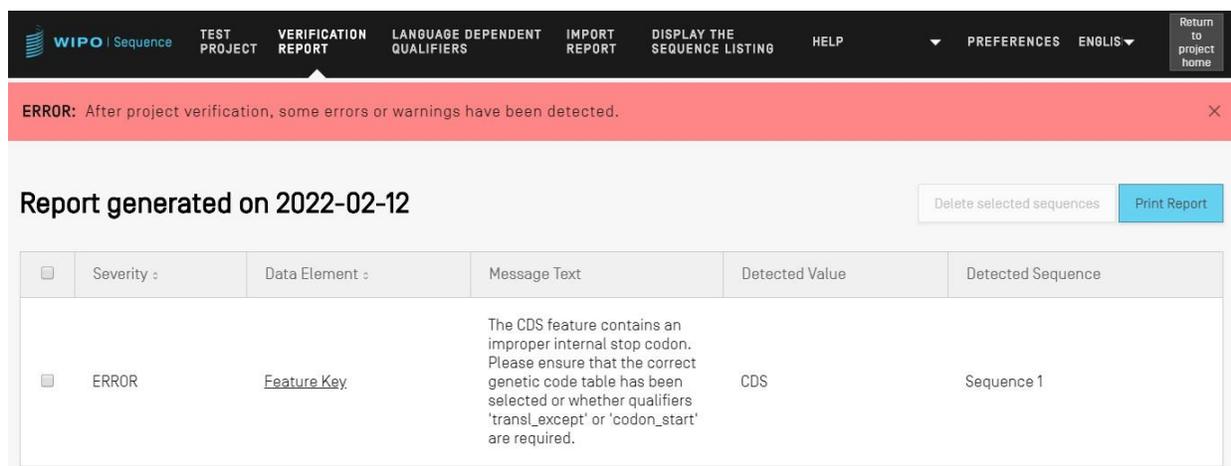


Figura 107: Erro de característica de CDS no caso de um códon de terminação inadequado

### Qualificadores

Para visualizar os qualificadores de uma característica, o usuário deve primeiro selecionar a característica na tabela de características da sequência relevante. No exemplo ilustrado na Figura 108, o ícone do lápis para a característica "source" (fonte) está realçado.

GENERAL INFORMATION SEQUENCES

3 Seq\_3 4 AA Caballerocotyla klawei No

1

▼ SEQUENCE 2

Sequence Number [ID] 2  
Sequence Name ST25\_221\_BINDING\_edited\_seq\_2  
Length 237

Molecule Type DNA  
Organism Caballerocotyla biparasitica

▼ FEATURES

Add feature

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

1

Figura 108: Adicionar/editar qualificadores, etapa 1

Se clicar no ícone do lápis realçado na Figura 108, a sobreposição de característica seguinte se abrirá, como ilustrado na Figura 109.

Feature 2

Feature Key  
source

Feature Location\*  
1..237

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

▼ QUALIFIERS

Add qualifier (2)

Qualifier Name	Qualifier Value
mol_type	
organism	Caballerocotyla biparasitica

1

Cancel Update feature

Figura 109: Adicionar/editar qualificadores, etapa 2

Para editar qualificadores existentes, o usuário pode clicar no ícone do lápis à direita de cada linha (1) ou adicionar um novo qualificador à característica atualmente selecionada clicando no botão "Add qualifier" (adicionar qualificador) (4).

Quando o usuário está editando ou adicionando um qualificador, os dois campos ilustrados na Figura 110 lhe são apresentados: o "Qualifier name" (nome do qualificador)<sup>10</sup> (a selecionar numa lista de seleção suspensa) e o "Qualifier value" (valor do qualificador).

<sup>10</sup> Veja a Norma ST.26 da OMPI – Anexo I, Seções 6 & 8, para todos os qualificadores possíveis de nucleotídeos e aminoácidos

The screenshot shows a panel titled 'QUALIFIERS'. At the top left is a button 'Add qualifier'. Below it is a table with two rows:

Qualifier Name	Qualifier Value	
mol_type	genomic DNA	
organism	Tinamus osgoodi	

Below the table is a form for creating a new qualifier. It has two main input fields: 'Qualifier Name' and 'Qualifier Value'. The 'Qualifier Name' field has a dropdown menu with the following options: cell\_line, cell\_type, chromosome, clone, clone\_lib. The 'Qualifier Value' field is currently empty. At the bottom right of the form are two buttons: 'Cancel' and 'Create Qualifier'.

Figura 110: Painel de edição de qualificadores

As propriedades do campo "Qualifier Value" (valor do qualificador) variam segundo o tipo de qualificador:

- **Qualificadores com valores predefinidos.** O campo dos valores é um campo com uma lista de seleção suspensa na qual o usuário pode selecionar um dos valores predefinidos do qualificador, como ilustrado no exemplo abaixo na Figura 111:

The screenshot shows a form with 'Qualifier Name' set to 'organelle'. The 'Qualifier Value' field is a dropdown menu with the following options: chromatophore, hydrogenosome (highlighted in blue), mitochondrion, and nucleomorph.

Figura 111: Qualificadores com valores predefinidos

- **Qualificadores com texto livre.** O campo do valor é um campo de texto livre. Além do nome do qualificador e do valor do qualificador, que contêm apenas o valor em inglês, dois campos adicionais aparecem para permitir que o usuário forneça o código da língua (por exemplo, "ru") e o valor correspondente da língua como valor do qualificador não em inglês, como ilustrado no exemplo abaixo na Figura 112:

The screenshot shows a form with 'Qualifier Name' set to 'note'. The 'Qualifier Value' field is a text input field containing the text: 'NOTE: this value may require translation for National/Regional procedures.' Below this field is a 'Language' dropdown menu with the option 'ru - Russian' selected. To the right of the 'Language' dropdown is a text input field for 'Non English Qualifier Value'. At the bottom right of the form are two buttons: 'Cancel' and 'Create Qualifier'.

Figura 112: Qualificadores com valores de texto livre

O mesmo valor que o "código da língua do texto livre não em inglês" selecionado nas informações detalhadas do projeto é atribuído ao campo do código da língua.

O usuário pode fornecer uma série de valores não em inglês para cada língua selecionada, seja manualmente ou importando a língua associada apropriada de um arquivo XLIFF.

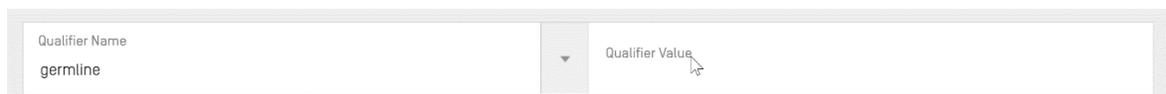
- **Qualificadores de formato predefinido.** O campo dos valores é um campo de texto livre mas o valor inserido é submetido a uma verificação de validação para garantir que cumpre com as regras específicas estabelecidas na norma ST.26 da OMPI, Anexo I, Seção 6<sup>11</sup>. No exemplo ilustrado na Figura 113, a data não foi fornecida no formato correto:



A captura de tela mostra um formulário com dois campos: "Qualifier Name" com o valor "collection\_date" e "Qualifier Value" com o valor "2002-08-". Abaixo do campo de valor, há uma mensagem de erro em uma caixa vermelha: "Invalid qualifier value format. The value for the qualifier 'collection\_date' must have the format 'YYYY-MM-DD', 'YYYY-MM' or 'YYYY'."

Figura 113: Qualificadores com formato predefinido

- **Qualificadores sem nenhum valor permitido.** O campo dos valores do qualificador não é editável, como indicado no exemplo abaixo na Figura 114:



A captura de tela mostra um formulário com "Qualifier Name" contendo "germline" e "Qualifier Value" contendo um espaço em branco. O campo de valor não possui uma borda de foco e um cursor, indicando que não é editável.

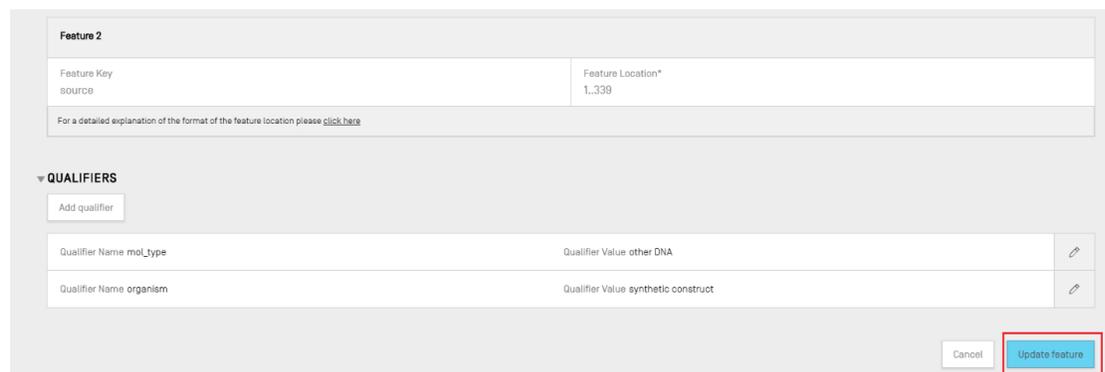
Figura 114: Qualificadores sem nenhum valor permitido

#### **Nota:**

A localização da característica "source" não pode ser editada depois de ser criada e os qualificadores "mol\_type" e "organism" não podem ser excluídos, apenas editados.

Quando terminar, o usuário deve clicar no botão azul "Create Qualifier" (criar um qualificador) para adicionar o recém-criado qualificador, ou em "Save" para salvar as modificações do qualificador existente.

Na última etapa, uma vez que um ou mais qualificadores foram adicionados ou modificados, o usuário deve clicar no botão "Update feature" (atualizar a característica) na parte inferior da sobreposição de característica, ilustrada na Figura 115, para prosseguir.



A captura de tela mostra uma interface de usuário para "Feature 2". No topo, há campos para "Feature Key" (source) e "Feature Location\*" (1..339). Abaixo, há uma seção "QUALIFIERS" com um botão "Add qualifier" e uma tabela de qualificadores. A tabela tem duas linhas: a primeira com "Qualifier Name mol\_type" e "Qualifier Value other DNA"; a segunda com "Qualifier Name organism" e "Qualifier Value synthetic construct". Cada linha tem um ícone de edição. Na parte inferior direita, há botões "Cancel" e "Update feature", sendo este último destacado com um retângulo vermelho.

Figura 115: Atualizar uma característica depois de editar um qualificador

<sup>11</sup> Veja a Norma ST.26 da OMPI – Anexo I, Seção 6, para as regras relativas a estes qualificadores

## RELATÓRIO DE VERIFICAÇÃO

Para abrir o relatório de verificação da listagem de sequências de um projeto na vista dos detalhes do projeto, o usuário pode clicar no link "VERIFICATION REPORT" (relatório de verificação) na barra de menus na parte superior da vista.

Para mais detalhes sobre como gerar o relatório de verificação, veja a Figura 34.

The screenshot shows the top navigation bar of the WIPO Sequence application. The 'VERIFICATION REPORT' menu item is highlighted with a red box. Below the navigation bar, there are tabs for 'GENERAL INFORMATION' and 'SEQUENCES'. The main content area displays 'PROJECT ...' with several action buttons: 'Print', 'Export', 'Import Another Project', 'Validate', and 'Generate Sequence Listing'. Below these buttons, there is a table with project details:

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: Visualizar o relatório de verificação, etapa 1

Dependendo se a listagem de sequências do projeto for válida ou não, duas vistas diferentes podem aparecer: a da Figura 117, na qual erros/avisos foram gerados, e a da Figura 118, depois de uma validação bem-sucedida.

Severity	Data Element	Message Text	Detected Value	Detected Sequence
ERROR	<a href="#">Application Identification</a>	The mandatory IP Office Code is missing.	-	
WARNING	<a href="#">Earliest Priority Application Identifications</a>	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: Exemplo de relatório de verificação, erros/avisos

O usuário pode exportar o relatório de verificação como um documento PDF clicando no botão "Print Report" (imprimir um relatório) ilustrado no canto superior direito da Figura 117. O relatório gerado será visualizado no visualizador de PDF, como ilustrado na figura 9.

Report successfully generated on 2021-10-11

This project does not contain any errors or warnings.

Figura 118: Relatório de verificação, sem erros/avisos

## QUALIFICADORES DEPENDENTES DA LÍNGUA

Esta seção detalha as funcionalidades disponíveis na vista dos qualificadores dependentes da língua. Os qualificadores que permitem um valor de "texto livre" em um projeto são referenciados em mais detalhes na vista de qualificadores dependentes da língua ("LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS") da página de projeto.

Sempre que um qualificador dependente da língua é adicionado ao projeto atual, o qualificador será igualmente visualizado nesta vista, como ilustrado na 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	organism	Sialia currucoides	

Figura 119: Vista dos qualificadores dependentes da língua

O usuário pode modificar o valor de texto livre traduzido associado a um qualificador clicando no valor do "Qualifier Name" (nome de qualificador), como ilustrado na Figura 110, o que abre uma sobreposição com um painel de edição abaixo da tabela.

O usuário terá de fornecer o código da língua de origem e o código da língua de destino para exportar o arquivo XLIFF contendo os qualificadores de texto livre, caso em que os valores traduzidos deverão ser fornecidos pelos tradutores antes que o arquivo XLIFF seja reimportado.

### IMPORTAR QUALIFICADORES DE TEXTO LIVRE

Se o usuário clicar no botão "IMPORT FREE TEXT QUALIFIERS" (importar qualificadores de texto livre), a ferramenta abrirá o explorador de arquivos, que o usuário pode percorrer para encontrar e selecionar o arquivo (.XLIFF) que deseja importar. Várias etapas de validação são disponibilizadas para garantir mapeamentos corretos entre os valores nas línguas de origem e de destino.

O arquivo selecionado deve conter os itens de dados seguintes:

- Nome do projeto
- Código da língua de destino
- Código da língua de origem
- Para cada elemento de cada unidade XLIFF:
  - O ID exclusivo do qualificador (no formato: número precedido pela letra "q")
  - O valor do qualificador na etiqueta da língua de origem
  - O valor do qualificador na etiqueta da língua 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" 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>
</xliff>
```

Figura 120: Exemplo de arquivo XLIFF válido

Uma vez que o usuário confirmou o arquivo selecionado que deseja importar, a ferramenta pedirá ao usuário que verifique se deseja prosseguir confirmando uma série de etapas de verificação (veja desde a Figura 121 até a Figura 125).

- O sistema compara o nome do projeto no arquivo de entrada com o nome do projeto selecionado:

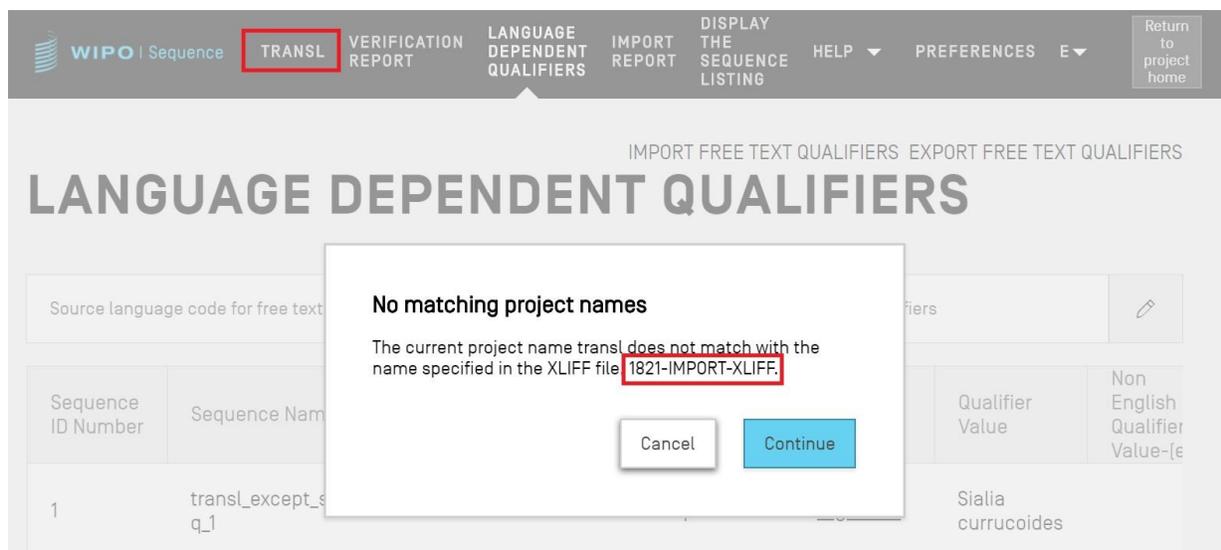


Figura 121: Validação do nome de um projeto

- O sistema informará o usuário se algum qualificador não pôde ser mapeado:

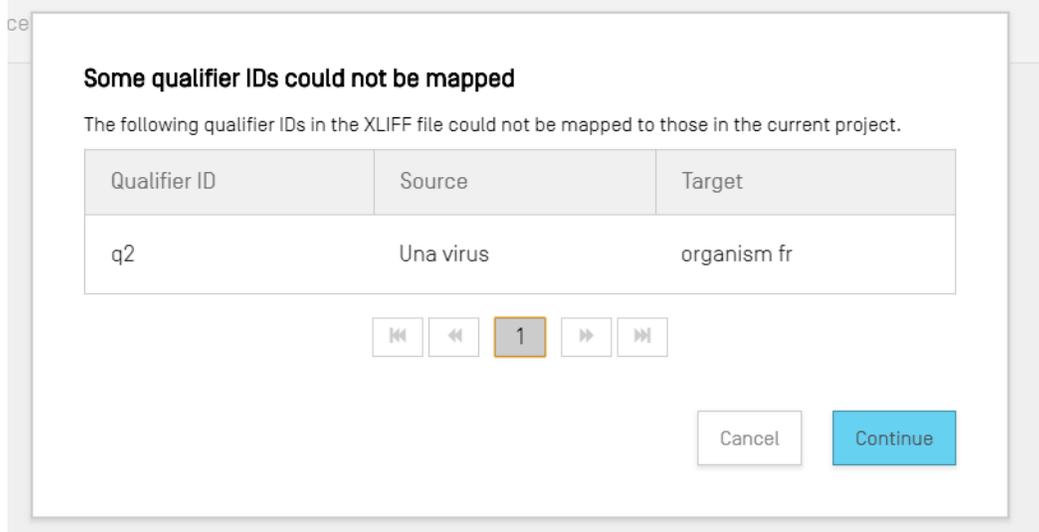


Figura 122: Etapa de validação do mapeamento dos qualificadores

- O sistema informará o usuário sobre modificações da língua de origem e dos valores de qualificadores:

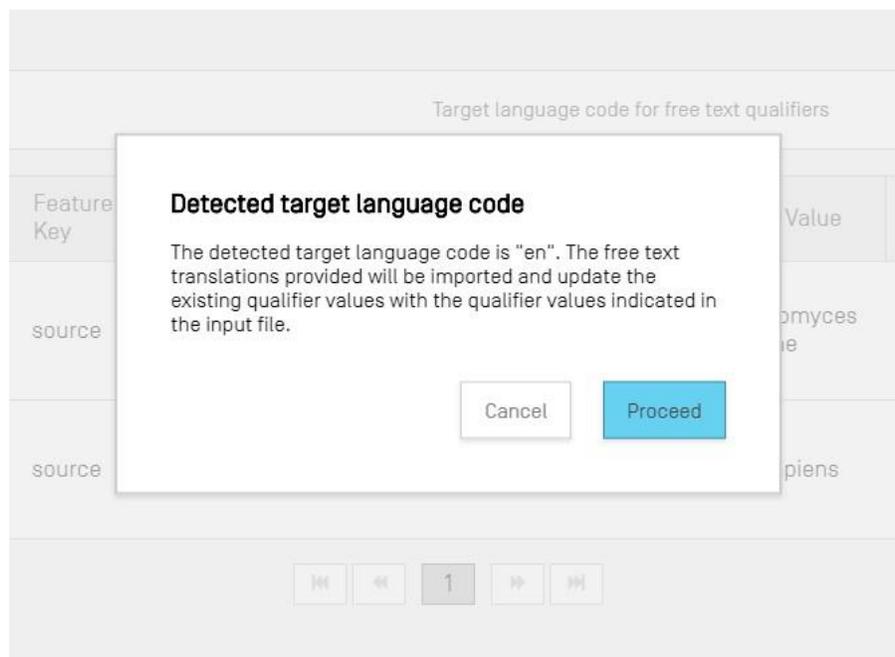


Figura 123: Etapa de validação da língua de origem

- O sistema informará o usuário sobre modificações relacionadas com a língua de destino e com os valores traduzidos dos qualificadores:

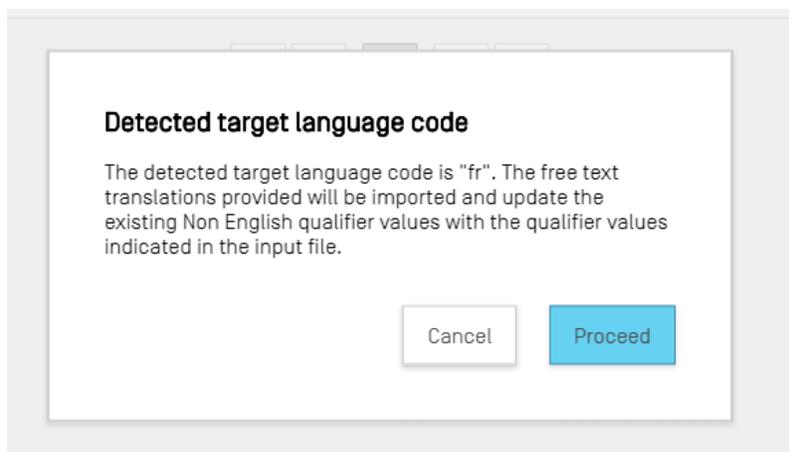


Figura 124: Etapa de validação da língua de destino

Em seguida, a mensagem seguinte será recebida sobre fundo azul na parte superior da vista: "SUCCESS: THE FREE TEXT QUALIFIER HAS BEEN IMPORTED SUCCESSFULLY" (Êxito: a importação do qualificador de texto livre foi bem-sucedida), assim como um relatório de importação detalhando os valores anteriores e os valores importados atuais dos qualificadores de texto livre dependentes da língua.

**SUCCESS:** The free text qualifiers have been imported correctly

[< RETURN TO FREE TEXT QUALIFIERS](#)

## IMPORT FREE TEXT QUALIFIERS REPORT

Sequence ID Number	Feature Key	Feature Location	Qualifier ID	Qualifier Name	Original qualifier value	Original Non English qualifier value	Imported qualifier value
2	source	1.19	q3	organism	Sialia currucoides		Construction synthétique
1	source	1.64	q1	organism	Sialia currucoides		

Figura 125: Relatório sobre a importação de qualificadores de texto livre

O usuário pode voltar para a vista de qualificadores de texto livre clicando em "RETURN TO FREE TEXT QUALIFIERS" (voltar para qualificadores de texto livre), como realçado na Figura 125.

## EXPORTAR QUALIFICADORES DE TEXTO LIVRE

Se o usuário clicar no botão “EXPORT FREE TEXT QUALIFIERS” (exportar qualificadores de texto livre) na parte superior da vista, e em seguida selecionar, na caixa de diálogo, o nome do arquivo e a localização onde salvar o arquivo de texto do qualificador, **todos** os qualificadores de texto livre do projeto serão exportados e salvos no formato de um arquivo XLIFF.

Este arquivo incluirá:

- A língua de origem do projeto.
- A língua de destino do projeto.
- Os valores dos qualificadores de texto livre.
- Os valores traduzidos dos qualificadores de texto livre<sup>12</sup>.
- As informações associadas sobre os qualificadores e características fornecidas na tabela ilustrada na Figura 119.

Este arquivo pode ser visualizado, editado e importado de novo para a ferramenta, depois que a tradução apropriada tiver sido fornecida segundo as etapas ilustradas nas Figura 121 - 125.

## RELATÓRIO DE IMPORTAÇÃO

Esta seção detalha as funcionalidades disponíveis na vista do relatório de importação.

Se o projeto foi importado de uma listagem de sequências (ST.25 ou ST.26), ou se o usuário importou várias sequências de um arquivo (nos formatos ST.26, ST.25, RAW, FASTA ou multi-sequências), o relatório de importação correspondente inclui uma tabela de todas as modificações feitas aos dados importados a fim de adaptá-los ao formato correto para inclusão no projeto.

Se um projeto não foi criado pelo processo de importação e se nenhuma sequência foi importada para o projeto, a vista do relatório de importação mostrará a faixa ilustrada na Figura 126.

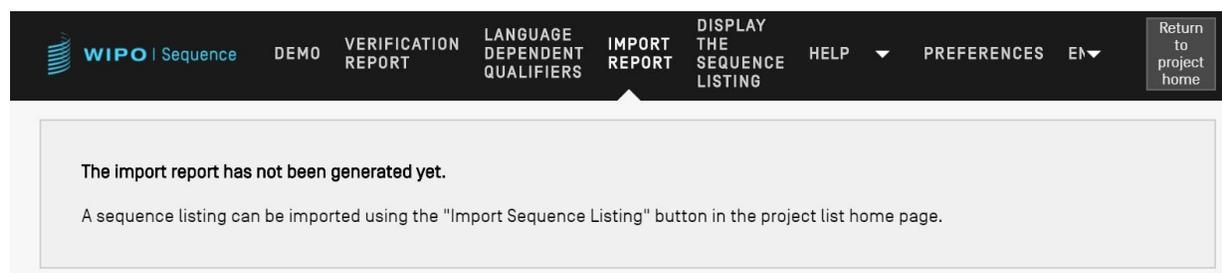


Figura 126: Vista do relatório de importação, a importação não foi feita

Se uma importação foi concluída com êxito e o projeto foi criado, a vista pode mostrar as duas tabelas

<sup>12</sup> A tradução do código selecionado da língua do texto livre não em inglês fornecido no projeto durante a exportação

seguintes:

- Tabela do relatório de importação (veja a figura 127)Figura 127
- Tabela dos dados modificados (veja a Figura 128)

### Tabela do relatório de importação

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: Exemplo de relatório de importação

A tabela do relatório de importação só aparece quando a importação de um arquivo resulta em erros e contém as colunas seguintes:

- **Tipo de nota:** "INDIVIDUAL" para uma mensagem relacionada com um sequência específica ou "GLOBAL" para uma ou mais sequências em geral;
- **Código do elemento de informação:** do arquivo de origem, no caso de listagens de sequências ST.25;
- **Texto de mensagem:** Mensagem detalhada com informações sobre o problema identificado em questão e as modificações efetuadas para retificá-lo (se houver);
- **Sequência detectada:** Número identificador da sequência importada relacionada com a mensagem (quando o tipo é "INDIVIDUAL"; caso contrário, este campo está em branco).

## Tabela dos dados modificados

Global	<400>	Three-letter amino acid symbols have been replaced with their corresponding one-letter codes.					
<b>Changed Data</b>							
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: Exemplo de tabela de dados modificados

Esta tabela mostra todos os dados que foram transformados ou modificados durante o processo de importação. Estes dados são apresentados na colunas seguintes da tabela (veja a Figura 127):

- **Origin Tag (identificador numérico de origem):** código de elemento de informação para o tipo de elemento, no caso de listagens de sequências ST.25;
- **Origin Element Name (nome do elemento de origem):** nome correspondente para o tipo de elemento;
- **Origin Element Value (valor do elemento de origem):** valor correspondente do elemento original no arquivo de origem
- **Target Element Name (nome do elemento de destino):** nome equivalente do elemento ST.26 onde a informação será armazenada no projeto;
- **Target Element Value (valor do elemento de destino):** valor que será definido para o nome do elemento de destino no projeto;
- **Transformation (transformação):** descrição das modificações/transformações do elemento;
- **Sequence ID Number (número de ID da sequência):** número de ID da sequência relevante do elemento transformado no projeto.

## VISUALIZAR A LISTAGEM DE SEQUÊNCIAS

Esta seção detalha a funcionalidade disponível na vista de visualização da listagem de sequências.

WIPO Sequence possibilita ao usuário gerar uma listagem de sequências em um formato mais legível por humanos do que XML. Quando a vista de visualização da listagem de sequências ("DISPLAY THE SEQUENCE LISTING VIEW") é acessada, primeiro aparece uma faixa azul que indica que o arquivo da listagem de sequências foi gerado com êxito, além de duas opções de visualização desta listagem de sequências no formato (.html) ou (.txt) (veja a Figura 129).

Para mais detalhes sobre como gerar uma listagem de sequências, volte para a Figura 63.



Figura 129: Visualizar uma listagem de sequências gerada com êxito

Se a geração de uma listagem de sequências não foi bem-sucedida para um determinado projeto, os botões "Display Sequence Listing" (visualizar uma listagem de sequências) e "Export Sequence Listing as .txt file" (exportar a listagem de sequências como arquivo .txt) serão desativados na vista de visualização da listagem de sequências e o usuário verá o erro ilustrado na Figura 130.

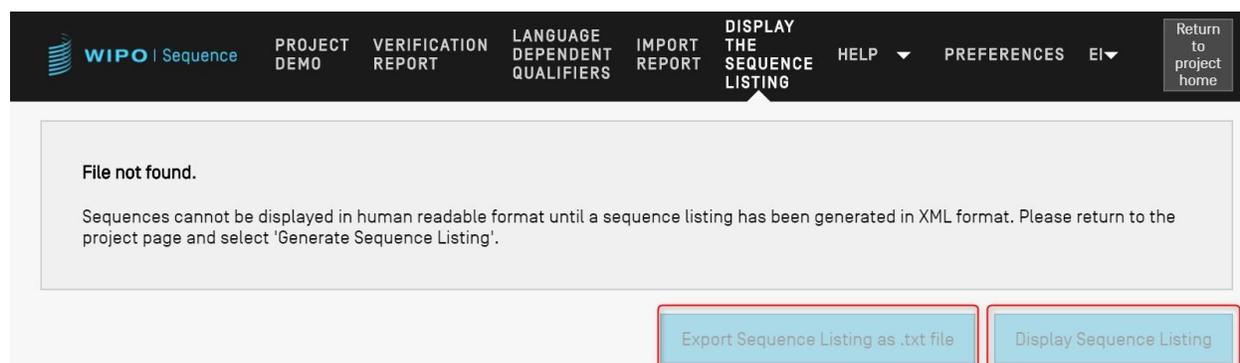


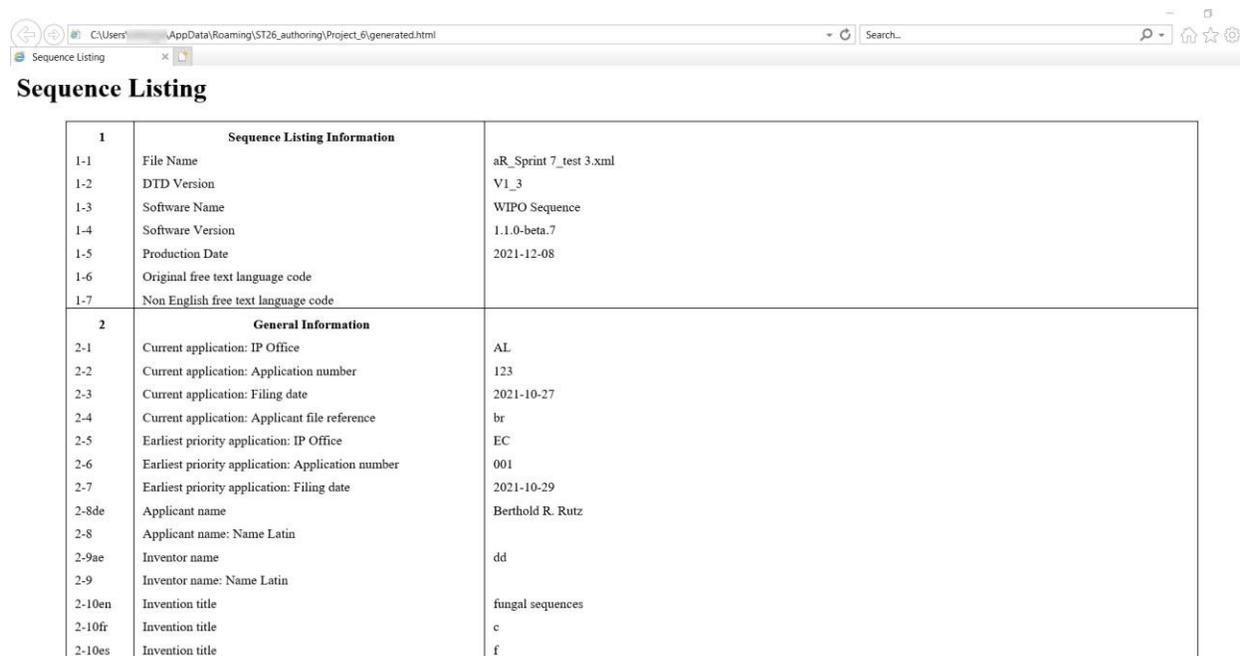
Figura 130: Visualização da listagem de sequências, o arquivo não foi encontrado

Quando o usuário clica no botão "Display Sequence Listing" (visualizar uma listagem de sequências), um arquivo HTML se abre no navegador predefinido. Isso fornece uma vista formatada do arquivo XML conforme com a norma ST.26, de modo a mostrar os valores de

campos específicos mais claramente para o usuário. Um exemplo está ilustrado na Figura 131.

**Nota:**

Para visualizar a listagem de sequências em uma outra língua, é preciso gerar de novo a listagem de sequências. Primeiramente, é preciso indicar o novo código da língua do texto livre não em inglês na seção de informações gerais e depois pode-se repetir as etapas acima.



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

Figura 131: Visualização da listagem de sequências, exemplo em HTML

**Nota:** A localização do arquivo HTML será exibida na barra de navegação do navegador do usuário, caso o usuário queira copiar o arquivo para uma localização diferente.

Quando o usuário clica no botão “Export Sequence Listing as .txt file” (exportar a listagem de sequências como arquivo .txt), um arquivo .txt se abre e fornece uma vista formatada do arquivo XML conforme com a norma ST.26, de modo a mostrar os valores de campos específicos mais claramente para o usuário. Um exemplo está ilustrado na figura 130.

```

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

Se a listagem de seqüências gerada em formato XML tem mais de 100 Mb, a página em HTML ilustrada na Figura 133 será exibida em vez da listagem de seqüências em formato HTML.



Figura 133: Visualização da listagem de sequências, o arquivo HTML é longo demais para ser visualizado



---

básica, sem informações adicionais. Quando estes arquivos são importados, é preciso adicionar o tipo de molécula, as características e o nome da sequência, por meio da ferramenta para computadores.

Exemplo:

```
aggatagatagtagtatatgatagtagtatgatgatgatgtatgtatagtagttatga
```

## FASTA

Este formato contém resíduos e sua descrição e durante a importação o usuário tem a opção de salvar a descrição como um qualificador de nota

## ARQUIVO FASTA COM UMA SEQUÊNCIA

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

```
CTCAACAATCTGAAGCATCG
```

Veja <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/3724029?report=fasta> (acessado no dia 22 de maio de 2017)

[Fim do documento]