

## Приложение 7

Рекомендации по преобразованию перечня последовательностей из ST.25 в ST.26:  
потенциально добавленный или удаленный объект (признак).

*Версия 1.7*

*Одобрено Комитетом по Стандартам ВОИС (КСВ)  
на своей одиннадцатой сессии 8 декабря 2023*

### ВВЕДЕНИЕ

Требования к представлению нуклеотидных и аминокислотных последовательностей в стандартах ВОИС ST.25 и ST.26 различаются. Вследствие чего, был поднят вопрос о том, потребует ли Стандарт ST.26 добавления или удаления какого-либо объекта (признака) в перечне последовательностей, представленном как часть международной заявки в соответствии со Стандартом ST.26, который может не поддерживаться заявкой, по которой испрашивается приоритет.

### ОБЛАСТЬ ПРИМЕНЕНИЯ

В этом документе рассматриваются обязательные требования Стандарта ST.26 и любые возможные результаты этих требований. Данный документ не рассматривает все возможные сценарии; если способы представления в ST.26 информации, содержащейся в перечне последовательностей ST.25, не ясны, то эта информация всегда может быть включена в описание заявки, чтобы избежать исключения объекта (признака).

### РЕКОМЕНДАЦИИ ДЛЯ ВОЗМОЖНОГО ДОБАВЛЕНИЯ ИЛИ ИСКЛЮЧЕНИЯ ОБЪЕКТА (ПРИЗНАКА).

Рассмотрение проблем, содержащихся в этом документе, показывает, что сам по себе переход от ST.25 к ST.26 не должен приводить к добавлению или удалению объекта (признака), в частности, когда перечень последовательностей ST.25 полностью соответствует Стандарту ST.25. Однако существуют определенные сценарии, которые потребуют от заявителя осторожности. Рекомендации приведены, чтобы избежать добавления или исключения объекта (признака).

#### *Сценарий 1*

ST.25 использует числовые идентификаторы для теговой разметки различных типов данных, например, <110> для имени заявителя. ST.26 использует термины на английском языке в качестве названий и атрибутов элементов для тегирования данных.

#### Рекомендация:

Термины ST.26 просто описывают тип содержания данных; следовательно, использование названий и атрибутов элементов ST.26 не является дополнительным объектом (признаком).

#### *Сценарий 2*

ST.26 явным образом требует включения: (a) разветвленных последовательностей; (b) последовательностей с D-аминокислотами; (c) нуклеотидных аналогов; и (d) последовательностей, содержащих «AP-site» или «abasic site» (участки с удаленными азотистыми основаниями). В соответствии с ST.25 требование включения или запрета таких последовательностей неясно.

Рекомендация:

Описание изобретения, содержащегося в заявке, должно быть достаточно для представления этих последовательностей в перечне последовательностей ST.26, несмотря на то, что они, возможно, не были включены в перечень последовательностей ST.25. Для определенных типов информации, по требованию ST.26, необходимо соблюдать осторожность, чтобы не добавлять объект (признак) помимо того, что приведено в описании, например, см. обсуждение ниже (в Сценарии 4) по квалификатору `mol_type` для нуклеотидных последовательностей.

*Сценарий 3*

ST.26 исключает последовательности с менее чем 10-ю конкретно определенными нуклеотидами (не включая «n») и менее чем 4-мя специально определенными аминокислотами (не включая «X»).

Рекомендация:

Исключенные последовательности могут быть включены в материалы заявки, для случаев, когда эти последовательности еще не включены туда.

*Сценарий 4*

Как для нуклеотидных последовательностей, так и для аминокислотных последовательностей ST.26 имеет обязательный функциональный ключ "source" с двумя обязательными квалификаторами, одним из которых является 'mol\_type'. ST.25 имеет соответствующий функциональный ключ для нуклеотидных последовательностей (который используется редко) без соответствующих квалификаторов, и нет соответствующего функционального ключа для аминокислотных последовательностей.

**Нуклеотидные последовательности**

ST.26 – функциональный ключ 5.37 source; обязательный квалификатор 6.39 mol\_type (см. ST.26 параграф 75)

Квалификатор	Значение
mol_type	genomic DNA
	genomic RNA
	mRNA
	tRNA
	rRNA
	other DNA (applies to synthetic molecules)
	other RNA (applies to synthetic molecules)
	transcribed RNA
	viral cRNA
	unassigned DNA (applies where <i>in vivo</i> molecule is unknown)
	unassigned RNA (applies where <i>in vivo</i> molecule is unknown)

**Аминокислотные последовательности**

ST.26 – функциональный ключ 7.30 source; обязательный квалификатор 8.1 mol\_type (см. ST.26 параграф 75)

Квалификатор	Значение
mol_type	protein

Рекомендация:

Единственная проблема, вызывающая озабоченность, - это значения контролируемой лексики, связанные с квалификатором *mol\_type* для нуклеотидных последовательностей. Некоторые из значений, перечисленных выше, могут быть недостаточно раскрыты в описании. Однако можно избежать добавления дополнительного объекта (признака) путем использования наиболее общего значения для конкретной последовательности, например, "other DNA" и "other RNA" для синтетической молекулы и "unassigned DNA" и "unassigned RNA" для *in vivo* молекулы.

*Сценарий 5*

Если последовательность включает «Хаа», по ST.25 требуется, чтобы дополнительная информация, касающаяся этого остатка, была включена в поле <223>, которое сопровождает поля <221> (название признака) и <222> (местоположение признака). ST.25 не даёт значения по умолчанию для «Хаа» («X» в ST.26). В то же время ST.26 даёт такое значение по умолчанию, и, следовательно, дополнительная информация не всегда требуется. Два из наиболее часто используемых комментария в пептидных последовательностях - «любая аминокислота» или «любая аминокислота природного происхождения» для вариантов «Хаа» или «X». Этот язык можно интерпретировать как включающий аминокислоты, отличные от перечисленных в таблицах аминокислот, содержащихся или в ST.25 или в ST.26. Значением по умолчанию ST.26 для «X» без дальнейших комментариев является любая из 22 отдельных аминокислот, перечисленных в Приложении 1 (см. Раздел 3, Таблица 3). Это значение по умолчанию ST.26 может представлять собой добавленный или удаленный объект (признак), и, следовательно, негативно влиять на объем патентной заявки при переходе от ST.25 к ST.26.

Рекомендации:

- (a) В случае, когда перечень последовательностей ST.25 включает в себя название признака <221>, местоположение признака <222>, соответствующее Хаа и дополнительную информацию <223> о Хаа, а название признака <221> также является соответствующим функциональным ключом ST.26, например, SITE, VARIANT или UNSURE, тогда следует использовать функциональный ключ ST.26. Кроме того, чтобы избежать потенциального удаления объекта (признака), информация в поле <223> должна быть включена в сопровождающий квалификатор «note».
- (b) В случае, когда перечень последовательностей ST.25 включает в себя название признака <221>, местоположение признака <222>, соответствующее Хаа и дополнительную информацию <223> о Хаа, а название признака <221> не является функциональным ключом ST.26, следует использовать функциональные ключи ST.26 SITE или REGION, в зависимости от ситуации. Кроме того, чтобы избежать потенциального удаления объекта (признака), информация в поле <223>, а также несоответствующее название признака <221> должны быть включены в сопровождающий квалификатор «note». Например, в перечне ST.25 используется имя признака, <221> Variable, которого нет в ST.25 или ST.26, вместе с дополнительной информацией <223> Хаа - любая аминокислота. В этом примере значение квалификатора note ST.26 будет «Variable - Хаа - любая аминокислота».
- (c) Если в перечне последовательностей ST.25 не приводятся поля <221>, <222> или <223>, соответствующие Хаа, или если включены поля <221> и <222>, соответствующие Хаа, но информация не включена в соответствующее поле <223> (ни один из сценариев не соответствует ST.25, но тем не менее это произошло), любая информация, содержащаяся в заявке для описания «Хаа», должна быть включена в квалификатор «note» ST.26 вместе с соответствующим функциональным ключом, например SITE, REGION, или UNSURE и местоположением.

### Сценарий 6

В ST.25 урацил представлен в последовательности как «u», а тимин представлен как «t». В ST.26 урацил и тимин представлены в последовательности как «t» и без дальнейших пояснений; «t» представляет урацил в РНК и тимин в ДНК.

#### Рекомендации:

(a) Если последовательность ДНК содержит урацил, ST.26 рассматривает его как модифицированный нуклеотид, и требует, чтобы урацил был представлен как «t» и дополнительно описан с использованием функционального ключа «modified\_base», квалификатора «mod\_base» с «OTHER» в качестве значения квалификатора и квалификатором «note» с «uracil» в качестве значения квалификатора. Это пояснение ST.26 не считается добавленным объектом (признаком), в котором последовательность ДНК ST.25 содержит «u».

(b) Если последовательность РНК содержит тимин, ST.26 рассматривает его как модифицированный нуклеотид, и требует, чтобы тимин был представлен как «t» и дополнительно описан с использованием функционального ключа «modified\_base», квалификатора «mod\_base» с «OTHER» в качестве значения квалификатора и квалификатором «note» с «thymine» в качестве значения квалификатора. Это пояснение ST.26 не считается добавленным объектом (признаком), в котором последовательность РНК ST.25 содержит «t».

### Сценарий 7

Как в ST.25, так и в ST.26, модифицированные нуклеотиды или аминокислоты должны иметь дополнительное описание. В ST.26 обозначение модифицированного нуклеотида может быть указано с использованием аббревиатуры из Приложения 1, Раздела 2, Таблицы 2, в предусмотренных случаях. В противном случае должно быть указано полное не сокращенное название модифицированного нуклеотида. Аналогичным образом, обозначение модифицированной аминокислоты может быть указано с использованием аббревиатуры из Приложения 1, Раздела 4, Таблицы 4, в предусмотренных случаях. В противном случае должно быть указано полное не сокращенное название модифицированной аминокислоты. И наоборот, если модифицированный остаток не содержится в таблице ST.25, использование полного, не сокращенного названия не требуется, и нередко вместо него используется сокращение.

#### Рекомендации:

(a) Для случаев, когда использовалось только сокращенное название, либо для модифицированного нуклеотида, либо для модифицированной аминокислоты, как в заявке, так и в перечне последовательностей ST.25 и оно не указано в Приложении 1, Раздел 2, Таблица 2 или Раздел 4, Таблица 4, а сокращенное название известно в данной области техники для ссылки только на один конкретный модифицированный нуклеотид или модифицированную аминокислоту, тогда использование полного, не сокращенного названия само по себе не будет являться дополнительным объектом (признаком) изобретения.

(b) В тех случаях, когда только сокращенное название, которое отсутствует в Приложении 1, Разделе 2, Таблице 2 или Разделе 4, Таблице 4, использовалось как в заявке, так и в перечне последовательностей ST.25 либо для модифицированного нуклеотида, либо для модифицированной аминокислоты (а заявка не содержит химической структуры), и сокращенное название в данной области техники не известно как ссылка на один конкретный модифицированный нуклеотид или модифицированную аминокислоту, т.е. сокращение либо вообще не известно в данной области, либо может представлять множество различных модифицированных нуклеотидов или модифицированных аминокислот, тогда соблюдение ST.26 в этой ситуации невозможно без введения дополнительного объекта (признака).

Конечно, в этом случае приоритетная заявка и перечень последовательностей сами по себе недостаточны. Во избежание возможного удаления объекта (признака) сокращенное название из перечня последовательностей ST.25 следует разместить в квалификаторе «note» ST.26 в дополнение к значению полного несокращенного названия модифицированного нуклеотида или модифицированной аминокислоты. Полное несокращенное название модифицированного нуклеотида или модифицированной аминокислоты, требуемое в перечне последовательностей ST.26, не будет приоритетным для более ранней заявки. Следует позаботиться о том, чтобы составить исходный перечень последовательностей и описание заявки (ST.25), включив в него несокращенное название, чтобы избежать проблем в будущем.

#### *Сценарий 8*

ST.25 содержит ряд функциональных ключей, которые не содержатся в ST.26. Поэтому заявители должны позаботиться о том, чтобы ввести информацию, содержащуюся в этих функциональных ключах ST.25, способом, совместимым с ST.26, без введения дополнительных или удаленных объектов (признаков).

#### Рекомендации:

В следующей таблице приведены рекомендации относительно того, каким образом информация, содержащаяся в функциональном ключе бывшего ST.25, может быть включена в соответствии со стандартом ST.26 без введения дополнительных или удаленных объектов (признаков). Номера 1-23 являются функциональными ключами, связанными с нуклеотидными последовательностями, а номера 24-43 являются функциональными ключами, связанными с аминокислотными последовательностями.

No	ST.25 Функциональный ключ <221>	эквивалент ST.26		
		Функциональный ключ	Квалификатор	Значение квалификатора
1	allele	misc_feature	allele	значение <223>
2	attenuator	regulatory <sup>1</sup>	regulatory_class <sup>1</sup>	“attenuator”
			note (если есть <223> )	значение <223>
3	CAAT_signal	regulatory <sup>1</sup>	regulatory_class <sup>1</sup>	“CAAT_signal”
			note (если есть <223>)	значение <223>
4	conflict	misc_feature	note	“conflict” и значение <223>
5	enhancer	regulatory <sup>1</sup>	regulatory_class <sup>1</sup>	“enhancer”
			note (если есть <223>)	значение <223>
6	GC_signal	regulatory <sup>1</sup>	regulatory_class <sup>1</sup>	“GC_signal”
			note (если есть <223>)	значение <223>
7	LTR	mobile_element <sup>1</sup>	rpt_type <sup>1</sup>	“long_terminal_repeat”
			note (если есть <223>)	значение <223>
8	misc_signal	regulatory <sup>1</sup>	regulatory_class <sup>1</sup>	“other”
			note (если есть <223>)	значение <223>
9	mutation	variation	note	“mutation” и значение <223>
10	old_sequence	misc_feature	note	“old_sequence” и значение <223>
11	polyA_signal	regulatory <sup>1</sup>	regulatory_class <sup>1</sup>	“polyA_signal_sequence”
			note (если есть <223>)	значение <223>
12	promoter	regulatory <sup>1</sup>	regulatory_class <sup>1</sup>	“promoter”
			note (если есть <223>)	значение <223>
13	RBS	regulatory <sup>1</sup>	regulatory_class <sup>1</sup>	“ribosome_binding_site”
			note (если есть <223>)	значение <223>
14	repeat_unit (a) when repeat_region not used	misc_feature	note	“repeat_unit” и значение <223>
	repeat_unit (b) when repeat_region used	repeat_region	rpt_unit_range	1 <sup>st</sup> residue..last residue
			note (если есть <223>)	значение <223>

<sup>1</sup> ST.26 может потребовать, чтобы конкретная функция ST.25, например, TATA\_signal, была заменена более общим функциональным ключом/квалификатором/значением, например, regulatory/regulatory\_class/TATA\_box.

No.	ST.25 Функциональный ключ <221>	эквивалент ST.26		
		Функциональный ключ	Квалификатор	Значение квалификатора
15	satellite	repeat_region	satellite	“satellite” (или “microsatellite” или “minisatellite” – если поддерживается)
			note (если есть <223>)	значение <223>
16	scRNA	ncRNA <sup>1</sup>	ncRNA_class <sup>1</sup>	“scRNA”
			note (если есть <223>)	значение <223>
17	snRNA	ncRNA <sup>1</sup>	ncRNA_class <sup>1</sup>	“snRNA”
			note (если есть <223>)	значение <223>
18	TATA_signal	regulatory <sup>1</sup>	regulatory_class <sup>1</sup>	“TATA_box” <sup>2</sup>
			note	TATA_signal and (if present): значение <223>
19	terminator	regulatory <sup>1</sup>	regulatory_class1	“terminator”
			note (если есть <223>)	значение <223>
20	3'clip	misc_feature	note	“3'clip” и значение <223>
21	5'clip	misc_feature	note	“5'clip” и значение <223>
22	-10_signal	regulatory <sup>1</sup>	regulatory_class <sup>1</sup>	“minus_10_signal”
			note (если есть <223>)	значение <223>
23	-35_signal	regulatory <sup>1</sup>	regulatory_class <sup>1</sup>	“minus_35_signal”
			note (если есть <223>)	значение <223>
24	NON_CONS	Этот признак относится к пропуску неопределённого числа остатков в единичной последовательности, что запрещено как в ST.25 (параграф 22), так и в ST.26 (параграф 37). Следовательно, каждый участок специально определённых остатков, охваченных ST.26 параграфом 7 должен быть включен в перечень последовательностей в виде отдельной последовательности и должен иметь свой собственный идентификационный номер последовательности. Чтобы избежать добавления / удаления объекта (признака), каждая такая последовательность должна быть снабжена примечанием, чтобы указать, что она является частью большой последовательности, которая содержит неопределенный пропуск.		
		REGION	note	Description
		Description - где и с чем связана последовательность, например, этот остаток связан с N-концом пептида, имеющим N-концевой Gly-Gly и разрыв неопределенной длины.		
25	SIMILAR	REGION	note	“SIMILAR” и если есть значение <223>

<sup>2</sup> Во избежание добавления объекта, который может привести к частичной потере приоритета, рекомендуется включать более ограничительный термин “TATA\_signal” в квалификаторе “note”, как показано в таблице выше (пункт № 18). Если в редких случаях Заявитель считает, что использование значения “TATA\_box” для квалификатора “regulatory\_class” не подходит, вместо него можно использовать значение: “other”. В этом случае термин «TATA\_signal» должен быть включен в квалификатор «note», связанный с функциональным ключом «regulatory».

No.	ST.25 Функциональный ключ <221>	эквивалент ST.26		
		Функциональный ключ	Квалификатор	Значение квалификатора
26	THIOETH	CROSSLNK	note	“THIOETH” и если есть значение <223>
		Дополнительную информацию см. в комментариях к функциональному ключу CROSSLNK в Приложении 1 Стандарта ST.26		
27	THIOLEST	CROSSLNK	note	“THIOLEST” и если есть значение <223>
		Дополнительную информацию см. в комментариях к функциональному ключу CROSSLNK в Приложении 1 Стандарта ST.26		
28	VARSPIC	Обсуждается в сценарии 13 ниже		
29	ACETYLATION	MOD_RES	note	“ACETYLATION” и если есть значение <223>
			note	Информация, требуемая Комментарием функционального ключа MOD_RES в Приложении 1 к Стандарту ST.26, если возможно (без добавления признаков)
30	AMIDATION	MOD_RES	note	“AMIDATION” и если есть значение <223>
			note	Информация, требуемая Комментарием функционального ключа MOD_RES в Приложении 1 к Стандарту ST.26, если возможно (без добавления признаков)
31	BLOCKED	MOD_RES	note	“BLOCKED” и если есть значение <223>
			note	Информация, требуемая Комментарием функционального ключа MOD_RES в Приложении 1 к Стандарту ST.26, если возможно (без добавления признаков)
32	FORMYLATION	MOD_RES	note	“FORMYLATION” и если есть значение <223>
			note	Информация, требуемая Комментарием функционального ключа MOD_RES в Приложении 1 к Стандарту ST.26, если возможно (без добавления признаков)
33	GAMMA-CARBOXYGLUTAMIC ACID HYDROXYLATION	MOD_RES	note	“GAMMA-CARBOXYLGLUTAMIC ACID HYDROXYLATION” и если есть значение <223>
			note	Информация, требуемая Комментарием функционального ключа MOD_RES в Приложении 1 к Стандарту ST.26, если возможно (без добавления признаков)



No.	ST.25 Функциональный ключ <221>	эквивалент ST.26		
		Функциональный ключ	Квалификатор	Значение квалификатора
34	METHYLATION	MOD_RES	note	“METHYLATION” и если есть значение <223>
			note	Информация, требуемая Комментарием функционального ключа MOD_RES в Приложении 1 к Стандарту ST.26, если возможно (без добавления признаков)
35	PHOSPHORYLATION	MOD_RES	note	“PHOSPHORYLATION” и если есть значение <223>
			note	Информация, требуемая Комментарием функционального ключа MOD_RES в Приложении 1 к Стандарту ST.26, если возможно (без добавления признаков)
36	PYRROLIDONE CARBOXYLIC ACID	MOD_RES	note	“PYRROLIDONE CARBOXYLIC ACID” и если есть значение <223>
			note	Информация, требуемая Комментарием функционального ключа MOD_RES в Приложении 1 к Стандарту ST.26, если возможно (без добавления признаков)
37	SULFATATION	MOD_RES	note	“SULFATATION” и если есть значение <223>
			note	Информация, требуемая Комментарием функционального ключа MOD_RES в Приложении 1 к Стандарту ST.26, если возможно (без добавления признаков)
38	MYRISTATE	LIPID	note	“MYRISTATE” и если есть значение <223>
			note	Информация, требуемая Комментарием функционального ключа LIPID в Приложении 1 к Стандарту ST.26, если возможно (без добавления признаков)
39	PALMITATE	LIPID	note	“PALMITATE” и если есть значение <223>
			note	Информация, требуемая Комментарием функционального ключа LIPID в Приложении 1 к Стандарту ST.26, если возможно (без добавления признаков)
40	FARNESYL	LIPID	note	“FARNESYL” и если есть значение <223>
			note	Информация, требуемая Комментарием функционального ключа LIPID в Приложении 1 к Стандарту ST.26, если возможно (без добавления признаков)
41	GERANYL-GERANYL	LIPID	note	“GERANYL-GERANYL” и если есть значение <223>
			note	Информация, требуемая Комментарием функционального ключа LIPID в Приложении 1 к Стандарту ST.26, если возможно (без добавления признаков)

42	GPI-ANCHOR	LIPID	note	“GPI-ANCHOR” и если есть значение <223>
			note	Информация, требуемая Комментарием функционального ключа LIPID в Приложении 1 к Стандарту ST.26, если возможно (без добавления признаков)
43	N-ACYL DIGLYCERIDE	LIPID	note	“N-ACYL DIGLYCERIDE” и если есть значение <223>
			note	Информация, требуемая Комментарием функционального ключа LIPID в Приложении 1 к Стандарту ST.26, если возможно (без добавления признаков)

### Сценарий 9

Отдельные функциональные ключи, представленные как в ST.25 так и в ST.26, как для нуклеотидных так и для аминокислотных последовательностей, имеют обязательные квалификаторы в ST.26, как указано ниже. В ST.25 не было никаких квалификаторов, но было поле <223> free text (произвольный текст). Если информация, содержащаяся в поле <223> ST.25, подходит в качестве значения для обязательного квалификатора ST.26, то эта информация должна быть включена. Если поле <223> ST.25 либо не предусмотрено, либо содержит информацию, которая не подходит в качестве значения для обязательного квалификатора ST.26, тогда заявители должны позаботиться о том, чтобы ввести информацию, содержащуюся в

функциональном ключе ST.25 / поле <223> в соответствии со стандартом ST.26 без введения дополнительных или удаленных объектов (признаков).

### Нуклеотидные последовательности <sup>3</sup>

Функциональный ключ	Обязательный квалификатор
5.12 - misc_binding	6.3 - bound_moiety
5.30 - protein_bind	6.3 - bound_moiety

### Рекомендации:

(a) Если поле <223> ST.25 отсутствует или нецелесообразно, а в описании заявки раскрыто название молекулы/комплексного соединения, которое может связываться с остатком в указанном положении нуклеиновой кислоты, то это название должно быть включено в квалификатор «bound\_moiety».

(i) Любая информация, содержащаяся в поле <223> ST.25, которая не подходит для включения в квалификатор «bound\_moiety», должна быть включена в соответствующий необязательный квалификатор функционального ключа, например, “note”.

(b) Если поле <223> ST.25 отсутствует или нецелесообразно, а в описании заявки не раскрыто название молекулы/комплексного соединения, которое может связываться с остатком в указанном положении нуклеиновой кислоты, тогда должен быть использован функциональный ключ “misc\_feature” ST.26 вместо misc\_binding или protein\_bind с квалификатором “note”.

<sup>3</sup> Номера, приведённые в таблице относятся к номерам функционального ключа и квалификатора ST.26 Приложения 1 Контролируемая лексика.

- (i) Если поле <223> ST.25 отсутствует, значением квалификатора “note” должно быть название функционального ключа ST.25;
- (ii) Если поле <223> ST.25 содержит неподходящую информацию, значением квалификатора “note” должно быть название функционального ключа ST.25 и информация из поля <223>.

#### Аминокислотные последовательности <sup>4</sup>

Функциональный ключ	Обязательный квалификатор
7.2 – BINDING	8.2 – note
7.4 – CARBOHYD	8.2 – note
7.10 – DISULFID	8.2 – note
7.11 – DNA_BIND	8.2 – note
7.12 – DOMAIN	8.2 – note
7.16 – LIPID	8.2 – note
7.17 – METAL	8.2 – note
7.18 – MOD_RES	8.2 – note
7.23 – NP_BIND	8.2 – note
7.29 – SITE	8.2 – note
7.39 – ZN_FING	8.2 – note

#### Рекомендации:

- (a) Если поле <223> ST.25 отсутствует или нецелесообразно, а в описании заявки раскрыта конкретная информация, необходимая в обязательном квалификаторе, то эта информация должна быть включена в обязательный квалификатор “note”.
- (i) Любую информацию, содержащуюся в поле <223> ST.25, которая не подходит для включения в обязательный квалификатор “note” (см. определение функционального ключа и комментариев) следует включить во второй квалификатор “note”.
- (b) Если поле <223> ST.25 отсутствует или нецелесообразно, а в описании заявки не раскрыта конкретная информация, необходимая в обязательном квалификаторе, то вместо этого следует использовать функциональные ключи ST.26 “SITE” (для одной аминокислоты) или «REGION» (для ряда аминокислот) с квалификатором “note”.
- (i) Если поле <223> ST.25 отсутствует, значением квалификатора “note” должно быть название функционального ключа ST.25;
- (ii) Если поле <223> ST.25 содержит неподходящую информацию, значением квалификатора “note” должно быть название функционального ключа ST.25 и информация из поля <223>.

#### Сценарий 10

Каждый конкретный функциональный ключ в ST.25 имеет поле <222> для указания местоположения признака; тем не менее, ST.25 не требует указания местоположения для большинства признаков, и формат информации о местоположении не стандартизирован. Более того, ST.25 не имеет операторов местоположения, например “join”. ST.26 имеет стандартизированные дескрипторы и операторы местоположения, и каждый признак должен

<sup>4</sup> Числовые ссылки в таблице ниже относятся к номерам функциональных ключей и квалификаторов Стандарта ST.26, Приложение I, Контролируемая лексика.

содержать, по крайней мере, один дескриптор местоположения. (Признаки CDS являются особым случаем и обсуждаются ниже в сценарии 11).

Рекомендации:

(a) Если в перечне последовательностей ST.25 имеется поле <222>, прямое импортирование или импорт в формат ST.26 не должен вызывать какого-либо дополнительного согласования объектов (признаков);

(b) Если в перечне последовательностей ST.25 не было поля <222>, но информация о местоположении содержалась в описании заявки, то прямое импортирование или импорт в формат ST.26 не должен вызывать какого-либо дополнительного согласования объектов (признаков);

(c) Если ни перечень последовательностей ST.25, ни описание заявки не содержали информацию о местоположении, то, вероятно, признак относится ко всей последовательности. (Указание местоположения, которое меньше всей последовательности

без подтверждения в описании заявки, вероятно, будет представлять собой добавленный / удаленный объект (признак)). Следует позаботиться о том, чтобы составить исходный перечень последовательностей и описание заявки (ST.25), включив в него информацию о местоположении, чтобы избежать проблем в будущем.

*Сценарий 11*

В ST.25 кодирующая последовательность, которая кодировала единичный непрерывный полипептид, но которая была прервана одной или несколькими некодирующими последовательностями, например интронами, была указана как несколько отдельных CDS, как показано ниже:

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(571)

<220>

<221> CDS

<222> (639)..(859)

Напротив, ST.26 имеет оператор определения местоположения, который указывает, что полипептиды, кодируемые остатками в указанных положениях, объединяются и образуют один непрерывный полипептид. (Примечание: и ST.25, и ST.26 требуют, чтобы стоп кодон был включен в признак местоположения CDS.)

Рекомендации:

(a) Если в перечне последовательностей ST.25 или в описании заявки четко указано, что полипептидные последовательности, кодируемые несколькими отдельными CDS, образуют один непрерывный полипептид, то должна быть представлена кодирующая последовательность, прерываемая интроном в одном CDS с оператором определения местоположения, как показано ниже, при условии, что не вводится никакой дополнительный объект (признак):

<INSDFeature\_key>CDS</INSDFeature\_key>

<INSDFeature\_location>join(1..571,639..859)</INSDFeature\_location>

(b) Если в перечне последовательностей ST.25 или в описании заявки не указано, что полипептидные последовательности, кодируемые двумя отдельными CDS, образуют один непрерывный полипептид, то использование оператора определения местоположения, вероятно, будет представлять собой дополнительный объект (признак).

#### Сценарий 12

В стандарте ST.25 указано, что названия признаков должны совпадать с одним из названий в таблицах 5 или 6. Однако в нормативных актах США указано, что эти названия признаков были рекомендованы, но не обязательны. Следовательно, последовательность в перечне последовательностей ST.25 (соответствующая нормативам США) может иметь «индивидуальное» название функционального ключа без соответствующего функционального ключа в ST.26. Возможно также, что название признака не было приведено для поля <221> или поле <221> отсутствует. Такие сценарии могут быть решены подобным образом.

#### Рекомендации:

«Индивидуальное» название функционального ключа из ST.25 может быть представлено вперечне последовательностей ST.26 без добавления объекта (признака) следующим образом:

Тип	ST.25 Функциональный ключ <221>	Потенциальный эквивалент ST.26		
		Функциональный ключ	Квалификатор	Значение квалификатора
NA	“Custom” feature key	misc_feature	note	«индивидуальное» название функционального ключа и если имеется значение <223>
AA	“Custom” feature key	SITE or REGION	note	«индивидуальное» название функционального ключа и если имеется значение <223>

#### Сценарий 13

ST.25 содержит функциональный ключ «VARSP LIC», определенный как «описание вариантов последовательности, полученных альтернативным сплайсингом». В ST.26 «VARSP LIC» был заменен более общим функциональным ключом VAR\_SEQ, определенным как «описание вариантов последовательности, полученных с помощью альтернативного сплайсинга, альтернативного использования промотора, альтернативного инициирования и рибосомного сдвига рамки считывания». Поэтому, в перечне последовательностей ST.26 не следует использовать «VAR\_SEQ» вместо «VARSP LIC» без дальнейшего пояснения.

#### Рекомендации:

В ST.26 следует использовать признак «VAR\_SEQ» с квалификатором «note», значение которого должно включать в себя пояснение более узкой области применения ST.25, например, «вариант последовательности, полученный альтернативным сплайсингом». Любая дополнительная информация, содержащаяся в соответствующем поле <223> ST.25, также должна быть включена в квалификатор «note».

#### Сценарий 14

Если источник последовательности был искусственным, в поле <213> «Организм» ST.25 требуется фраза “Artificial Sequence” («Искусственная последовательность»). В ST.26 для функционального ключа “source” требуется квалификатор “organism”, значение которого должно быть указано как

“synthetic construct” («синтетическая конструкция»), а не “Artificial Sequence” («искусственная последовательность»).

Рекомендация:

Значение для квалификатора “organism” ST.26 должно быть указано как “synthetic construct” («синтетическая конструкция»). Чтобы избежать потенциально удаленного объекта (признака), любая пояснительная информация, содержащаяся в обязательном поле <223> ST.25, должна быть включена в квалификатор “note” (функционального ключа “source”).

*Сценарий 15*

Если научное название организма - источника последовательности неизвестно, поле <213> Organism ST.25 требует включения термина “Unknown” («Неизвестный»). В ST.26 для функционального ключа “source” требуется квалификатор “organism”, значение которого должно быть указано как “unidentified” («неустановленный»), а не “Unknown” («неизвестный»).

Рекомендация:

Значение для квалификатора “organism” ST.26 должно быть указано как “unidentified” («неустановленный»). Чтобы избежать потенциально удаленного объекта (признака), любая пояснительная информация, содержащаяся в обязательном поле <223> ST.25, должна быть включена в квалификатор “note” (функционального ключа “source”).

*Сценарий 16*

ST.25 допускает, чтобы перечень аминокислот дополнительно включал отрицательные числа, считая в обратном порядке, начиная с аминокислоты следующей за номером 1, для аминокислот, предшествующих зрелому белку, например, пред-последовательности, про-последовательности, пред-про -последовательности и сигнальные последовательности. ST.26 не допускает использование отрицательных чисел в местоположении объекта.

Рекомендации:

- (a) Если в перечне последовательностей ST.25 имеется признак или признаки, представленные в поле <221> и сопутствующем поле <222>, которое содержит отрицательный и / или положительный порядок номеров, например, «PROPEP» и / или «CHAIN», то в перечне последовательностей ST.26 следует использовать соответствующий функциональный ключ, например, «PROPEP» и / или «CHAIN». Квалификатор «note» может использоваться с информацией в поле <223>, если таковое имеется, в качестве значения квалификатора;
- (b) Если в перечне последовательностей ST.25 не было признака или признаков, представленных в поле <221> и сопутствующем поле <222>, но в описании заявки содержалась информация относительно отрицательного и/или положительного порядка номеров, то в перечне последовательностей ST.26, следует использовать соответствующий функциональный ключ, например, «PROPEP» и / или «CHAIN». В других случаях можно использовать функциональный ключ «РЕГИОН». Квалификатор “note” может использоваться с информацией в описании заявки, если таковая имеется, в качестве значения квалификатора;
- (c) Если ни перечень последовательностей ST.25, ни описание заявки не содержат информации, поясняющей отрицательный и / или положительный порядок номеров, то во избежание потенциального удаления объекта (признака) в перечне последовательностей ST.26 следует использовать функциональный ключ “REGION”, где признак местоположения охватывает отрицательно пронумерованную область последовательности ST.25. Кроме того, для обозначения того, что аминокислотная последовательность была отрицательно

пронумерована в перечне последовательностей ST.25 заявки, для которой испрашивается приоритет, следует использовать квалификатор “note”.

#### *Сценарий 17*

ST.25 предусматривает публикацию информации в полях <300> - <313>. ST.26 не предусматривает включение такой информации.

#### Рекомендации:

Информация, содержащаяся в полях <300> - <313> ST.25, должна быть введена в сопроводительный текст заявки, если она еще не содержится в нем.

#### *Сценарий 18*

ST.25 не даёт стандартизированного способа указать, что CDS участок нуклеотидной последовательности был преобразован с использованием таблицы генетических кодов, отличной от стандартной таблицы генетических кодов. Напротив, ST.26 имеет квалификатор “transl\_table”, который можно использовать с функциональным ключом «CDS», чтобы указать, что участок должен быть преобразован с использованием альтернативной таблицы генетических кодов. Если квалификатор “transl\_table” не используется, предполагается использование стандартной таблицы генетических кодов.

#### Рекомендации:

Если в перечне последовательностей ST.25 или в описании заявки четко указано, что CDS участок должен быть преобразован с использованием альтернативной таблицы генетических кодов, то в качестве квалификатора должен использоваться квалификатор «trans\_table» с соответствующим номером таблицы генетических кодов в качестве значения квалификатора. Отказ от использования квалификатора «trans\_table», скорее всего, станет добавленным объектом (признаком), так как будет принята таблица «Стандартный код» по умолчанию. Невозможность включить в перечень последовательностей ST.26 информацию из таблицы альтернативных генетических кодов из перечня последовательностей ST.25 или из описания заявки, вероятно, будет представлять собой удаленный объект (признак).

(a) Если в перечне последовательностей ST.25 или в описании заявки не указано, что CDS участок должен быть преобразован с использованием альтернативной таблицы генетических кодов, то не следует использовать квалификатор “transl\_table”, или использовать только со значением квалификатора “1”, т. е. таблицей стандартных кодов. Использование квалификатора «trans\_table» с любым значением, отличным от «1», вероятно, будет означать добавление или удаление объекта (признака).

#### *Сценарий 19*

ST.25 не даёт стандартизированного способа указать местоположение признака, в частности, имеющего месторасположение или участок, который выходит за пределы указанного остатка или диапазона остатков, например, участок CDS нуклеотидной последовательности, который выходит за пределы одного или обоих концов раскрытой последовательности. Для сравнения, дескриптор местоположения признака ST.26 предусматривает стандартизированный способ указания такого месторасположения или участка с помощью символов «<» или «>». Например, местоположение признака «CDS» должно включать в себя стоп кодон, даже когда стоп кодон не включен в саму раскрытую последовательность, путём указания местоположения, например, 1 ..> 321.

#### Рекомендации:

(a) Если в перечне последовательностей ST.25 явно не указано, что местоположение признака выходит за пределы последовательности, но такое местоположение либо

подтверждается в описании, либо ясно из самой последовательности, например, стоп- кодон CDS, который не содержится в последовательности, тогда в перечне последовательностей ST.26 могут использоваться символы «<» или «>» без добавления объекта (признака). Если в перечне последовательностей ST.25 явно не указано, что местоположение признака выходит за пределы последовательности, и такое местоположение и не подтверждается в раскрытии, и неясно из самой последовательности, то соблюдение ST.26, без введения дополнительного объекта (признака), может быть невозможным в этой ситуации. В этом случае приоритетная заявка и перечень последовательностей сами по себе недостаточны. В этой ситуации описание местоположения признака в перечне последовательностей ST.26 не будет приоритетным для более ранней заявки. Следует позаботиться о том, чтобы составить исходный перечень последовательностей и описание заявки (ST.25), включив в него полную информацию о признаках.

### Сценарий 20

Приложение 1 ST.25 предусматривает, что в случаях, когда нуклеотидная последовательность содержит фрагменты как ДНК, так и РНК, значение в <212> должно быть «ДНК», а комбинированная молекула ДНК / РНК должна быть далее описана в разделе признаков <220> - <223>; однако точный характер дальнейшего описания неясен, и это требование обычно не выполняется. Параграф 55 ST.26 предусматривает, чтобы каждый сегмент ДНК и РНК (ST.26 использовал «сегмент», а не «фрагмент» для внутренней согласованности) комбинированной молекулы ДНК / РНК должен быть далее описан с помощью функционального ключа «misc\_feature», который включает местоположение сегмента и квалификатор “note”, который указывает, является ли он сегментом ДНК или РНК.

### Рекомендации:

- (a) Если в перечне последовательностей ST.25 описаны сегменты ДНК и РНК в одном или нескольких признаках с использованием <221> misc\_feature, соответствующих местоположений в <222> и указаний в <223> о том, какие сегменты были ДНК или РНК, то включение этой информации в формат ST.26 с использованием misc\_feature для каждого сегмента ДНК и РНК не должно вызывать каких-либо дополнительных вопросов, подлежащих рассмотрению;
- (b) Если в перечне последовательностей ST.25 описаны сегменты ДНК и РНК в одном или нескольких признаках с использованием функционального ключа <221>, отличного от misc\_feature, соответствующих местоположений в <222> и указаний в <223>, указывающих, какие сегменты являются ДНК или РНК, то включение этой информации в формате ST.26 с использованием misc\_feature для каждого сегмента ДНК и РНК и дополнительного квалификатора «note» с исходным функциональным ключом <221> в качестве значения, не должны приводить к согласованию добавления или удаления объекта (признака);
- (c) Если в перечне последовательностей ST.25 указывается идентификатор (ДНК или РНК) и местоположение каждого сегмента в поле <223>, которое не связано с полями <221> и <222>, например, определение искусственной последовательности, с последующим включением этой информации в формат ST.26 с использованием misc\_feature для каждого сегмента ДНК и РНК, не должно вызывать каких-либо дополнительных вопросов, подлежащих рассмотрению;
- (d) Если в перечне последовательностей ST.25 описана молекула как часть признака, с использованием <221> misc\_feature и <223>, и отмечено, что молекула является комбинированной молекулой ДНК/РНК, но не предоставлена информация о местоположении каждого сегмента, и



- (i) Если в описании указано местоположение каждого сегмента ДНК и РНК, то включение этой информации в формат ST.26 с использованием `misc_feature` для каждого сегмента ДНК и РНК не должно вызывать каких-либо дополнительных вопросов, подлежащих рассмотрению;
- (ii) Если описание не содержит информацию о местонахождении каждого сегмента ДНК и РНК, то в этой ситуации соблюдение ST.26 без введения дополнительного объекта (признака) может оказаться невозможным. В этом случае приоритетная заявка и перечень последовательностей сами по себе недостаточны. В этой ситуации описание местоположения признака в перечне последовательностей ST.26 не будет приоритетным для более ранней заявки. Следует позаботиться о том, чтобы составить исходный перечень последовательностей и описание заявки (ST.25), включив в него полную информацию о признаках.
- (e) Если в перечне последовательностей ST.25 описана молекула как часть признака, с использованием функционального ключа в <221>, отличном от `misc_feature`, а в <223> отмечено, что молекула является комбинированной молекулой ДНК/РНК, но не предоставлена информация о местоположении для каждого сегмента, и
- (i) Если в описании указаны местоположения каждого сегмента ДНК и РНК, то включение этой информации в формат ST.26 с использованием `misc_feature` для каждого сегмента ДНК и РНК и дополнительного квалификатора «note» со значением в виде исходного функционального ключа <221>, не должно вызывать добавления или удаления объекта (признака);
- (ii) Если описание не содержит информацию о местонахождении каждого сегмента ДНК и РНК, то в этой ситуации соблюдение ST.26 без введения дополнительного объекта (признака) может оказаться невозможным. В этом случае приоритетная заявка и перечень последовательностей сами по себе недостаточны. В этой ситуации описание местоположения признака в перечне последовательностей ST.26 не будет приоритетным для более ранней заявки. Следует позаботиться о том, чтобы составить исходный перечень последовательностей и описание заявки (ST.25), включив в него полную информацию о признаках.
- (f) Если в перечне последовательностей ST.25 отмечено, что молекула представляет собой комбинированную молекулу ДНК/РНК в поле <223>, например, указано определение искусственной последовательности, но не дано никакого функционального ключа или информации о местоположении каждого сегмента, и
- (i) Если в описании указаны местоположения каждого сегмента ДНК и РНК, то включение этой информации в формат ST.26 с использованием `misc_feature` для каждого сегмента ДНК и РНК не должно вызывать каких-либо дополнительных вопросов, подлежащих обсуждению.
- (ii) Если описание не содержит информацию о местонахождении каждого сегмента ДНК и РНК, то в этой ситуации соблюдение ST.26 без введения дополнительного объекта (признака) может оказаться невозможным. В этом случае приоритетная заявка и перечень последовательностей сами по себе недостаточны. В этой ситуации описание местоположения признака в перечне последовательностей ST.26 не будет приоритетным для более ранней заявки. Следует позаботиться о том, чтобы составить исходный перечень последовательностей и описание заявки (ST.25), включив в него полную информацию о признаках.

[Конец Приложения 7 и Стандарта]