WIPO
WORLD
INTELLECTUAL PROPERTY
ORGANIZATION

WIPO Sequence Version 2.1.0 Benutzerhandbuch

Zweck dieses Dokuments ist es, den Benutzern eine Anleitung zur Durchführung grundlegender Vorgänge mit der Desktop-Anwendung WIPO Sequence zur Verfügung zu stellen. Normalerweise handelt es sich bei den Benutzern um einen Patentanmelder oder dessen Vertreter, der eine Patentanmeldung samt einem Sequenzprotokoll einreichen möchte.

Letzte Aktualisierung: Juni 2022

WIPO SEQUENCE Version 2.1.0

BENUTZERHANDBUCH

INHALTSVERZEICHNIS

Seite

1 Einleitung 5

1.1 Übersicht 5

1.2 Systemvoraussetzungen 5

1.2.1 Installation 7

1.2.1.1 Windows 7

1.2.1.2 Linux 7

1.2.1.3 OSX 7

1.2.1.4 Stille Installation (Silent-Installation) 8

1.2.2 Deinstallation 8

1.2.2.1 Windows 8

1.2.2.2 Linux 8

1.2.2.3 OSX 8

1.2.3 Automatischer Aktualisierungsprozess 9

1.2.4 Log4J-Schwachstelle 10

2 Tool-Funktionen 10

3 Tool-Übersicht 14

3.1 Tool-Hauptelemente 14

3.1.1 Seite ... 14
3.1.2 Ansicht ... 15
3.1.3 Abschnitte ... 15
3.1.4 Overlay ... 17
3.1.5 Tabellen ... 17
3.1.6 Bedienfeldansichten ... 18
3.1.7 Bearbeitungsbedienfeld ... 20
3.1.8 Datumsauswahl ... 20
3.2 PDF-Reader ... 21
3.3 Tastaturnavigation ... 21
4 Hauptseite ... 23
4.1 Projekte-Startansicht ... 24
4.1.1 Projekt erstellen ... 25
4.1.2 Projekt importieren ... 26
4.1.3 Sequenzprotokoll importieren ... 29
4.1.4 Sequenzprotokoll validieren ... 35
4.1.5 Projekt löschen ... 38
4.2 Personen & Organisationen ... 39
4.2.1 Erstellen ... 39
4.3 Benutzerdefinierte Organismen ... 40
4.3.1 Benutzerdefinierten Organismus erstellen ... 40
4.3.2 Benutzerdefinierte Organismen exportieren ... 41
4.3.3 Benutzerdefinierte Organismen importieren ... 44
4.4 Systemeinstellungen ... 45
5 Projektseite ... 48

5.1 Projektdetails 49

5.1.1 Basisinformationen 49

5.1.1.1 Projekt drucken 50

5.1.1.2 Importieren von Informationen aus einem anderen Projekt 53

5.1.1.3 Projekt validieren 55

5.1.1.4 Projekt exportieren 57

5.1.1.5 Sequenzprotokoll generieren 60

5.1.2 Allgemeine Informationen 63

5.1.2.1 Identifikation der Anmeldung 63

5.1.2.2 Prioritäts-Identifikation 64

5.1.2.3 Anmelder & Erfinder 66

5.1.2.4 Bezeichnung der Erfindung 67

5.1.3 Sequenzen 68

5.1.3.1 Sequenz erstellen 68

5.1.3.2 Sequenz importieren 72

5.1.3.3 Sequenz einfügen 77

5.1.3.4 Sequenz neu ordnen 79

5.1.3.5 Bulk-Bearbeitung 80

5.1.3.6 Sequenz bearbeiten 84

5.1.3.7 Merkmale 86

5.1.3.8 Qualifier 95

5.2 Prüfbericht 98

5.3 Sprachabhängige Qualifier 101

5.3.1 FREITEXT-QUALIFIER IMPORTIEREN 101

5.3.2 FREITEXT-QUALIFIER EXPORTIEREN 105

5.4 Importbericht 106

5.4.1 Importbericht-Tabelle 107

5.4.2 Tabelle der geänderten Daten 108

5.5 Sequenzprotokoll anzeigen 109

5.6 Hilfe 112

5.7 Einstellungen 113

***6* Dateiformate 114**

6.1 ST.25 114

6.2 MULTI-SEQUENZ 114

6.3 RAW (ROHFORMAT) 115

6.4 FASTA 115

6.4.1 FASTA-Datei mit einer Sequenz 115

1 EINLEITUNG

1.1 ÜBERSICHT

WIPO Sequence ist ein Desktop-Tool, mit dem ein Benutzer:

(i) ein Sequenzprotokoll im XML-Format, das dem WIPO-Standard ST.26 entspricht, erstellen/bearbeiten kann; (ii) die Übereinstimmung eines Sequenzprotokolls im XML-Format mit den Anforderungen des WIPO-Standards ST.26 überprüfen kann.

Der WIPO-Standard ST.26 ist zu finden unter:

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

Dieses Dokument beschreibt, wie Sie WIPO Sequence als Anmelder oder als Vertreter eines Anmelders nutzen können. Eine vollständige Liste der Funktionen des Tools finden Sie in Abschnitt 2 dieses Dokuments.

1.2 SYSTEMVORAUSSETZUNGEN

Das WIPO Sequence-Tool wurde für die Unterstützung der folgenden Betriebssysteme entwickelt:

- Windows 10 Version 1803 (32- und 64-Bit-Versionen)
- Linux: Ubuntu Version 18.04 und CentOS 7 Version 1804
- MacOS Version 10.13 (64-Bit-Version)

Neben den oben genannten Versionen unterstützt es auch die folgenden Betriebssysteme:

- Windows 7 und höher (sowohl 32 Bit als auch 64 Bit)
- Ubuntu Version 12.04 und neuer
- MacOS Version 10.9 (64-Bit-Version)

Für das WIPO Sequence-Tool sind die folgenden Hardware-Mindestspezifikationen erforderlich:

- CPU: 1,6 GHz
- RAM: 4 GB
- Freier Festplattenspeicher: 1 GB (eine zusätzliche Festplatte kann für die Speicherung der Sequenzprotokollinformationen erforderlich sein)

- Bildschirmauflösung: 1366x768

1.2.1 Installation

1.2.1.1 Windows

WIPO Sequence bietet eine einzige Installationsdatei sowohl für 32- als auch für 64-Bit-Versionen von Windows. Der Benutzer sollte dem im Installationsassistenten gezeigten Prozess folgen.

Wir müssen darauf hinweisen, dass bei Verwendung der 32-Bit-Version Leistungsprobleme auftreten werden oder das Tool nicht einwandfrei funktionieren wird.

Die Datenbankdateien, die zum Speichern der Projektinformationen zusammen mit dem Protokoll des Tools verwendet werden, werden an folgendem Ort gespeichert:

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

Wenn die Anwendung aktualisiert oder deinstalliert wird, werden diese Dateien nicht entfernt, so dass die Projektdaten bei einer Neuinstallation der Anwendung erhalten bleiben.

1.2.1.2 Linux

WIPO Sequence wird als "AppImage"-Datei (https://appimage.org/**Error! Hyperlink reference not valid.**) bereitgestellt, die auf den meisten Linux-Distributionen, einschließlich CentOS und Ubuntu, ausgeführt wird. Die Datei kann durch einen Doppelklick oder über die Befehlszeile ausgeführt werden.

Zunächst wird der Benutzer mit einer Nachricht aufgefordert, auszuwählen, ob eine Verknüpfung auf dem Desktop erstellt werden soll.

1.2.1.3 OSX

WIPO Sequence stellt eine "dmg"-Datei für die Installation der Anwendung auf einem MacOS 64-Bit-Betriebssystem zur Verfügung. Zur Installation sollte der Benutzer auf die Datei doppelklicken und dem Assistenten folgen.

Die Datenbankdateien, die zum Speichern der Projektinformationen zusammen mit dem Protokoll des Tools verwendet werden, werden an folgendem Ort gespeichert:

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

Wenn die Anwendung aktualisiert oder deinstalliert wird, werden diese Dateien nicht entfernt, so dass die Projektdaten bei einer Neuinstallation der Anwendung erhalten bleiben.

1.2.1.4 Stille Installation (Silent-Installation)

WIPO Sequence unterstützt eine stille Installation durch Verwendung der folgenden Flags bei der Installation (mit der Datei ".exe installer"):

- */S*: zum Starten einer stillen Installation
- */allusers*: installiert das Tool, so dass es für alle Windows-Nutzer auf dem Desktop-Computer verfügbar ist (dies muss gestartet werden, wenn Sie als ein "admin user" angemeldet sind).

1.2.2 Deinstallation

1.2.2.1 Windows

WIPO Sequence verfügt über einen Deinstallationsassistenten, der in Windows unter der Option "Programme hinzufügen oder entfernen" gestartet werden kann.

Um die Protokolldateien und die zum Speichern der Projektinformationen verwendeten Dateien vollständig zu entfernen, muss der folgende Ordner gelöscht werden:

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

1.2.2.2 Linux

Durch das Entfernen der Linux "AppImage"-Datei wird die Anwendung vom Computer deinstalliert. Zusätzlich kann der Menüeintrag entfernt werden, indem die Desktop-Datei vom folgenden Speicherort gelöscht wird:

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

Um die Protokolldateien und die zum Speichern der Projektinformationen verwendeten Dateien vollständig zu entfernen, muss der folgende Ordner gelöscht werden:

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

1.2.2.3 OSX

Die Anwendung kann vom Finder auf OSX unter dem Abschnitt 'Programme' deinstalliert werden.

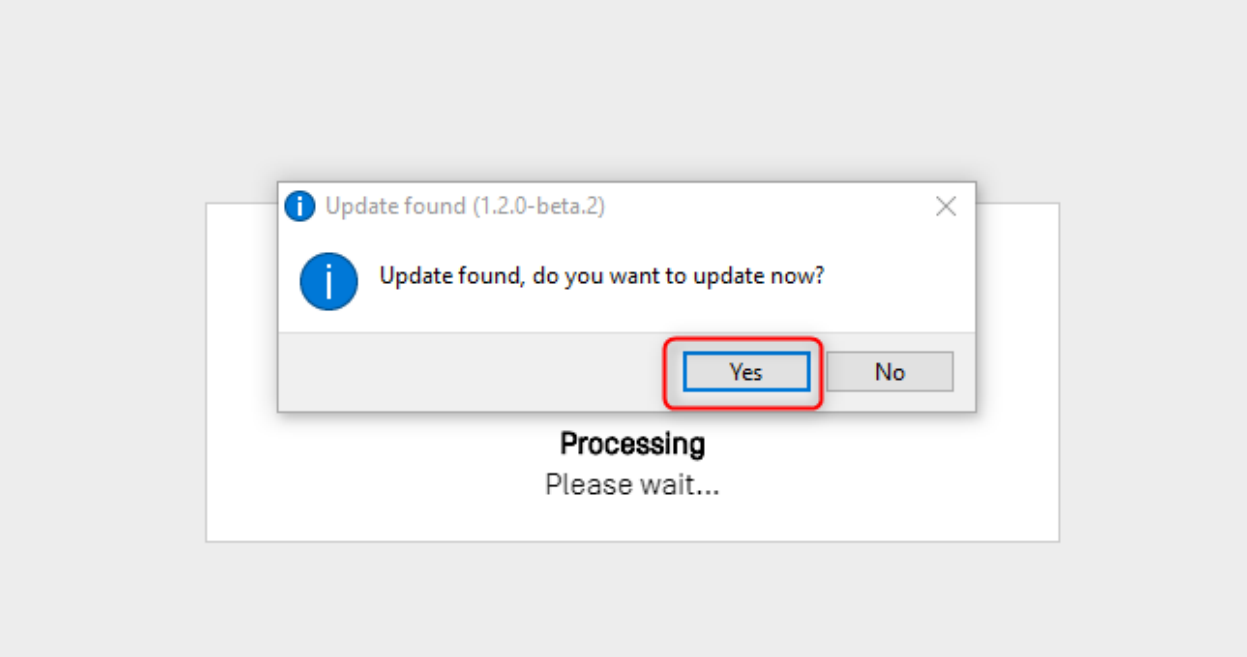
Um die Protokolldateien und die zum Speichern der Projektinformationen verwendeten Dateien vollständig zu entfernen, muss der folgende Ordner gelöscht werden:

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

1.2.3 Automatischer Aktualisierungsprozess

Nach dem Start von WIPO Sequence sucht das Tool nach verfügbaren Aktualisierungen und wird eine gefunden, wird der Benutzer aufgefordert, auf die neuere stabile Version zu aktualisieren.

Es wird empfohlen, die Aktualisierung nicht zu überspringen, um sicherzustellen, dass die verwendete Version der neuesten Version von ST.26 entspricht.



Hinweis:

Um die automatische Aktualisierung zu aktivieren, muss der Computer mit dem Internet verbunden sein und das Tool muss über Berechtigungen verfügen, um über HTTP auf die WIPO-Webseite zuzugreifen. Bitte beachten Sie, dass vom Benutzer keine Informationen an den WIPO-Aktualisierungsserver gesendet werden.

Der Benutzer sollte ein wenig Geduld haben, bis die neue Version heruntergeladen und installiert ist und seinen Fokus weiter auf die Anwendung richten.

1.2.4 Log4J-Schwachstelle

Gegen die bekannte Javascript-Bibliothek Log4J2 wurde eine Zero-Day-Attacke gemeldet, mit der ein Angreifer einen Remote Code ausführen kann[1].

Laut der Spring Boot-Dokumentation sind nur Anwendungen, die log4j-core verwenden und Einträge in Protokollnachrichten enthalten, verwundbar. Da der WIPO Sequence Validator nur log4j-to-slf4j und log4j-api verwendet, können beide nicht als solche allein angegriffen werden. Daher ist WIPO Sequence von dieser Sicherheitsanfälligkeit nicht betroffen.

2 TOOL-FUNKTIONEN

In diesem Abschnitt werden alle vom Tool implementierten Funktionen in der aktuellen Version des Tools, Version 2.0.0, beschrieben. Die Liste der Funktionen ist hier in alphabetischer Reihenfolge der Ausdrücke in Englisch aufgeführt.

ID	Funktionen
1	Hinzufügen eines benutzerdefinierten Organismusnamens und einer Beschreibung zur Liste der Organismusnamen des Systems
2	Hinzufügen einer Bezeichnung einer Erfindung und des entsprechenden Sprachcodes zu einem Projekt
3	Hinzufügen von Anmeldungsinformationen (vorliegende oder frühere Anmeldung) zu einem Projekt
4	Hinzufügen von Merkmalinformationen zu einer Sequenz
5	Hinzufügen eines Source-Merkmals und seiner obligatorischen Qualifier zu einer Sequenz
6	Hinzufügen neuer Organismusnamen zur Liste der in diesem System gespeicherten Organismusnamen

[1] https://spring.io/blog/2021/12/10/log4j2-vulnerability-and-spring-boot

7	Hinzufügen von Qualifierinformationen zu einem Merkmal
8	Hinzufügen von allgemeinen Sequenzprotokollinformationsdaten zu einem Projekt
9	Hinzufügen eines Sequenznamens zu einer ausgewählten Sequenz
10	Ändern der Reihenfolge, in der die Sequenzen im generierten Sequenzprotokoll aufgelistet werden
11	Erstellen eines Arbeitsbereichs, in dem Daten zu einem Sequenzprotokoll gespeichert wird
12	Erstellen einer Instanz der Sequenzdatenstruktur und Festlegen derer Attribute auf die Werte, die von einem ST.26-Sequenz-XML-Knoten erhalten wurden, der als Eingabe empfangen wurde
13	Erstellen und Einfügen einer Sequenz an einer anderen Position im Protokoll
14	Erstellen eines Translations-Qualifiers für ein ausgewähltes CDS-Merkmal und seine zugehörige translatierte Sequenz
15	Anlegen eines neuen Personen- oder Organisationsnamens
16	Löschen einer Sequenz
17	Anzeige des generierten Sequenzprotokolls
18	Anzeige der beim Importieren einer Sequenz geänderten Daten
19	Bearbeiten der Attribute einer Instanz der "Qualifier"-Datenstruktur
20	Bearbeiten der Attribute eines Projekts
21	Bearbeiten der Attribute einer Sequenz
22	Bearbeiten der Attribute einer Instanz der "Merkmal"-Datenstruktur
23	Aktivieren oder Deaktivieren ausgewählter Prüfregeln
24	Exportieren von Freitext-Qualifiern zum Zweck der Translation im XLIFF-Format

25	Exportieren aller in einem Projekt gespeicherten Daten, damit sie später in dieselbe oder eine andere Instanz des Systems importiert werden können
26	Exportieren der Liste der benutzerdefinierten Organismusnamen in eine Datei, die später in eine andere Instanz dieses Systems importiert werden kann
27	Exportieren des generierten Sequenzprotokolls in einem visuell lesbaren Format (.html & .txt)
28	Generieren eines Sequenzprotokolls
29	Importieren einer Liste von benutzerdefinierten Organismusnamen aus einer Datei
30	Importieren aller in einer Projektdatei gespeicherten Daten
31	Importieren von Daten aus einer ST.25-Sequenzprotokolldatei in ein neu erstelltes Projekt
32	Importieren von Daten aus einer ST.26-Sequenzprotokolldatei in ein neu erstelltes Projekt
33	Importieren von Daten aus einer FASTA-Datei in ein vorhandenes Projekt
34	Importieren mehrerer Sequenzen aus einer Datei auf einmal
35	Importieren der Daten aus einem anderen Projekt (Ausgangsprojekt) in das aktuelle Projekt (Zielprojekt)
36	Analyse einer Sequenz im Multi-Sequenz-Format und Prüfen, dass die vier Teile (Sequenzname, Molekülart, Organismus und Reste) angezeigt werden
37	Drucken von Daten aus dem Projekt oder Drucken des generierten ST.26-Sequenzprotokolls
38	Bereitstellen von Lageinformationen für ein ausgewähltes Merkmal
39	Bereitstellen einer Zeichenfolge von Resten, die ungültige Symbole enthalten, und Melden der fehlerbehafteten Reste nach der Validierung

40	Aufzeichnen von Daten, die beim Import geändert wurden, damit nach dem Import die Originaldaten und die geänderten Daten angezeigt werden können
41	Entfernen aller mit einer Sequenz verbundenen Daten aus dem Projekt und entsprechendes Umnummerieren der verbleibenden Sequenzen
42	Setzen Sie das Attribut "INSDQualifierMolType" einer Sequenz auf einen der vordefinierten Werte
43	Festlegen und Speichern der Systemeinstellungen (maximale Anzahl von pro Zeile angezeigten Restesymbolen usw.)
44	Speichern von Informationen über einen Anmelder oder Erfinder (z.B. Name, den entsprechenden Sprachcode und dessen Übersetzung oder Transliteration in lateinische Schriftzeichen (falls zutreffend), Adresse usw.) im System, damit diese später in verschiedenen Projekten verwendet werden können
45	Translatieren einer Nukleinsäuresequenz gemäß einer spezifizierten Nummer der genetischen Codetabelle
46	Prüfen einer ST.26-Sequenzprotokolldatei und Auflisten der Probleme in einem Prüfbericht mit Warn- und Fehlermeldungen
47	Prüfen der in einem Projekt gespeicherten Daten und Auflisten der Probleme in einem Prüfbericht mit Warn- und Fehlermeldungen
48	Importieren von Ausgang-Ziel-Paaren für Freitext-Qualifier im XLIFF-Format zum Zweck der Bereitstellung von Translationen in einem Projekt
49	Mengenbearbeitung von Sequenzannotationen einschließlich dem Qualifier "mol_type"

3 TOOL-ÜBERSICHT

3.1 TOOL-HAUPTELEMENTE

In diesem Abschnitt werden die Hauptelemente des Tools ausführlich beschrieben, um den Benutzer mit den gebräuchlichsten Komponenten innerhalb des Desktop-Tools vertraut zu machen.

3.1.1 Seite

Die Startseite ist der Ausgangspunkt für Ansichten innerhalb des Tools. Es gibt zwei übergeordnete Seiten, welche Ansichten umfassen:

- Hauptseite
    - Projekte-Startansicht
    - Ansicht Personen und Organisationen
    - Ansicht Benutzerdefinierte Organismen
    - Ansicht Voreinstellungen
- Projektseite (über die Ansicht Projekte zugänglich)
    - Ansicht Projektdetails
    - Ansicht Prüfbericht
    - Ansicht Sprachabhängige Qualifier
    - Ansicht Importbericht
    - Ansicht Sequenzprotokollanzeige

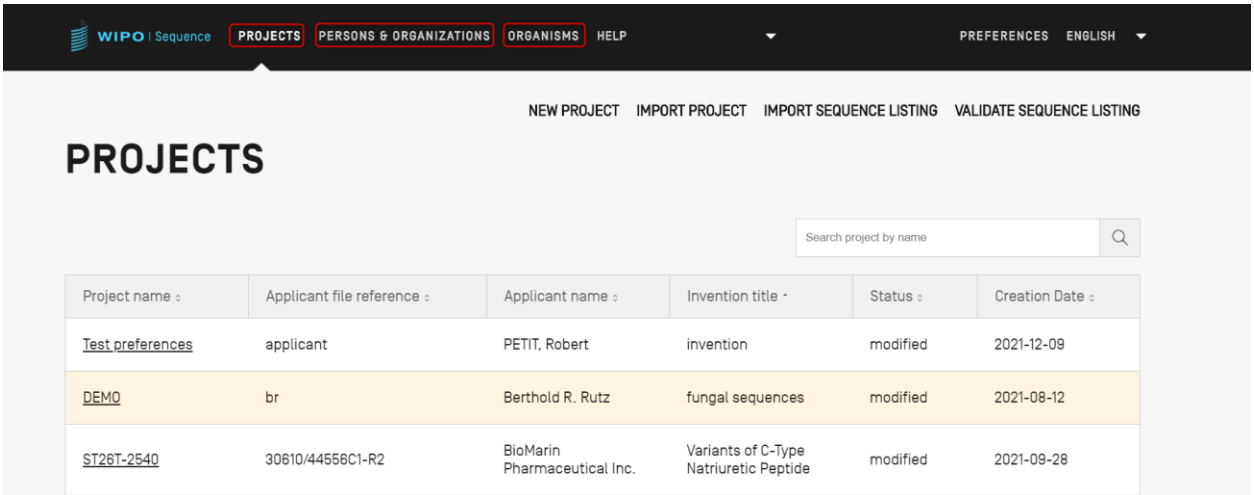


Abbildung 1 Hauptseite

3.1.2 Ansicht

Die verschiedenen Anzeigen von Informationen, die auf derselben Seite zu sehen sind, werden als Ansichten bezeichnet.

3.1.3 Abschnitte

Einige Ansichten können Abschnitte aufweisen. Abschnitte bieten eine praktische Möglichkeit, verschiedene Teile einer größeren Ansicht aufzugliedern.

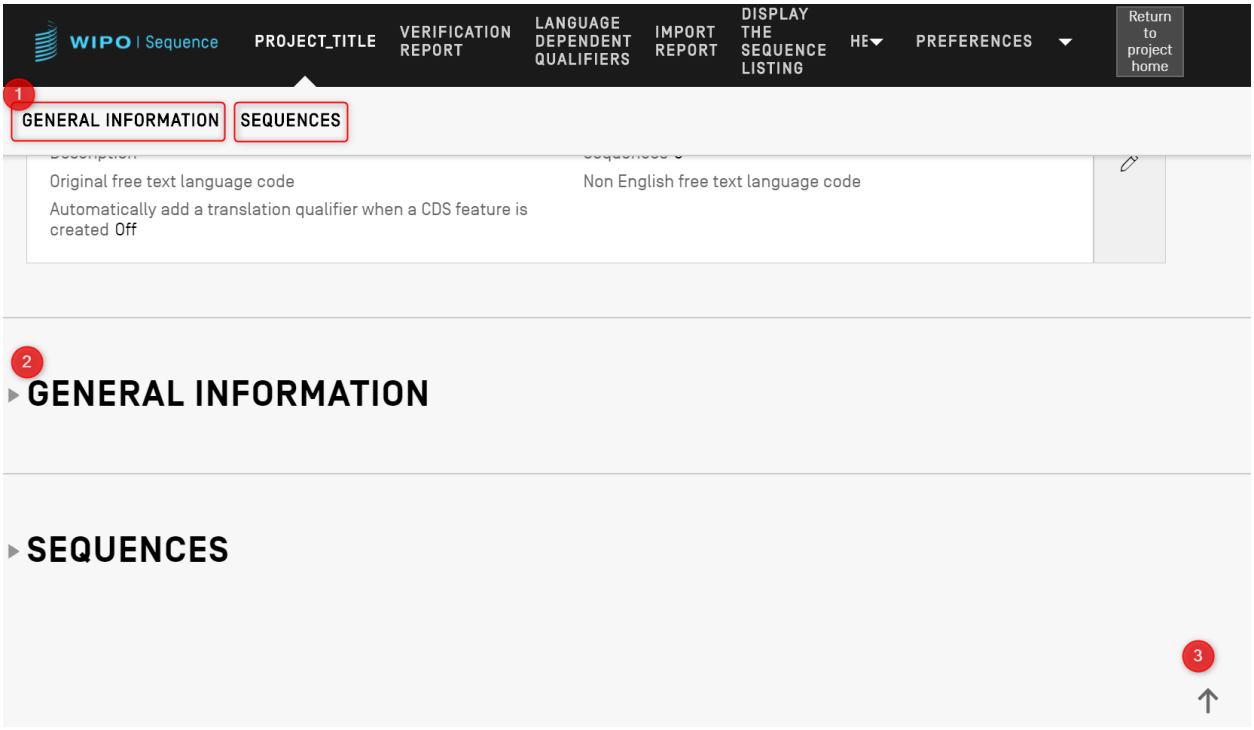


Abbildung 2 Ansicht Projektdetails

In der Ansicht Projektdetails (siehe Abbildung 2) sind 2 ausklappbare Abschnitte zu finden: "General Information" (Allgemeine Informationen) und "Sequences" (Sequenzen). Oben in der Ansicht Projektdetails lassen sich über zwei Links die entsprechenden Abschnitte öffnen (1); jede Sektion kann zur einfacheren Navigation eingeklappt werden (durch Klicken auf das kleine Dreieck auf der linken Seite) (2); durch Klicken auf das Pfeilsymbol kann zum Anfang der Ansicht Projektdetails gescrollt werden (3).

3.1.4 Overlay

Wenn ein Bedienfeld ausgefüllt oder geändert werden muss, erscheint in manchen Fällen ein Overlay über der aktuellen Ansicht, das den Hintergrund grau hinterlegt, wie im folgenden Beispiel in Abbildung 3 dargestellt.

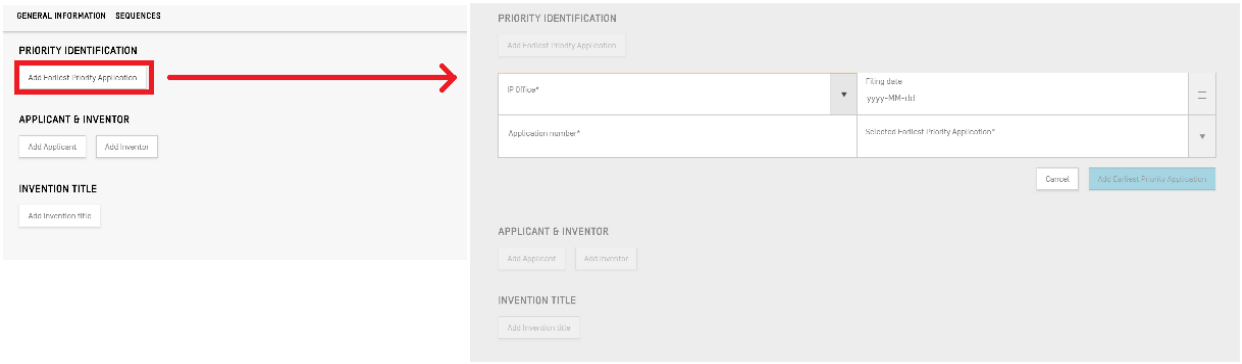


Abbildung 3 Overlay

Ist das Overlay sichtbar, sind alle unter dem Overlay befindlichen Elemente funktionslos, und nur die hervorgehobenen Elemente können geändert werden.

3.1.5 Tabellen

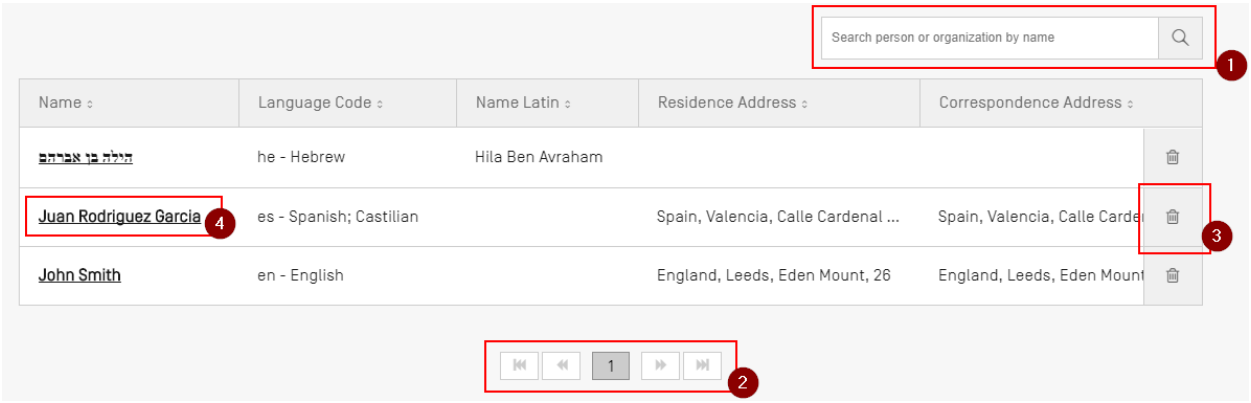


Abbildung 4 Tabellen

Das Beispiel einer Tabelle ist in Abbildung 4 zu sehen. Ist die Suchfunktion für die Tabelle aktiviert, kann der Benutzer einige Suchdaten eingeben und auf das Suchsymbol rechts neben dem Sucheingabefeld klicken (1). Um zur vollständigen Liste der Elemente innerhalb der Tabelle zurückzukehren, muss das Sucheingabefeld gelöscht und auf das Suchsymbol geklickt werden (1).

Falls nicht alle Einträge auf einer Seite Platz haben, kann der Benutzer durch die einzelnen, Zeilen enthaltende Seiten in einer Tabelle navigieren, indem er auf die Schaltflächen unter der Tabelle klickt (2). Ein Eintrag innerhalb einer Tabelle kann durch Klicken auf das Papierkorbsymbol rechts neben der entsprechenden Zeile gelöscht werden(3). Um die Ansicht zur Bearbeitung eines Eintrags in einer Tabelle zu öffnen, muss der Benutzer auf den unterstrichenen Eintrag in der Zeile klicken (Unterstrichenes ist anklickbar) (4).

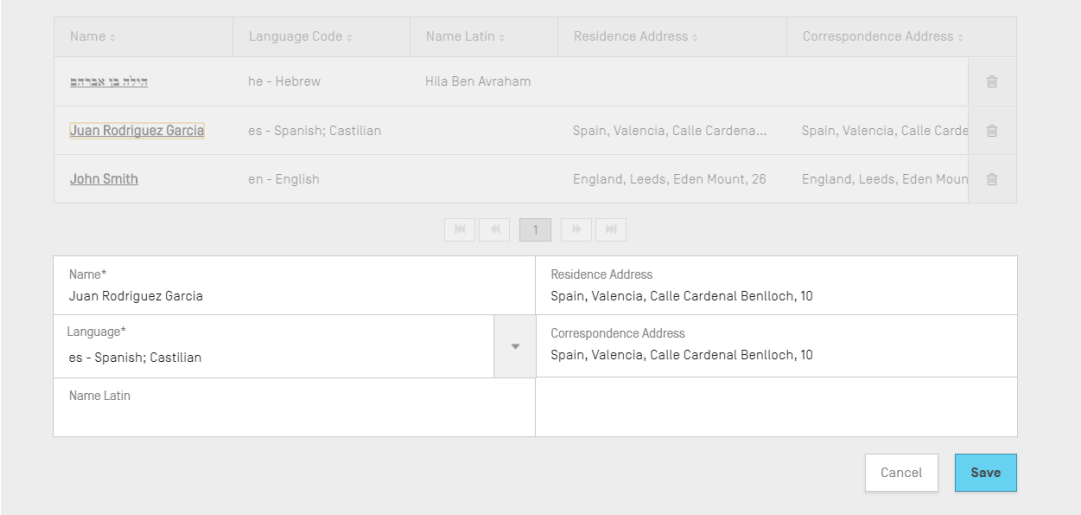


Abbildung 5: Tabelle bearbeiten

Sobald dieser Eintrag ausgewählt wurde, erscheint ein Overlay über dem Bildschirm und ein bearbeitbares Feld öffnet sich unterhalb der Tabelle.

3.1.6 Bedienfeldansichten

Bedienfeldansichten zeigen eine Gruppe von Daten an. Die Elemente in einer Bedienfeldansicht können über mehrere Spalten verteilt sein. Jedes Element hat ein Label und einen (optionalen) Wert.

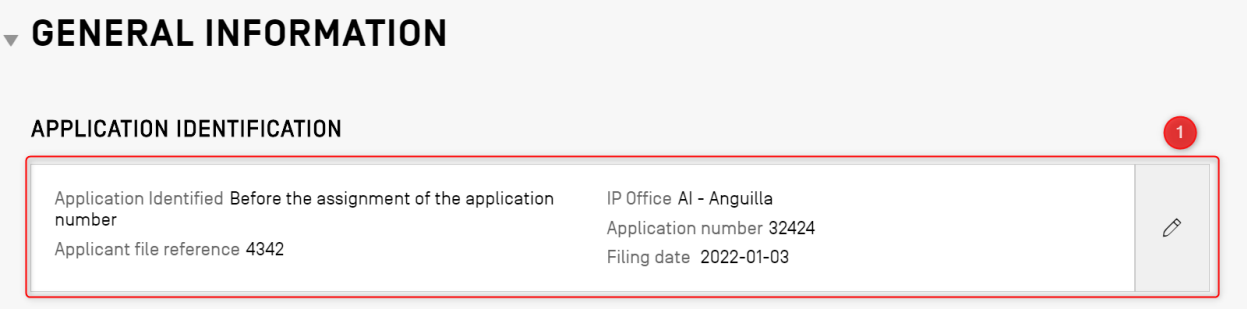


Abbildung 6 Bedienfeldansicht

Wie in Abbildung 6 dargestellt, wird in der Bedienfeldansicht durch Klicken auf das Stiftsymbol (1) diese durch ein Bearbeitungsbedienfeld ersetzt.

3.1.7 Bearbeitungsbedienfeld

Nach dem Öffnen eines Bearbeitungsbedienfelds werden dem Benutzer die Felder angezeigt, die geändert werden können. Hat der Benutzer die Bearbeitung der Datenelemente abgeschlossen, kann er die vorgenommenen Änderungen entweder speichern oder verwerfen, indem er auf die Schaltflächen "Save" (Speichern) (1) bzw. "Cancel" (Abbrechen) (2) klickt (siehe Abbildung 7).

Hinweis:

Felder, die nur zur Anzeige dienen und nicht geändert werden können, sind grau hinterlegt.

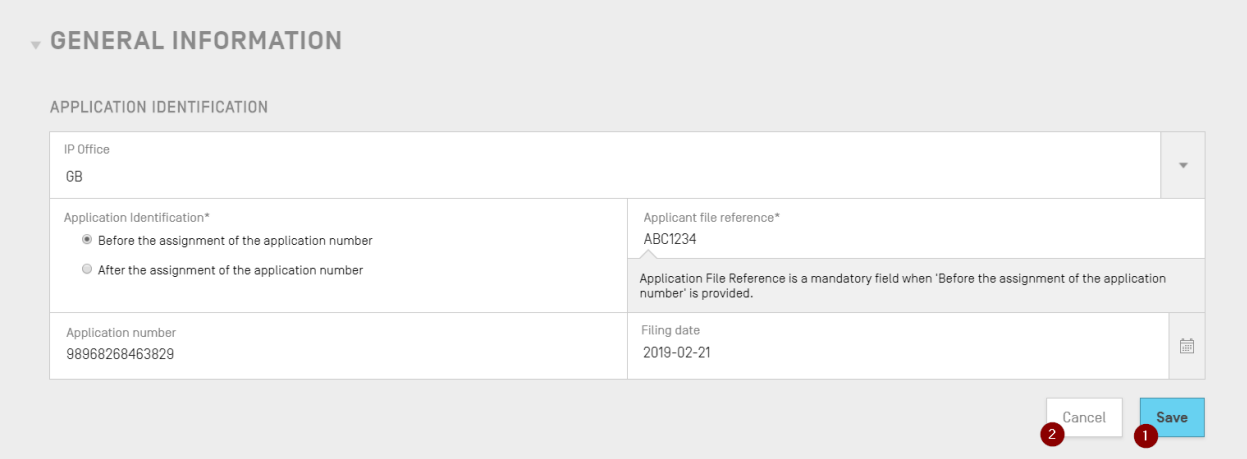


Abbildung 7 Bearbeitungsbedienfeld

3.1.8 Datumsauswahl

Zur Eingabe eines Datums ist die Datumsauswahl-Schnittstelle zu verwenden. Durch Klicken auf das Kalendersymbol (1) wird die Datumsauswahlanzeige (2) geöffnet, wie in Abbildung 8 dargestellt.

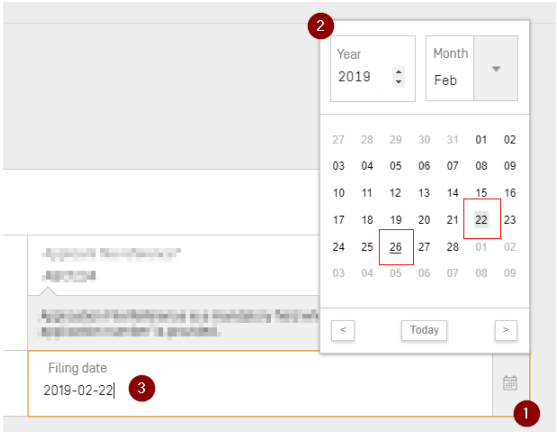


Abbildung 8 Datumsauswahl

Das ausgewählte Datum ist grau hinterlegt (22) und das Tagesdatum ist schwarz unterstrichen (26). Als erster Tag der Woche gilt der Sonntag.

Als Alternative kann der Benutzer auch einfach das gewünschte Datum im entsprechenden Format eingeben ("*JJJJ-MM-TT*") (3).

3.2 PDF-READER

Beim Drucken eines Prüfberichts für ein bestimmtes Sequenzprotokoll, eines Importberichts oder von Projektinformationen wird eine PDF-Datei erzeugt und in einem PDF-Reader geöffnet. Um die Datei herunterzuladen und zu speichern, muss der Benutzer auf das Download-Symbol oben rechts im Viewer klicken (1) (siehe Abbildung 9).

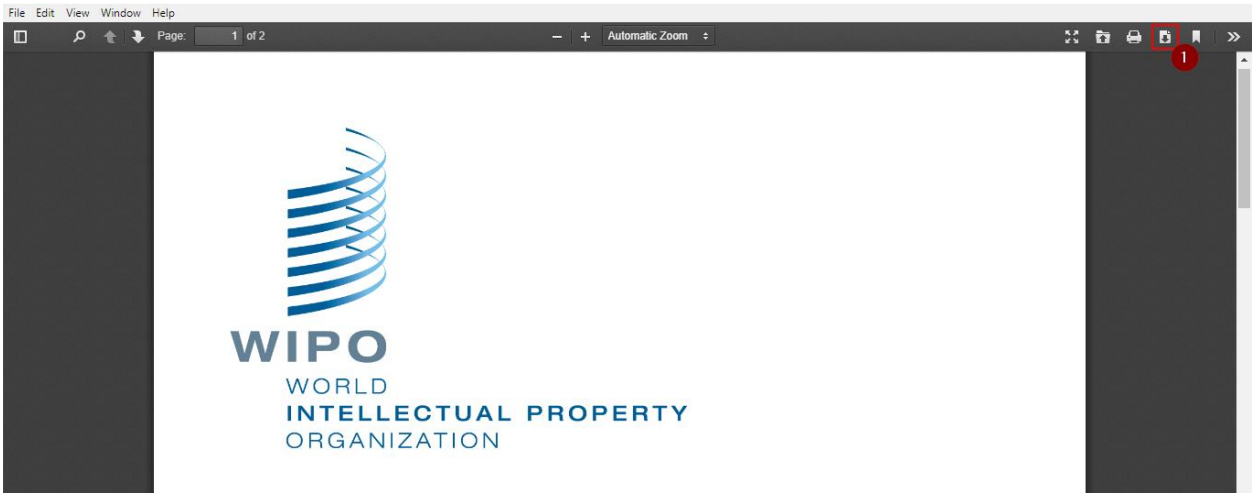


Abbildung 9 PDF-Viewer

3.3 TASTATURNAVIGATION

WIPO Sequence unterstützt die grundlegende Tastaturnavigation. Mit der "TAB"-Taste navigieren Sie zwischen den Einträgen und mit der "SPACE"-Taste wählen Sie Kontrollkästchen und Optionsfelder aus.

Im Eingabefokus der Navigation steht die Schaltfläche "Edit" (Bearbeiten):

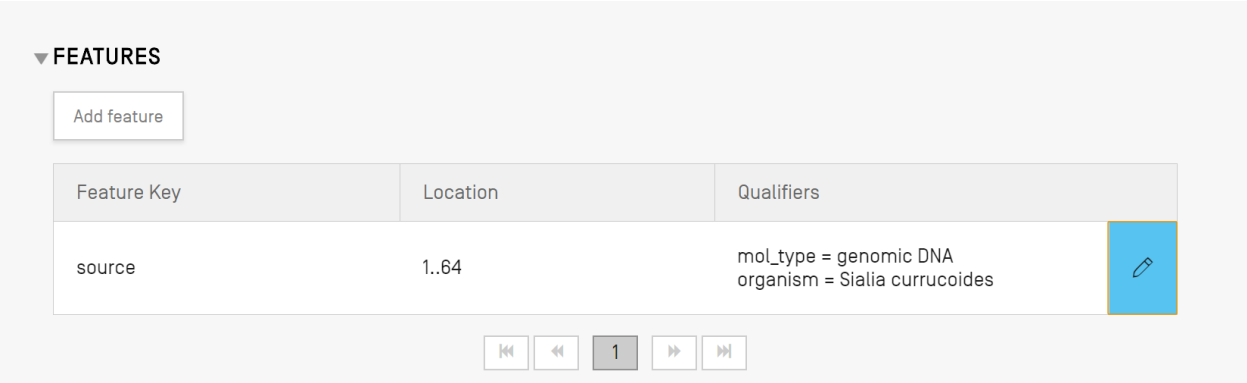


Abbildung 10 Eingabefokus auf Schaltfläche "Edit Feature"

Setzen Sie außerdem den Cursor und den Eingabefokus auf das Eingabefeld oben links.

Erstellen Sie beispielsweise ein neues Projekt, so es gibt nur ein Pflichtfeld. Cursor und Fokus sind bereits auf das Feld des Projektnamens ("Name") gesetzt (siehe Abbildung 11 unten):

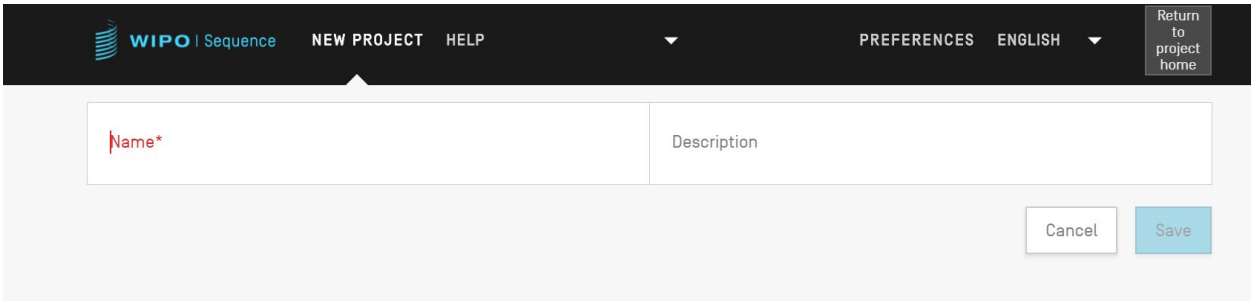


Abbildung 11 Cursor-Fokus auf das Pflichtfeld

4 HAUPTSEITE

Die Hauptseite des Tools besteht aus 3 Hauptansichten:

Die Ansicht ***Projekte*** (Abbildung 12), die Ansicht ***Personen & Organisationen*** (Abbildung 13) und die Ansicht ***Organismen*** (Abbildung 14).

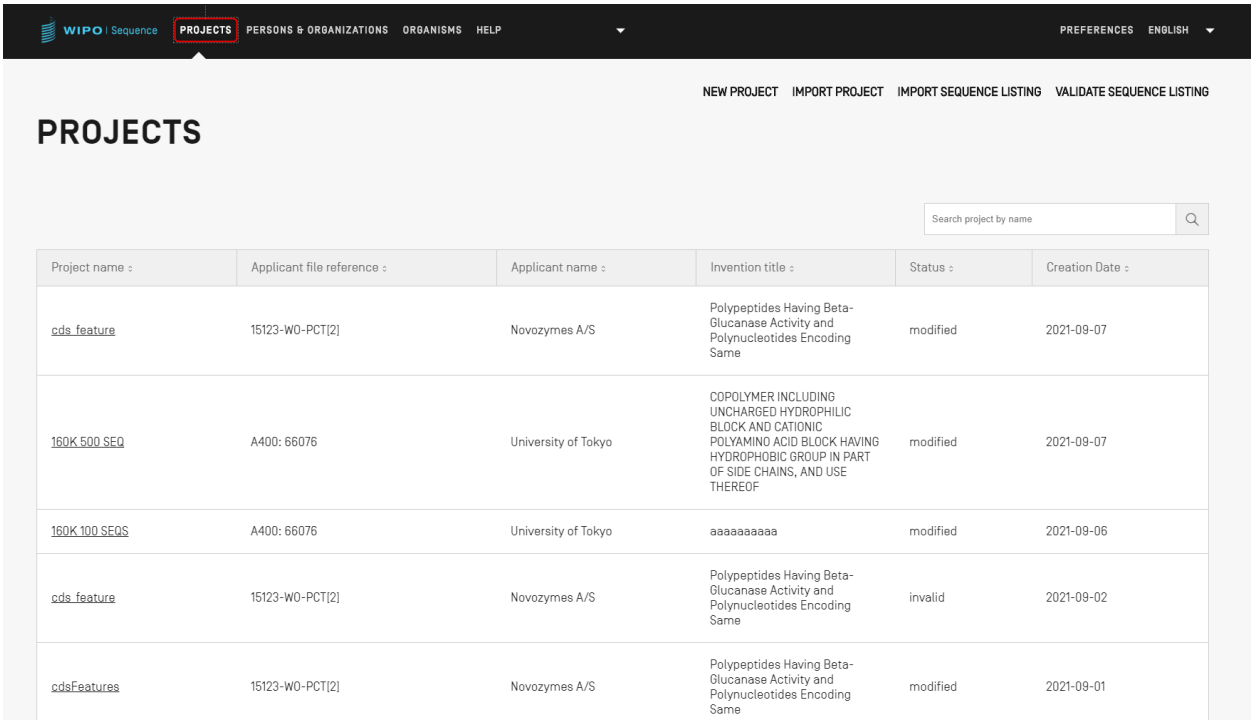


Abbildung 12 Ansicht Projekte

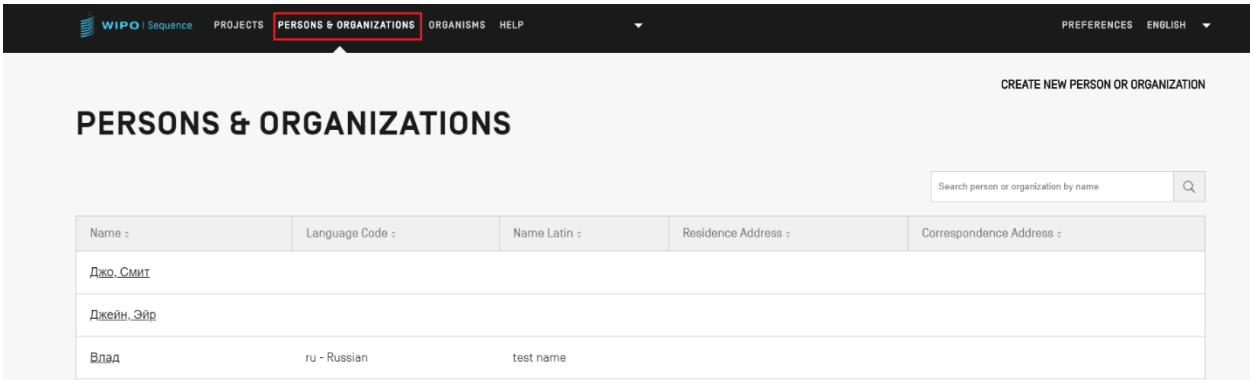


Abbildung 13 Seite Personen & Organisationen

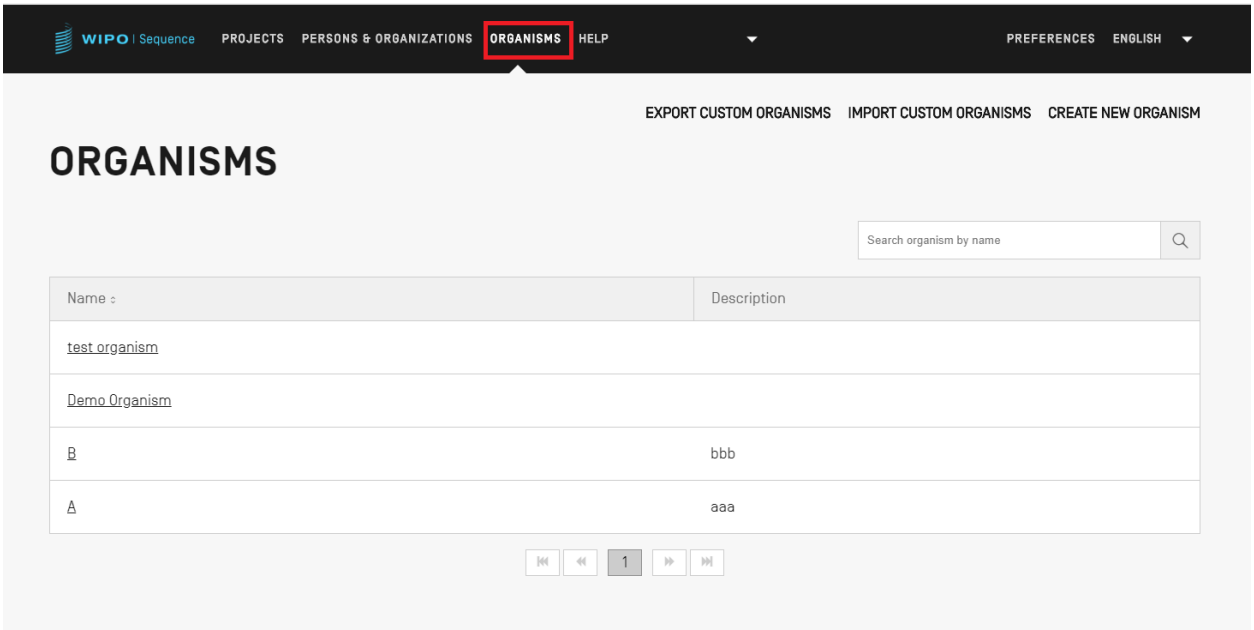


Abbildung 14 Ansicht Organismen

4.1 PROJEKTE-STARTANSICHT

In diesem Abschnitt werden die verschiedenen Optionen der Ansicht Projekte-Startansicht beschrieben.

Ein Projekt ist die von dem Tool verwendete Objektstruktur, um die zur Erstellung eines Sequenzprotokolls erforderlichen Daten zu speichern. Nachdem diese Daten als konform mit dem WIPO-Standard ST.26 validiert wurden, verwendet das Tool die im Projekt gespeicherten Daten als Werte innerhalb des generierten Sequenzprotokolls.

In dieser Ansicht wird die Liste der erstellten Projekte angezeigt, sodass der Benutzer die Möglichkeit hat, die Suchfunktion zu sortieren oder zu verwenden, um nach Projektname, Aktenzeichen des Anmelders, Anmeldername, Bezeichnung der Erfindung, Status oder Erstellungsdatum zu filtern.

Hinweis:

Das Tool zeigt maximal 1000 Projekte an. Wird ein Projekt nicht in der Ansicht Projekte-Startansicht angezeigt, sollte der Benutzer die Suchfunktion verwenden, um das Projekt anhand seines Namens zu identifizieren, da es weiterhin lokal gespeichert und in dieser Ansicht nur nicht sichtbar ist.

4.1.1 Projekt erstellen

Zum Erstellen eines neuen Projekts muss der Benutzer zur Hauptseite der Ansicht Projekte-Startansicht gehen (siehe Abbildung 15).

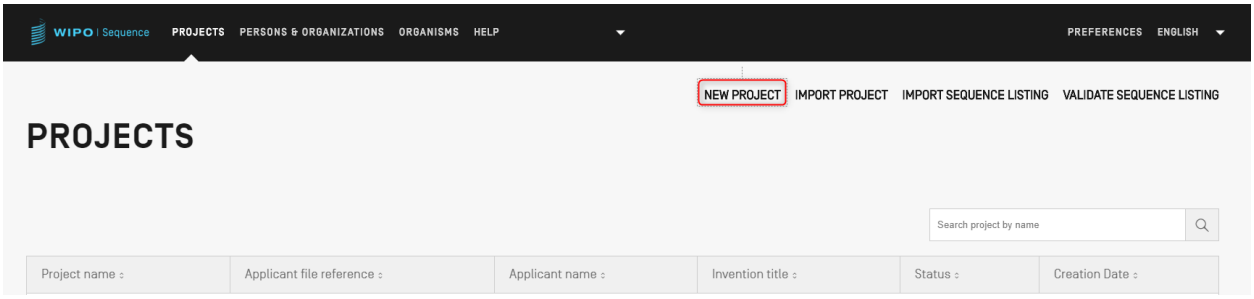


Abbildung 15 Neues Projekt (a)

1) Klicken Sie auf den oben in der Ansicht befindlichen Link "NEW PROJECT" (Neues Projekt) Abbildung 15. In der folgenden Ansicht verlangt das Tool einen Namen (obligatorisch) und eine Beschreibung (optional).

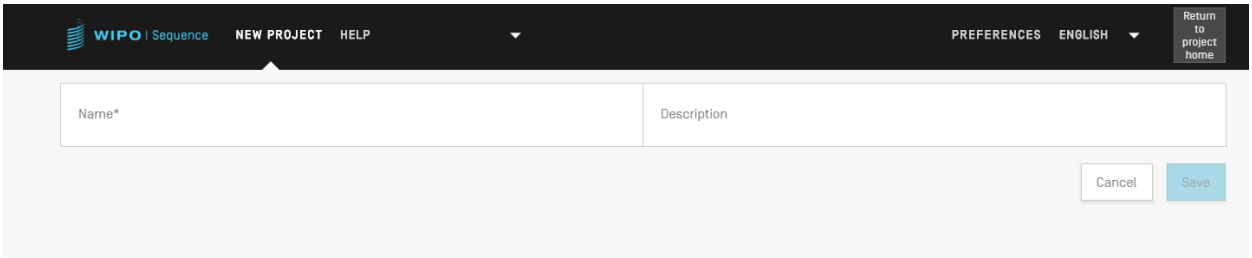


Abbildung 16: Neues Projekt (b)

2) Bei Eingabe eines Werts in das Namensfeld wird die Schaltfläche "Save" zum Speichern des neuen Projekts aktiviert. Die Projektliste, welche dieses neue Projekt in der Projekte-Startansicht enthält, ist in Abbildung 17 dargestellt.

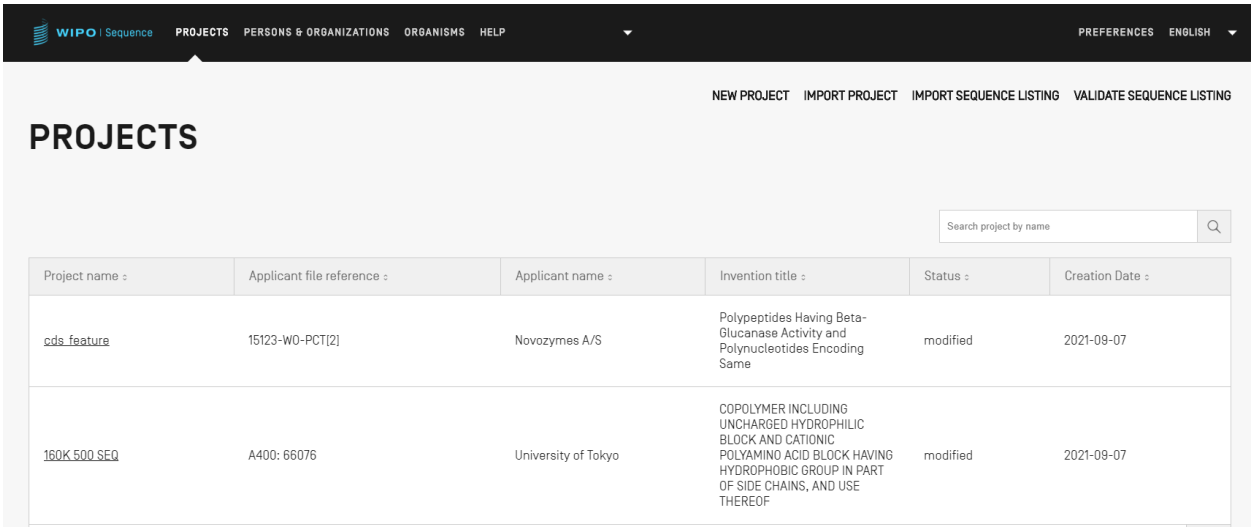


Abbildung 17 Neues Projekt (c)

4.1.2 Projekt importieren

Diese Funktion ermöglicht den Import in das Tool eines zuvor exportierten Projekts (siehe Abschnitt 5.1.1.4 Projekt exportieren). Um eine Projektdatei zu importieren, muss der Benutzer in der Projekte-Startansicht beginnen.

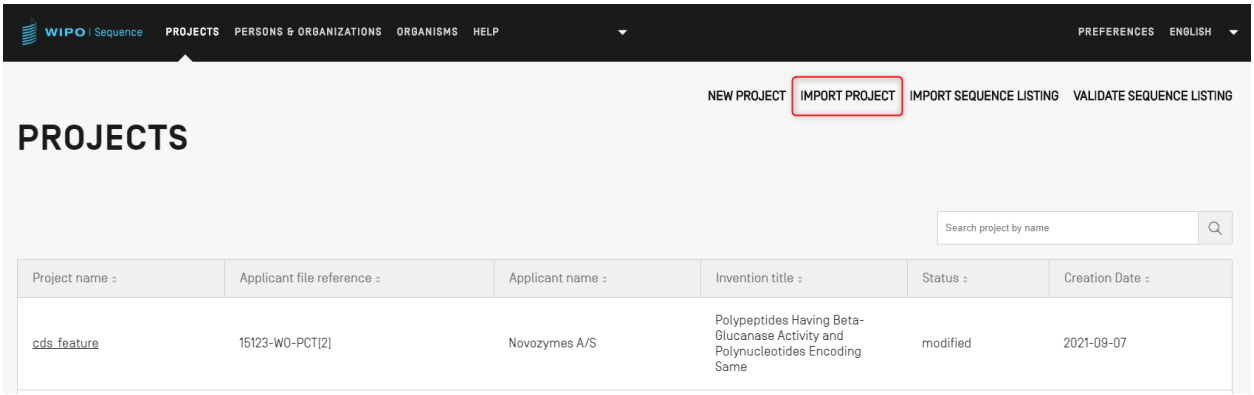


Abbildung 18: Projekt importieren

1) Klicken Sie auf den oben in der Ansicht befindlichen Link "IMPORT PROJECT" (Projekt importieren) (siehe Abbildung 19).

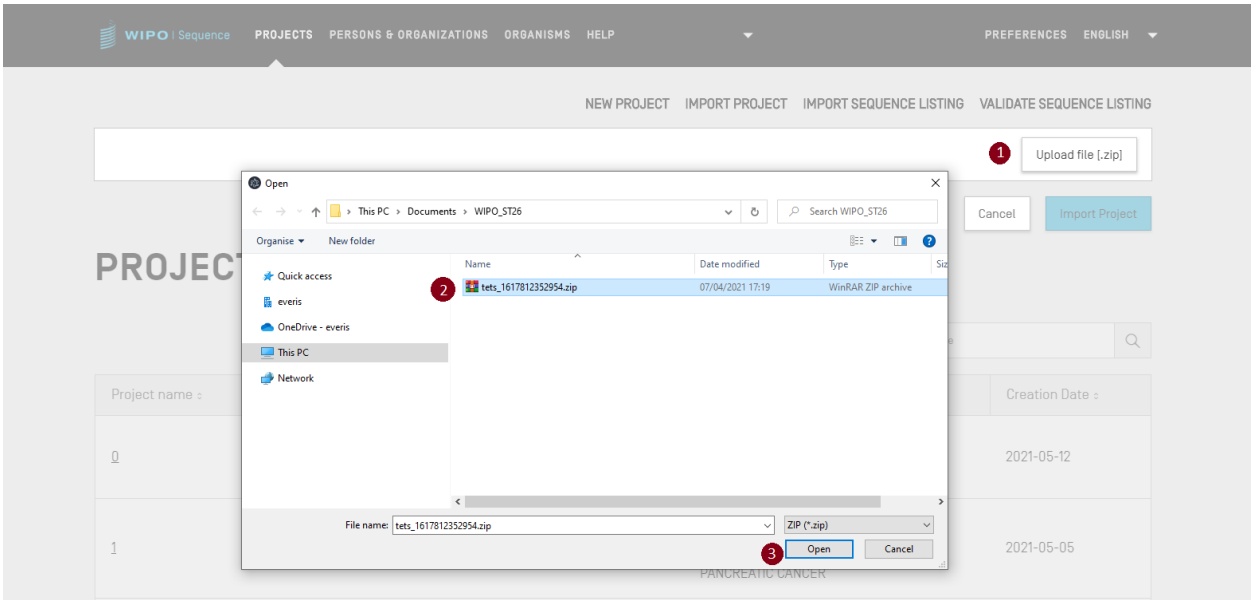


Abbildung 19 Projekt importieren (Dialogfeld)

2) Klicken Sie auf dem in Abbildung 19 gezeigten Overlay-Bildschirm auf “Upload file [.zip]” (1).

3) Nach Auswahl der zu importierenden Projektdatei (2 & 3) öffnet sich das in Abbildung 20 dargestellte Dialogfeld.

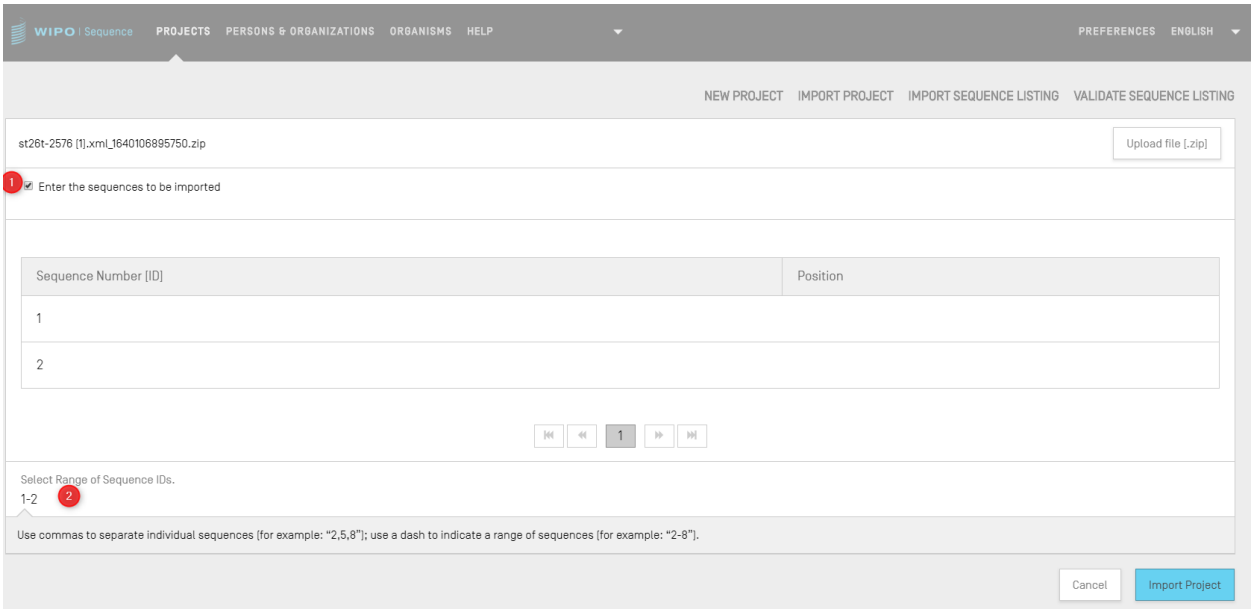


Abbildung 20 Sequenz bei Projektimport auswählen

4) Ist "Select Range Sequences" (Sequenzbereich auswählen) deaktiviert, werden alle Sequenzen importiert. Will man wählen, welche Sequenzen in das Projekt importiert werden sollen, muss das Kontrollkästchen "Select Range Sequences" aktiviert (1) und die ID-Nummern der gewünschten Sequenzen müssen in das entsprechende Feld eingegeben werden (2) (siehe Abbildung 21). Es kann sowohl eine einzelne Sequenz, aber auch eine Liste von durch Kommas getrennten Sequenzen oder ein Sequenzbereich in der Schreibweise `x-y` eingegeben werden.

   Beispiel: “1, 3, 7, 13-20, 30-50”

   Standardmäßig wird die Gesamtzahl der Sequenzen des importierten Projekts als Bereich angezeigt, d.h.: 1- Gesamtzahl von Sequenzen

5) Der letzte Schritt ist ein Klick auf die blaue Schaltfläche "Import Project" (Projekt importieren) (3) (siehe Abbildung 21).

Wurde das Projekt erfolgreich importiert, wird das folgende blaue Banner mit einer Meldung oben in der Ansicht angezeigt.

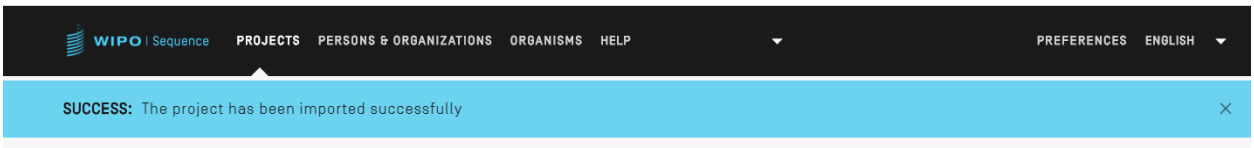


Abbildung 21 Banner bei Projektimport

Bekanntes Problem: WIPO Sequence kann beim Importieren des Projekts viele unerwartete Fehler verursachen. Die Ursache der Fehler ist nicht klar. Ein Fehler ist meistens auf das Hängen des Tools zurückzuführen. Wenn Sie Probleme haben, versuchen Sie den Importvorgang erneut.

4.1.3 Sequenzprotokoll importieren

In der Projekte-Startansicht kann der Benutzer ausschließlich Sequenzinformationen aus einem ST.26- ***oder*** ST.25-konformen Sequenzprotokoll importieren. Die Dateiformate hierfür sind jeweils *.xml für das ST.26-Format und *.txt für ST.25-Dateien.

1) Klicken Sie zunächst auf die oben in der Ansicht befindliche Schaltfläche "IMPORT SEQUENCE LISTING" (Sequenzprotokoll importieren) (siehe Abbildung 22).

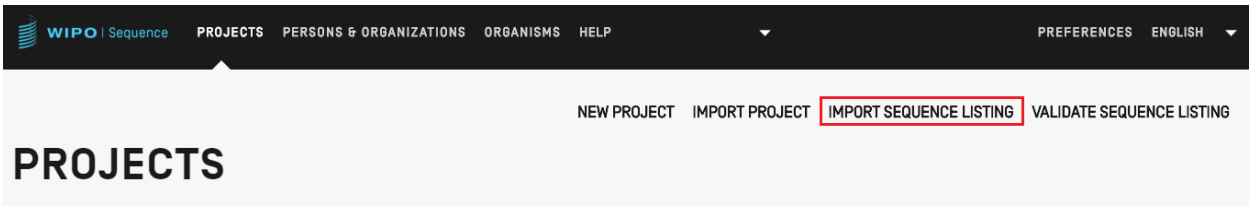


Abbildung 22 Sequenzprotokoll importieren

2) Klicken Sie im sich öffnenden Overlay auf die Schaltfläche "Upload file ST.25 [.txt] or ST.26 [.xml]" (1), und wählen Sie im sich öffnenden Dialogfenster die gewünschte Sequenzprotokolldatei aus (2). Geben Sie anschließend unter dem im Feld "Project Name" angegebenen Namen einen Namen für das neu zu erstellende Projekt ein (3).

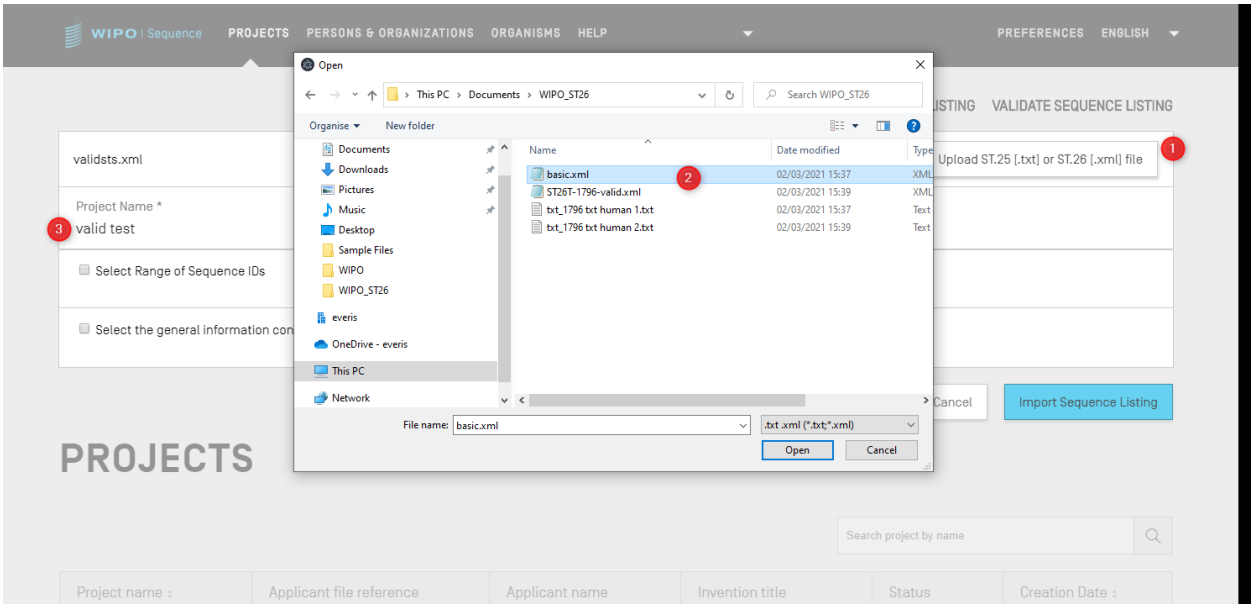
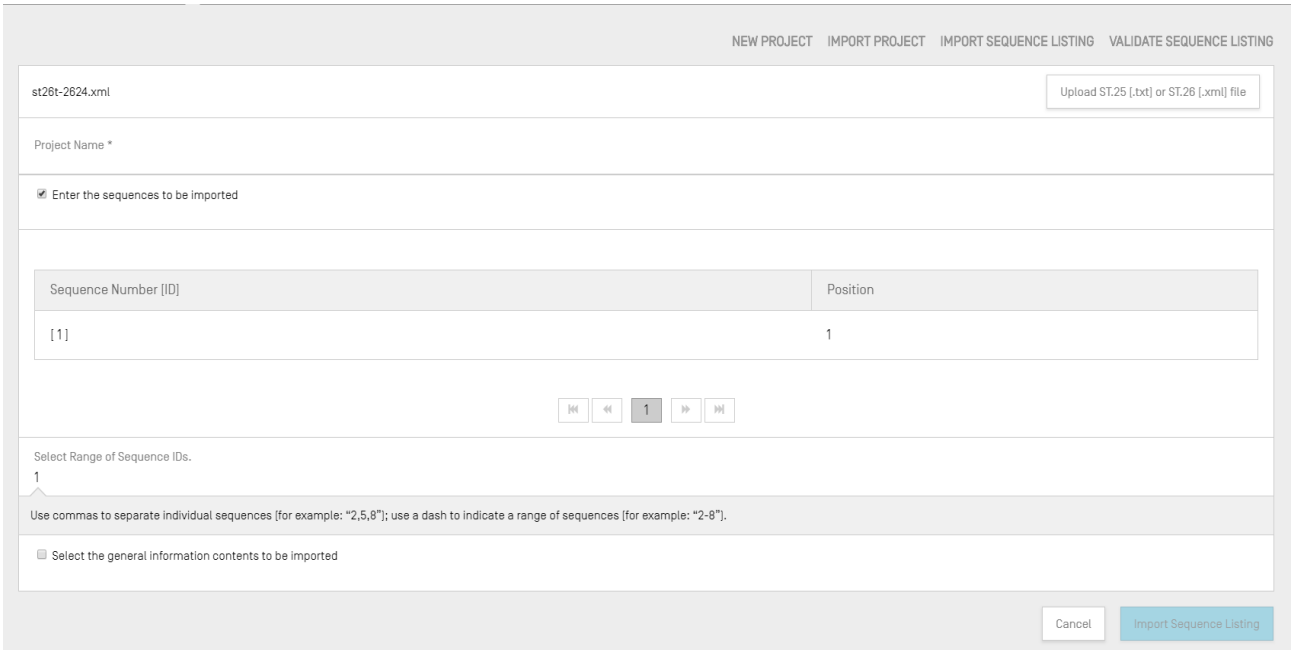


Abbildung 23: Sequenzprotokoll importieren (Dialogfeld)

Über zwei primäre Kontrollkästchen, (siehe Abbildung 24) kann der Benutzer festlegen, welche Abschnitte in das neue Projekt importiert werden sollen: "Select Range Sequences" (Sequenzbereich auswählen) und "Select the general information contents



to be imported" (Auswählen der zu importierenden Inhalte allgemeiner Informationen).

Abbildung 24 Sequenzprotokoll importieren - Sequenzbereich auswählen

Durch die Aktivierung des ersten Kontrollkästchen kann der Benutzer eingeben, welche bestimmten Sequenzen er aus dem Sequenzprotokoll importieren möchte. Es kann sowohl eine einzelne Sequenz, als auch eine Liste von durch Kommas getrennten Sequenzen oder ein Sequenzbereich in der Schreibweise `x-y` eingegeben werden.

Beispiel: “1, 3, 7, 13-20, 30-50”

Standardmäßig wird die Gesamtzahl der Sequenzen des importierten Sequenzprotokolls als Bereich angezeigt.

Die in Abbildung 24 gezeigte Tabelle hat zwei Spalten: eine gibt die Sequenz-ID-Nummer zur Identifizierung der entsprechenden Sequenz an und die andere die "Position", an der die Sequenz im Sequenzprotokoll erscheinen wird.

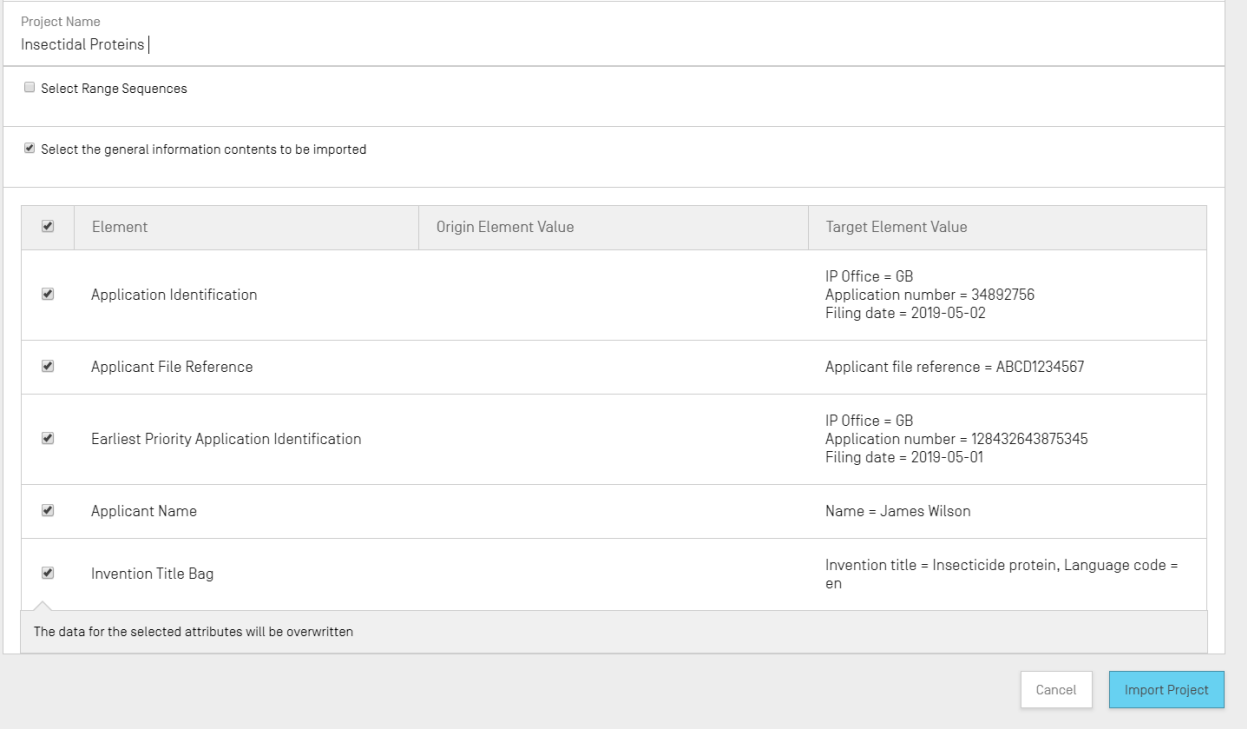


Abbildung 25 Sequenzprotokoll importieren - Allgemeine Informationen auswählen

Durch die Aktivierung des zweiten Kontrollkästchens wird eine Liste zusätzlicher Kontrollkästchen aktiviert, mit denen der Benutzer individuell auswählen kann, welche Eigenschaften importiert oder ignoriert werden sollen (siehe Abbildung 25).

3) Klicken Sie abschließend auf die blaue Schaltfläche "Import Project", um das neue Projekt zu erstellen.

Wurde das Sequenzprotokoll korrekt importiert, wird die in Abbildung 26 gezeigte Tabelle der geänderten Daten angezeigt, die den Benutzer über die automatischen Änderungen informiert,

die während des Imports an den ST.25-, Multi-sequence- und RAW-Daten des Sequenzprotokolls vorgenommen wurden, um sie an die Anforderungen von ST.26 anzupassen.

Hinweis: Beim Importieren eines Sequenzprotokolls wird bei den Merkmalen und Qualifier zwischen Groß- und Kleinschreibung unterschieden und sie sollten den in Anhang I von WIPO ST.26 angegebenen Werten entsprechen.

Beachten Sie außerdem, dass importierte ST.25-konforme Sequenzprotokolle gültig sein müssen, da sonst die Funktionalität von WIPO Sequence nicht garantiert werden kann.

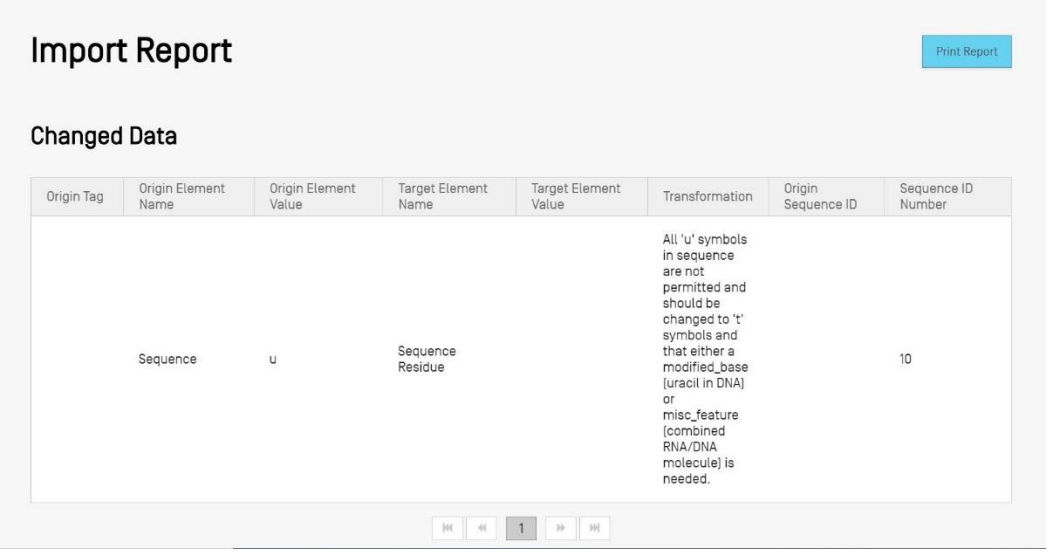


Abbildung 26 Sequenzprotokoll importieren – Geänderte Daten

Im Falle des Dateiformats ST.25 enthält die Ansicht Importbericht zunächst eine Tabelle der Importberichte sowie die Tabelle der geänderten Daten. Das Beispiel eines Berichts geänderter Daten ist in Abbildung 26 und das Beispiel eines Importberichts ist in Abbildung 27 gezeigt.

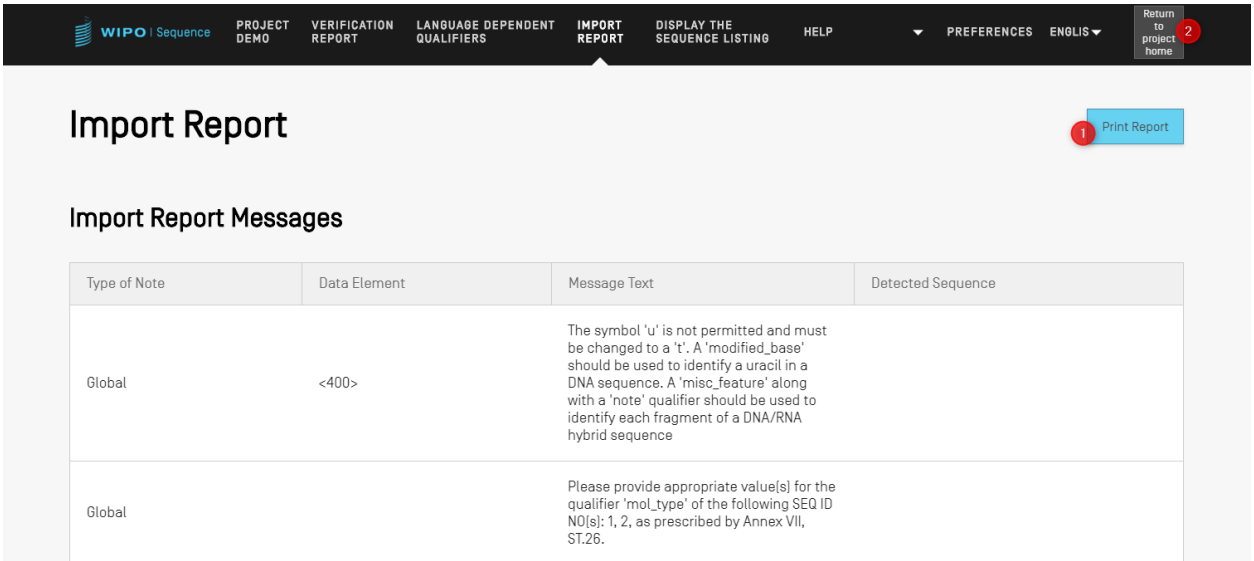


Abbildung 27 Sequenzprotokoll importieren, Importbericht

An dieser Stelle kann der Benutzer zur Projekte-Startansicht zurückkehren (2) oder einen Bericht über diese Änderungen im PDF-Format drucken (1) (siehe Abbildung 27).

Eine Anleitung zum Herunterladen der PDF-Datei finden Sie in Abschnitt **3.2.**

Umgekehrt kann der Importvorgang fehlschlagen, wenn die Sequenzprotokolldatei Fehler enthält. In diesem Fall wird der Benutzer nach dem Importversuch mit einem roten Banner darauf hingewiesen, dass beim Import ein Fehler aufgetreten ist (siehe Abbildung 28).

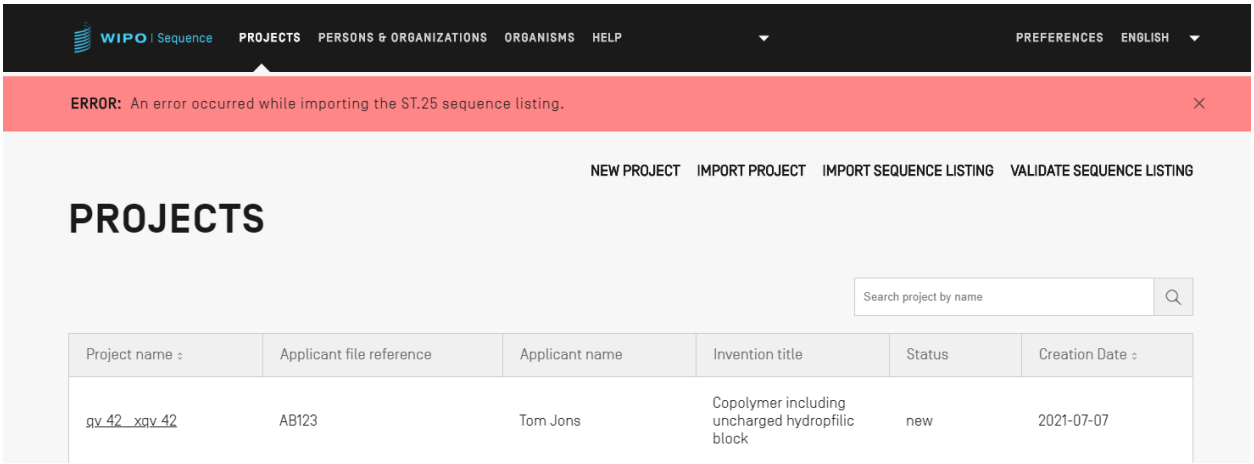


Abbildung 28 ST.26-Sequenzprotokoll importieren - Importbericht

Darüber hinaus arbeitet das Tool am besten am Schwellenwert von 100k Sequenzen. Bei der Bearbeitung umfangreicher Sequenzprotokolle kann der Benutzer die folgende Problemumgehung durchführen: Teilen Sie den Importvorgang in eine Reihe von Schritten auf,

indem Sie einen bestimmten Bereich der zu importierenden Sequenzen auswählen und diese Sequenzen dann innerhalb eines Projekts nach Bereich importieren. (Zum Beispiel kann ein Sequenzprotokoll von ~100k Sequenzen in eine Reihe von 10 x 10k Sequenzen aufgeteilt werden, und diese können einzeln importiert werden. Die ersten 10k würden bei der Erstellung des Projekts verwendet).

4.1.4 Sequenzprotokoll validieren

Der Benutzer kann eine ST.26-Sequenzprotokolldatei validieren, indem er auf die Schaltfläche "VALIDATE SEQUENCE LISTING" (Sequenzprotokoll validieren) oben rechts in der Ansicht Projekte klickt (siehe Abbildung 29).

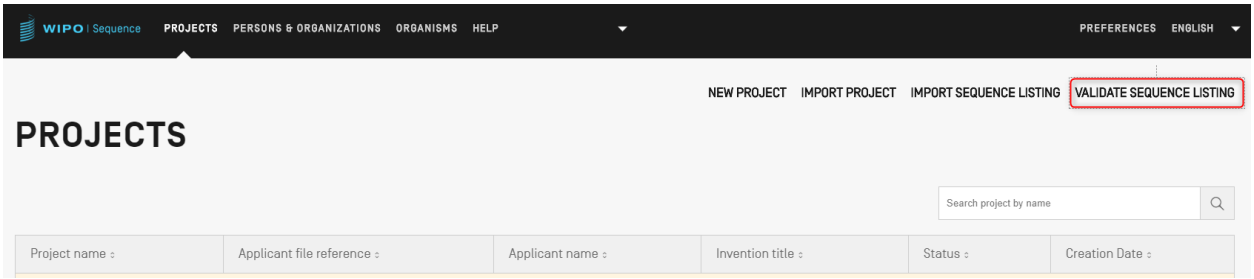


Abbildung 29 Sequenzprotokoll validieren

Als nächstes muss auf die Schaltfläche “Upload file ST.26 [.xml]” (1) geklickt und anschließend die Datei im Dialogfeld (2) ausgewählt werden.

Der Vorgang wird durch Klicken auf die Schaltfläche "Validate Sequence Listing" (Sequenzprotokoll validieren) (3) abgeschlossen (siehe Abbildung 28).

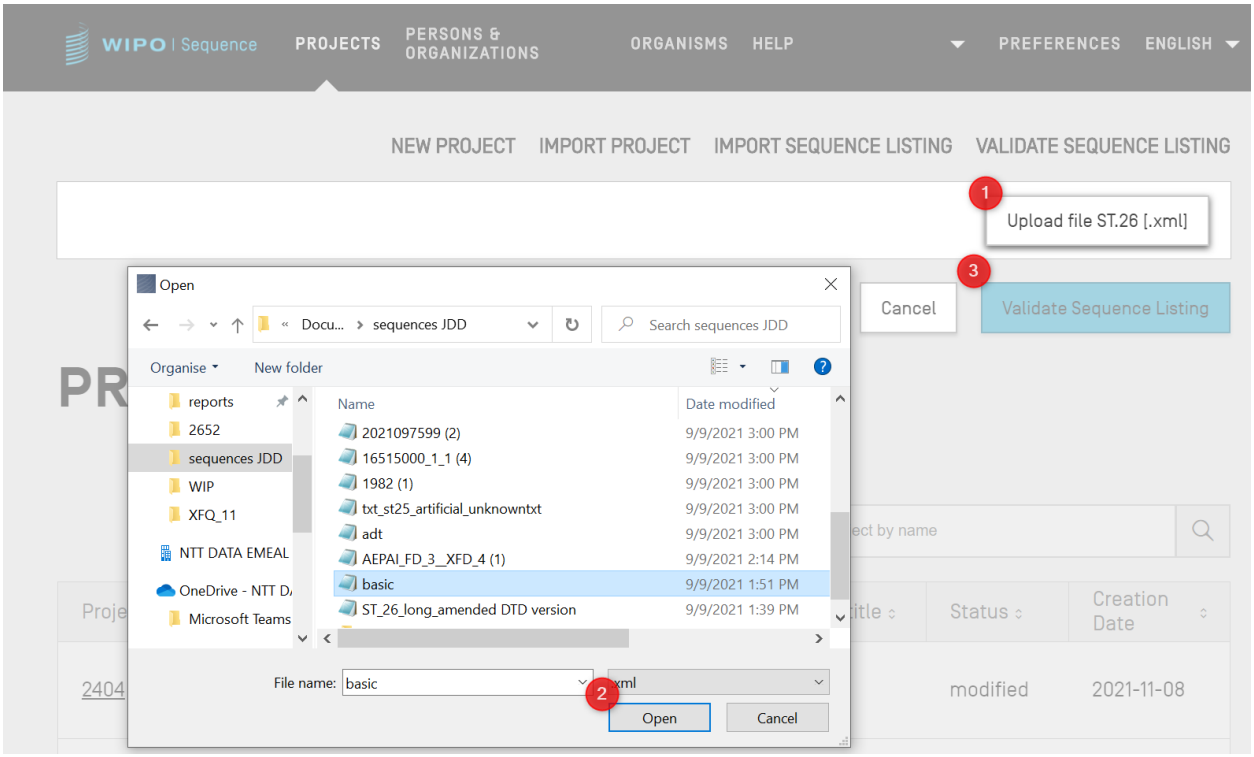
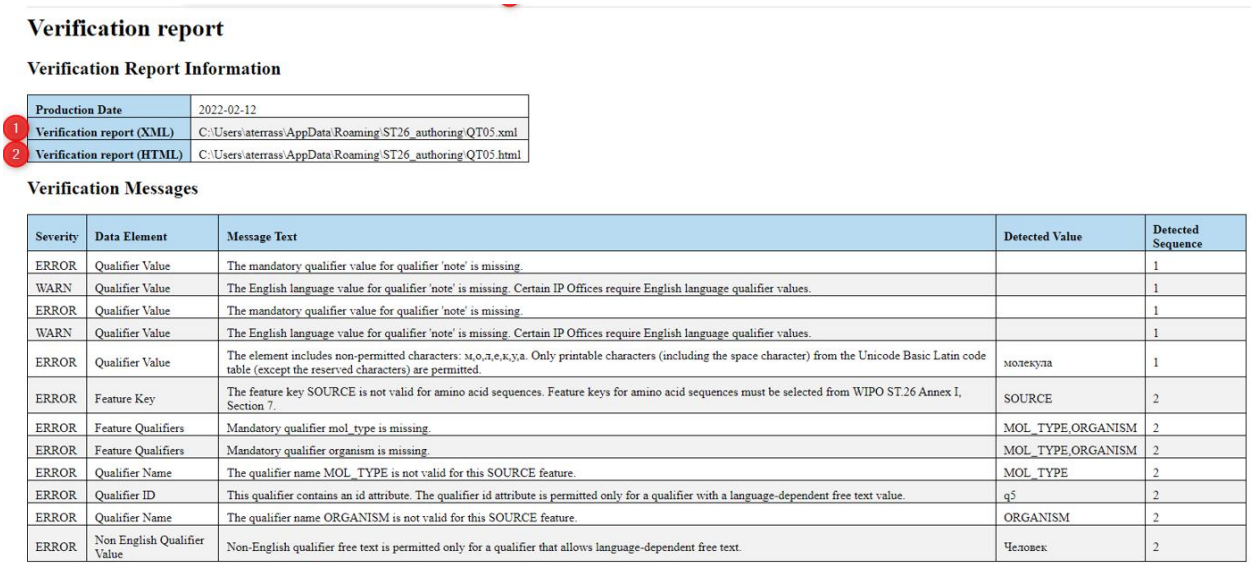


Abbildung 30: Sequenzprotokoll validieren (Dialogfeld)

Wird das Sequenzprotokoll validiert, wird ein Banner, wie in Abbildung 31 dargestellt, angezeigt:

Abbildung 31 Sequenzprotokoll validieren - Erfolgsbanner

Wenn die Validierung des Sequenzprotokolls fehlschlägt, wird im Browser des Benutzers ein Prüfbericht geöffnet, in dem die Validierungsfehler in einer Tabelle aufgelistet sind (siehe Abbildung 32).



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

Abbildung 32 Sequenzprotokoll validieren - Prüffehlertabelle

Der Speicherort der HTML-Datei wird zusammen mit dem XML-Prüfbericht angezeigt (1)& (2), für den Fall, dass der Benutzer die Datei an einen anderen Ort kopieren möchte.

Der Benutzer muss zulassen, dass ein internes Skript auf seinem Computer ausgeführt wird, damit das Format korrekt angezeigt wird: das ActiveX Control im IE-Browser. Dies muss geschehen, damit "allow blocked content" für das Format richtig geladen wird. Andernfalls werden die Sequenzen nicht im Standardformat angezeigt und sind weniger lesbar.

*Bitte **beachten Sie**, dass für die Validierung eines Sequenzprotokolls die ST.26-Datei folgende Voraussetzungen erfüllen sollte:*

- *Sie muss in UTF-8 kodiert sein und gültige Zeichen gemäß der XML 1.0-Spezifikation enthalten*
- *Sie muss eine wie folgt lautende DOCTYPE-Zeile enthalten:*

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

- *Das Attribut dtdVersion sollte mit der DTD-Version konform sein:*
- *Die Datei muss der DTD-Datei "ST26SequenceListing_V1_3.dtd" entsprechen[2].*

4.1.5 Projekt löschen

Zum Löschen eines Projekts muss der Benutzer in der Ansicht Projekte beginnen (siehe Abbildung 33).

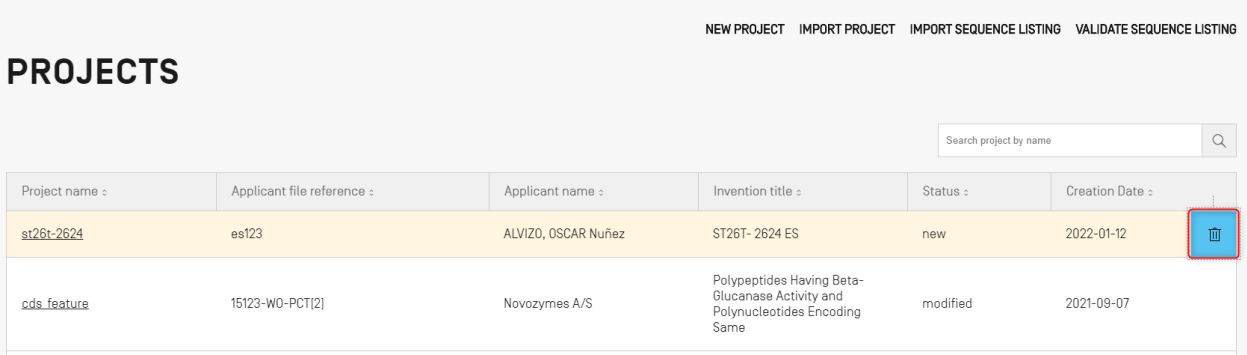


Abbildung 33 Projekt löschen

Durch Klicken auf die Schaltfläche mit dem Papierkorbsymbol in der Zeile der Tabelle der Ansicht Projekte wird das vom Benutzer gewünschte Projekt gelöscht.

[2] Dies ist die aktuelle Version von DTD zum Zeitpunkt der Veröffentlichung dieses Dokuments

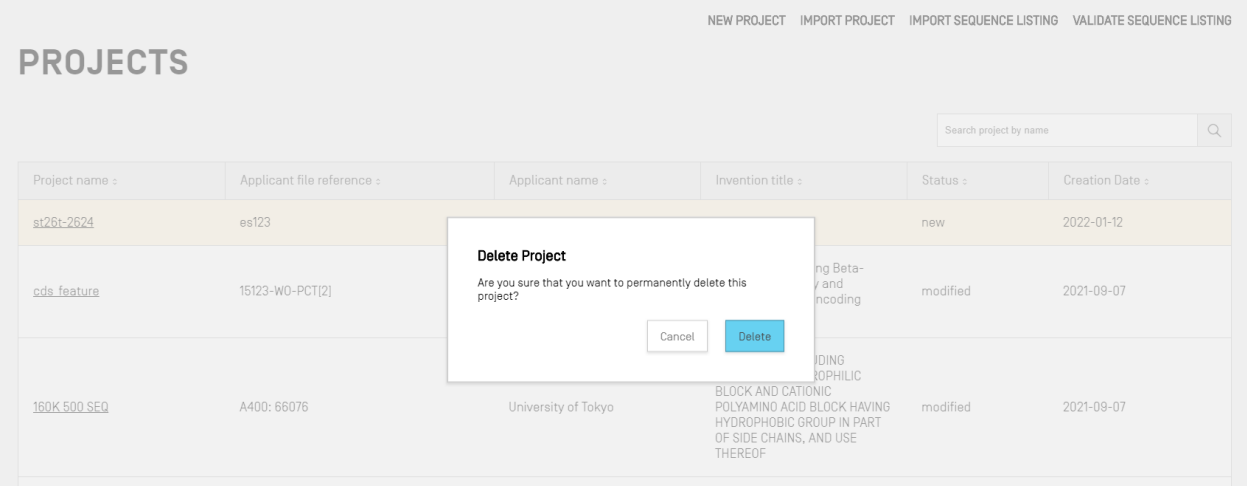


Abbildung 34: Projekt löschen (Bestätigung)

Klicken Sie in der sich öffnenden Pop-up-Box auf "Delete" (Löschen), um zu bestätigen, dass Sie das ausgewählte Projekt löschen möchten.

4.2 PERSONEN & ORGANISATIONEN

4.2.1 Erstellen

Um eine neue Person oder Organisation zu erstellen, muss der Benutzer in der Ansicht Personen & Organisationen beginnen.

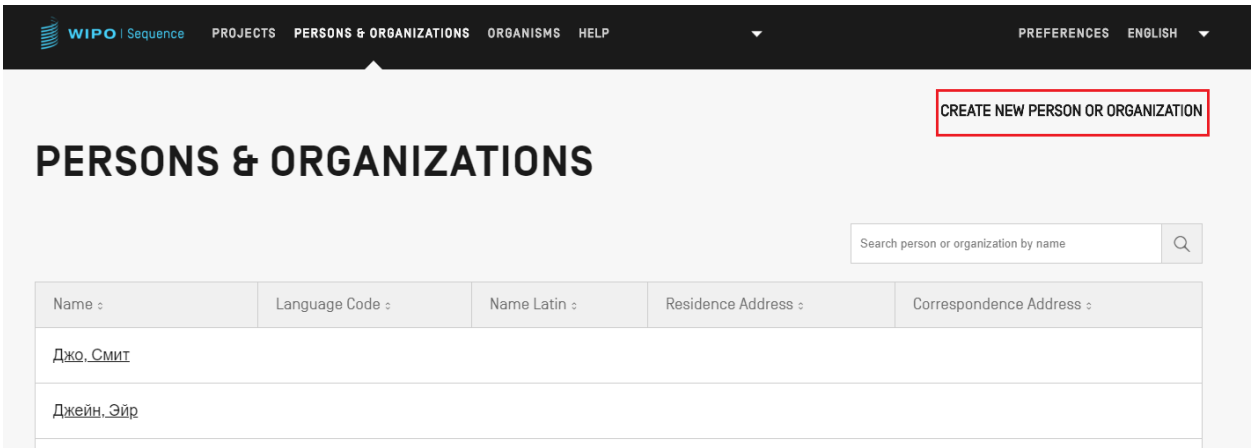


Abbildung 35: Neue Person/Organisation erstellen

Zunächst muss der Benutzer auf den oben in der Ansicht befindlichen Link "CREATE NEW PERSON OR ORGANIZATION" (Neue Person oder Organisation erstellen) klicken (siehe Abbildung 36).

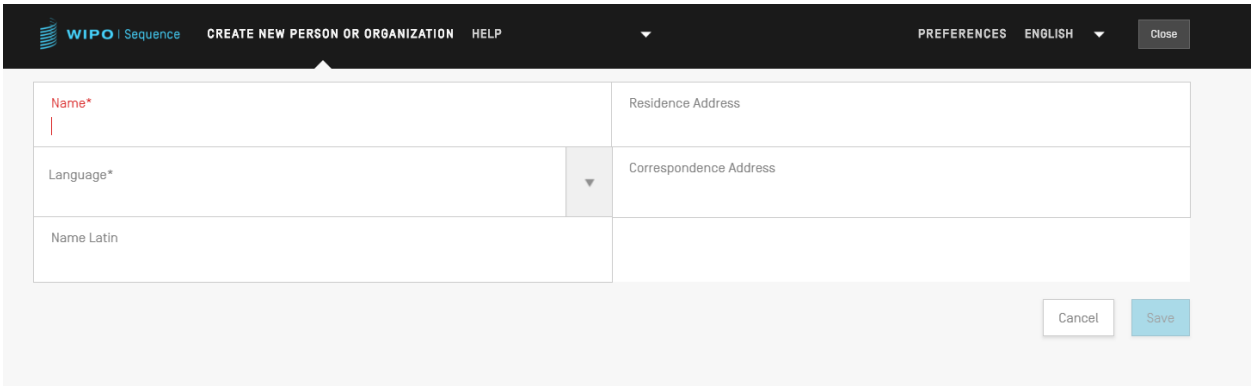


Abbildung 36 Neue Person/Organisation erstellen, Bearbeitungsbedienfeld

In der neuen Ansicht muss der Benutzer zumindest die Pflichtfelder (mit einem "*" gekennzeichnet) ausfüllen, die den Angaben zur neuen Person/Organisation entsprechen. Für den Anmelder/Erfinder ist dies nur der Name (sofern in lateinischen Buchstaben angegeben) und die Sprache.

Liegt der Name der Person/Organisation nicht in lateinischen Schriftzeichen vor, sollte die lateinische Version des Namens im Feld "Name Latin" angegeben werden. Werden diese Informationen nicht angegeben, so wird das Projekt nicht validieren, wenn das ST.26-Sequenzprotokoll validiert oder generiert ist.

4.3 BENUTZERDEFINIERTE ORGANISMEN

Um benutzerdefinierte Organismen zu erstellen, bearbeiten, importieren, exportieren oder löschen, muss der Benutzer in der Ansicht Organismen beginnen.

4.3.1 Benutzerdefinierten Organismus erstellen

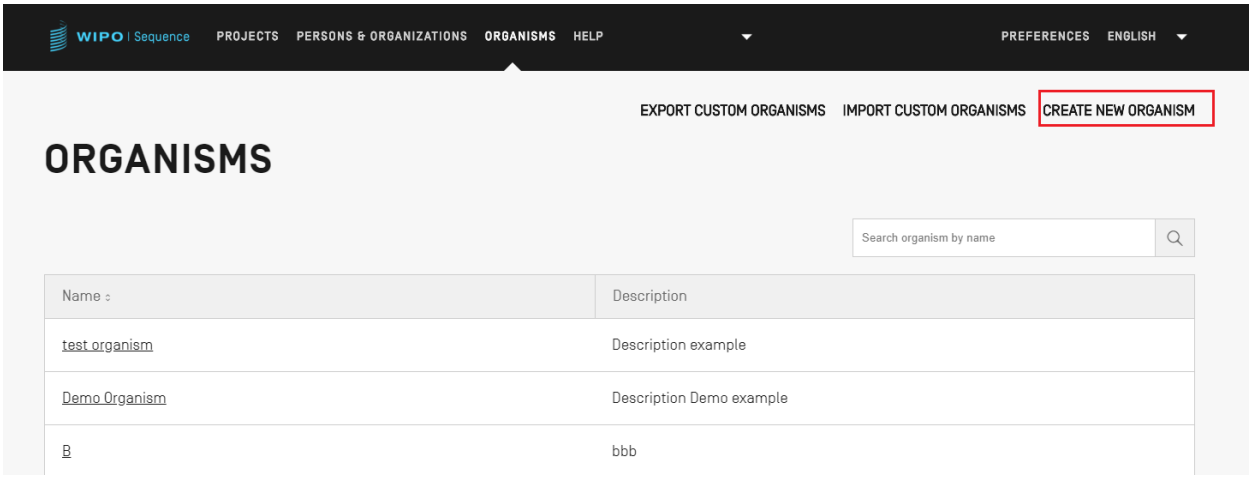


Abbildung 37 Neuen Organismus erstellen

Zum Erstellen eines neuen benutzerdefinierten Organismus klicken Sie auf den in der Ansicht oben rechts befindlichen Link "CREATE NEW ORGANISM" (Neuen Organismus erstellen) (siehe Abbildung 37). Geben Sie im folgenden Bildschirm (Abbildung 38) den Namen des neuen Organismus ein und klicken Sie auf "Save". Wenn eine Beschreibung dieses benutzerdefinierten Organismus erforderlich ist, kann diese optional wie abgebildet hinzugefügt werden.

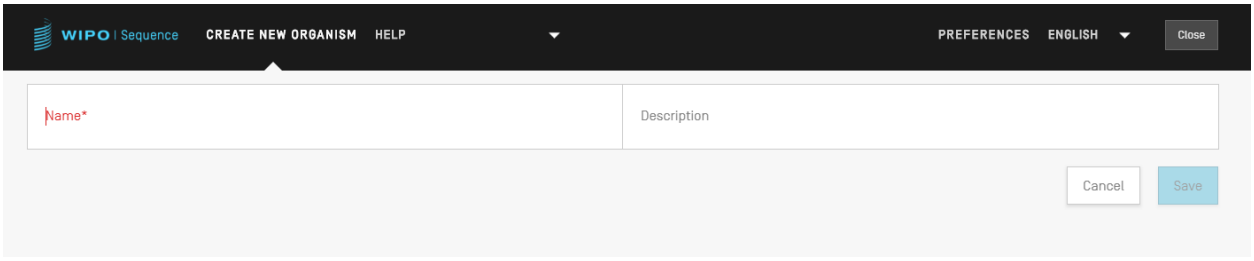


Abbildung 38 Neuen Organismus erstellen (Formular)

4.3.2 Benutzerdefinierte Organismen exportieren

Alle benutzerdefinierten Organismen und deren Beschreibung, die im Tool gespeichert sind, können exportiert und in einer Textdatei gespeichert werden, um sie außerhalb des Tools zu ändern oder zu einem späteren Zeitpunkt zu importieren. Um diese Liste zu exportieren, wählen Sie zunächst "EXPORT CUSTOM ORGANISMS" (Benutzerdefinierte Organismen exportieren) (siehe Abbildung 39):

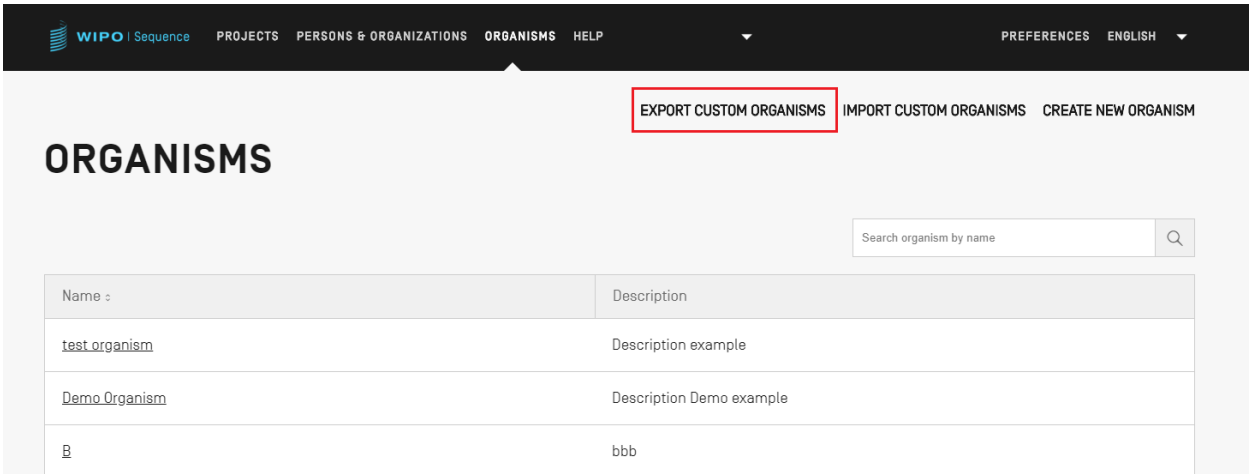


Abbildung 39 Benutzerdefinierte Organismen exportieren

Als Nächstes öffnet ein Dialogfeld, in dem der Benutzer den Namen der Datei und den gewünschten Speicherort auswählen kann (siehe Abbildung 40).

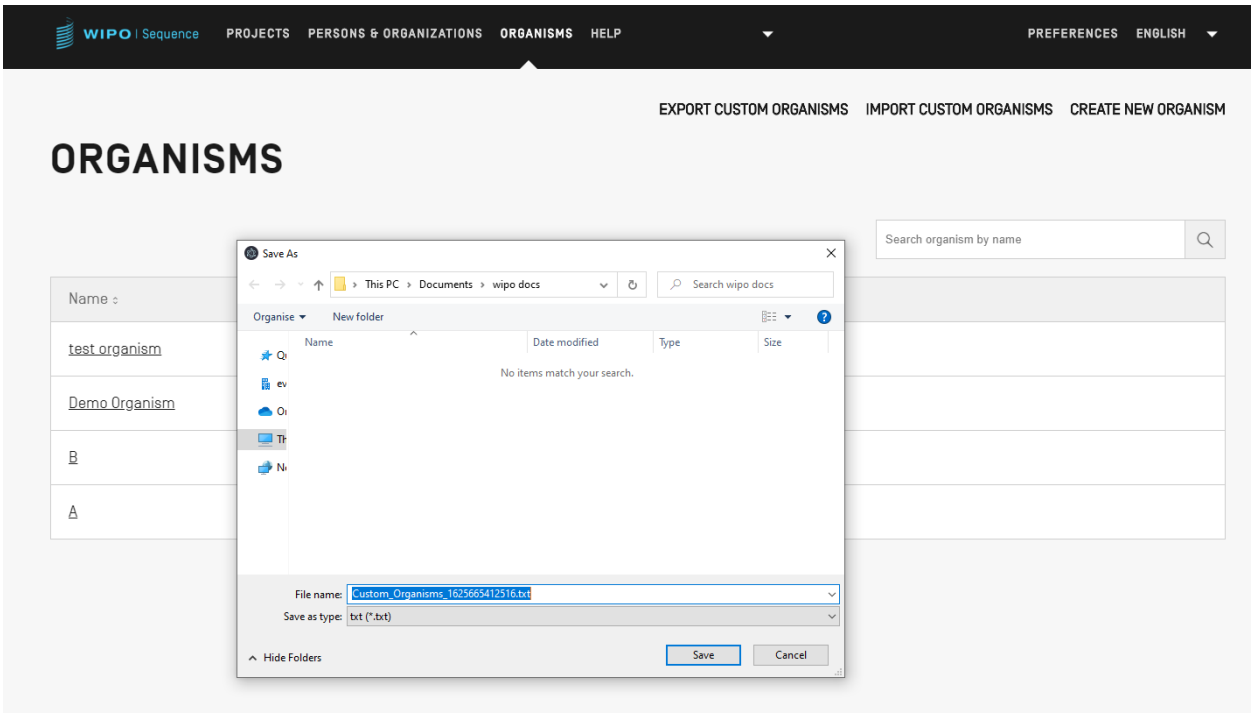


Abbildung 40 Benutzerdefinierte Organismen exportieren (Dialogfeld)

Die exportierte Datei ist eine .txt-Datei, die sowohl den Namen als auch die Beschreibung des Organismus enthält, der bearbeitet und in das Tool importiert werden könnte (siehe Abbildung 41).

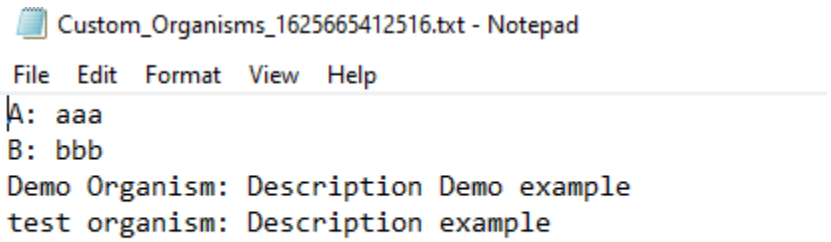


Abbildung 41: Beispiel einer Datei eines benutzerdefinierten Organismus

4.3.3 Benutzerdefinierte Organismen importieren

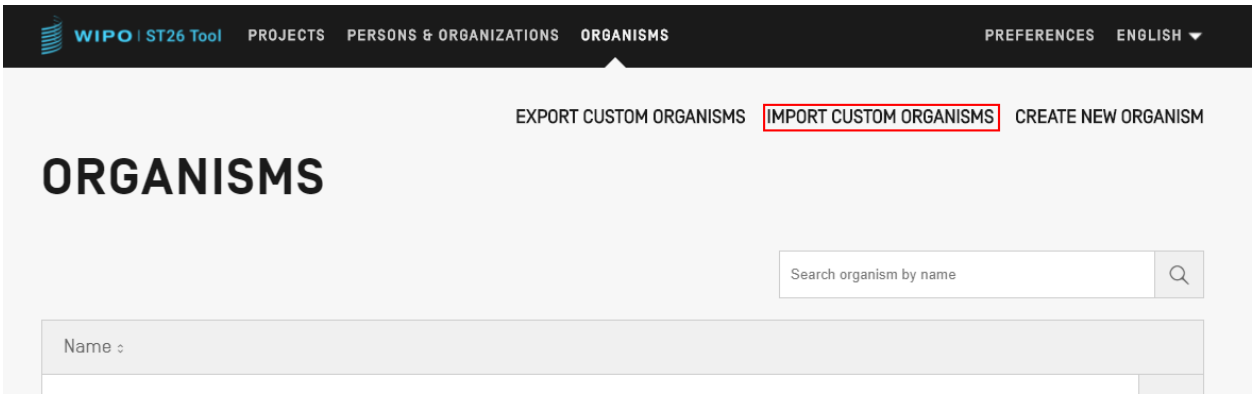


Abbildung 42 Benutzerdefinierte Organismen importieren

Zum Importieren einer Liste von benutzerdefinierten Organismen muss der Benutzer zunächst auf den in der Ansicht oben befindlichen Link "IMPORT CUSTOM ORGANISMS" (Benutzerdefinierte Organismen importieren) klicken (siehe Abbildung 42). Dadurch wird ein Overlay unter der Tabelle der Organismen geöffnet (siehe Abbildung 43).

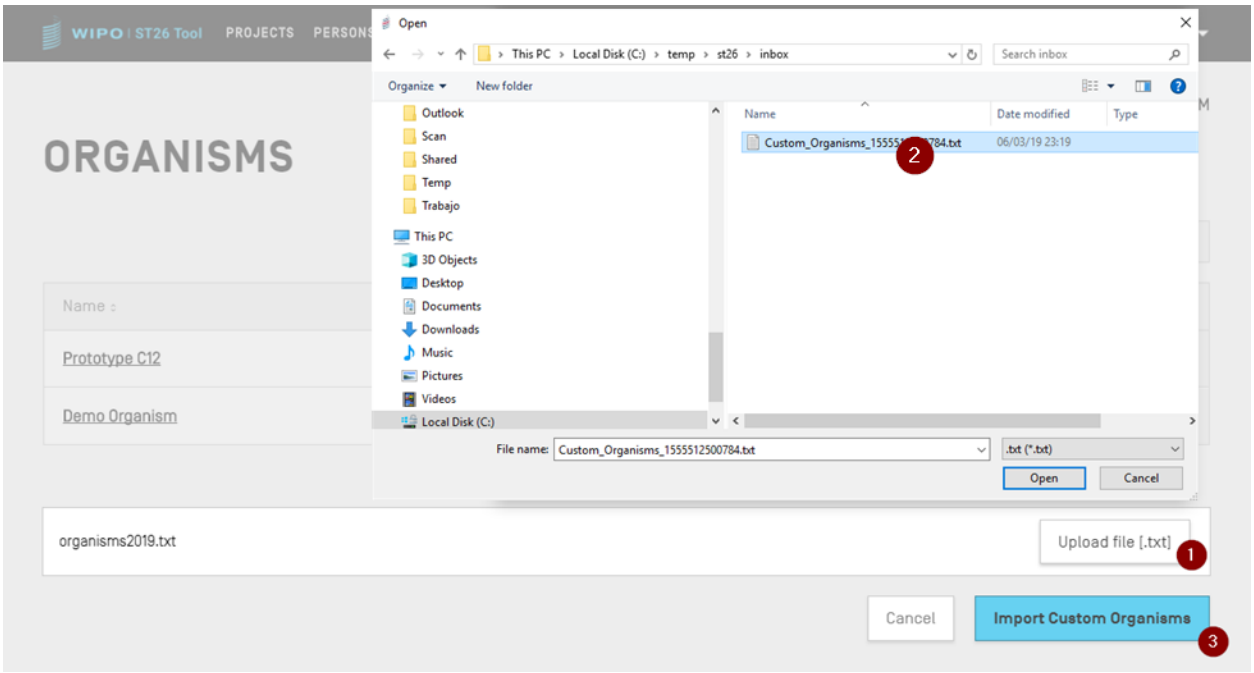


Abbildung 43 Benutzerdefinierte Organismen importieren (Dialogfeld)

1) Klicken Sie auf die Schaltfläche "Upload file [.txt]" (Datei [.txt] hochladen) (1).

2) Wählen Sie die Datei mit den benutzerdefinierten Organismusnamen aus dem Dialogfeld aus (2).

3) Klicken Sie abschließend auf die blaue Schaltfläche "Import Custom Organisms" (Benutzerdefinierte Organismen importieren) (3).

Hinweis:

Die zu importierende Datei ist eine Textdatei (.txt) mit einer Liste von benutzerdefinierten Organismusnamen in Klartext (UTF-8), wobei jedes Element in einer neuen Zeile steht.*

4.4 SYSTEMEINSTELLUNGEN

Die Ansicht Systemeinstellungen ermöglicht die Änderung mehrerer Konfigurationsparameter von WIPO Sequence. Diese Parameter gelten für jedes vom Tool erstellte oder bearbeitete Projekt (siehe Abbildung 44).

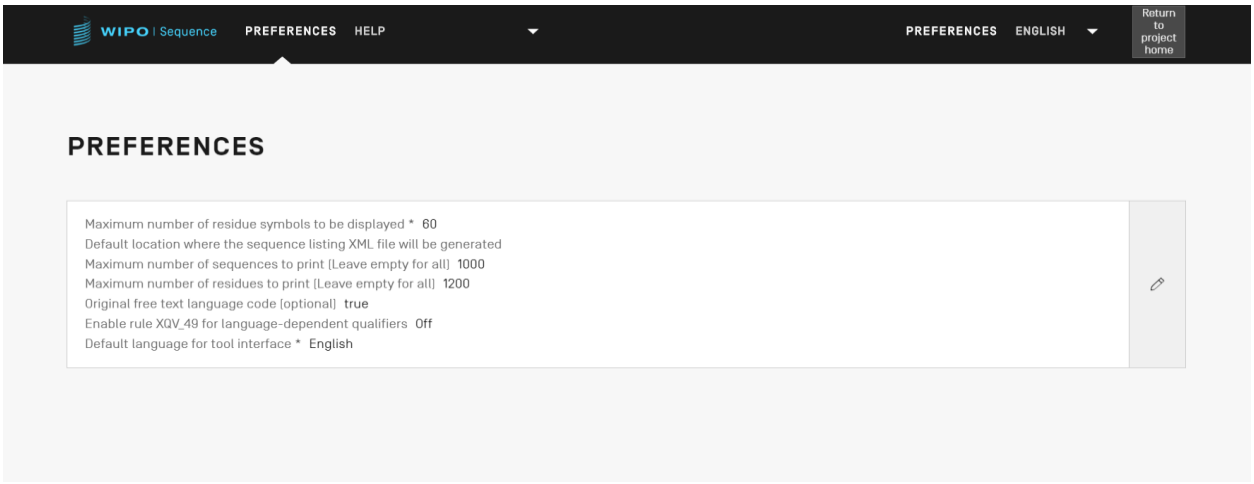


Abbildung 44 Zusammenfassung der Systemeinstellungen

Zum Ändern der Systemeinstellungen sollte der Benutzer auf das oben gezeigte Stiftsymbol klicken, um das in Abbildung 45 gezeigte Bearbeitungsbedienfeld zu öffnen:

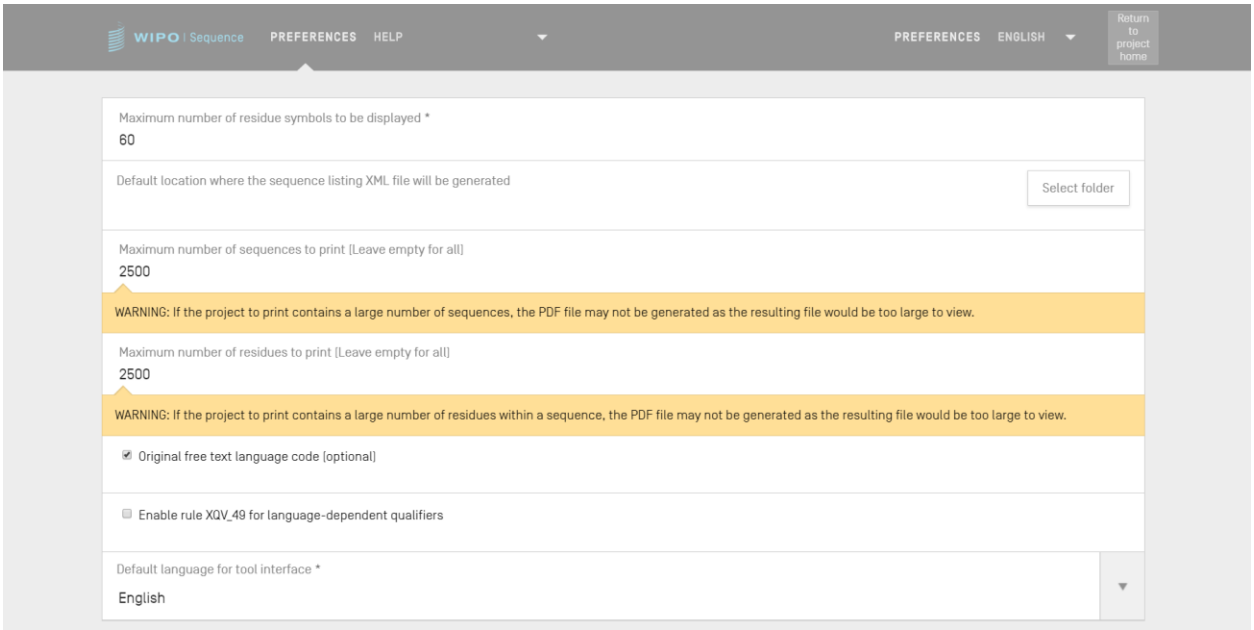


Abbildung 45 Konfigurieren der Systemeinstellungen

Die Liste der Konfigurationselemente, die in dieser Ansicht (in der Reihenfolge) geändert werden können, umfasst:

- Maximale Anzahl der anzuzeigenden Restesymbole: Dieser Parameter legt die Anzahl der Reste fest, die bei der Anzeige einer Sequenz pro Zeile angezeigt werden: die Standardeinstellung ist 60 Reste.

- Standardspeicherort, an dem die ST.26-Sequenzprotokolldatei (.xml) generiert wird. Dieser Ort muss nicht angegeben werden.

- Maximale Anzahl der zu druckenden Sequenzen (alle, falls keine Zahl angegeben wird): die Standardeinstellung ist 1000 Sequenzen.

- Maximale Anzahl der zu druckenden Reste (alle, falls keine Zahl angegeben wird): die Standardeinstellung ist 1200 Reste.

- Originaler Freitext-Sprachcode: Wenn dieses Kontrollkästchen aktiviert ist, wird bei der Validierung eine Warnung ausgegeben, wenn der originale Freitext-Sprachcode nicht angegeben ist. Diese Option ist standardmäßig deaktiviert.

- XQV_49 aktivieren: Wenn dieses Kontrollkästchen aktiviert ist, wird eine Warnung ausgegeben, wenn kein englischer Wert für einen sprachabhängigen Freitext-Qualifier angegeben ist. Diese Option ist standardmäßig deaktiviert.

- Standard-Schnittstellensprache: Dies ist die Sprache, in der die Benutzeroberfläche beim Starten von WIPO Sequence angezeigt wird. Standardmäßig ist dies Englisch.

Hinweis:

Der dritte und vierte Parameter sind relevant, wenn das Projekt als PDF gedruckt wird. Bitte beachten Sie, dass bei sehr umfangreichen Sequenzprotokollen das resultierende PDF mehrere tausend Seiten umfassen und nicht angezeigt werden kann.

5 PROJEKTSEITE

Die Projektseite umfasst sechs Ansichten, mit denen Sie zwischen verschiedenen Teilen des Arbeitsablaufs navigieren können (siehe Abbildung 46):

1. Ansicht Projektdetails (1) (gekennzeichnet durch den Namen des Projekts, hier als "Projekt" angezeigt): Hauptansicht, die alle Projektdaten enthält.

2. Ansicht Prüfbericht (2): Hier kann auf den Prüfbericht zugegriffen werden.

3. Ansicht Sprachabhängige Qualifier (3): Hier können auf sprachabhängige Freitext-Qualifier zugegriffen und diese exportiert/importiert werden.

4. Ansicht Importbericht (4): Hier kann auf den Importbericht zugegriffen werden.

5. Anzeige Sequenzprotokolle (5): Hier kann auf visuell lesbare Formate des generierten ST.26-Sequenzprotokolls zugegriffen werden, und

6. Hilfemenü: Es enthält Verweise auf die Bedienungsanleitung und auf WIPO ST.26.

7. Ansicht Einstellungen (6).

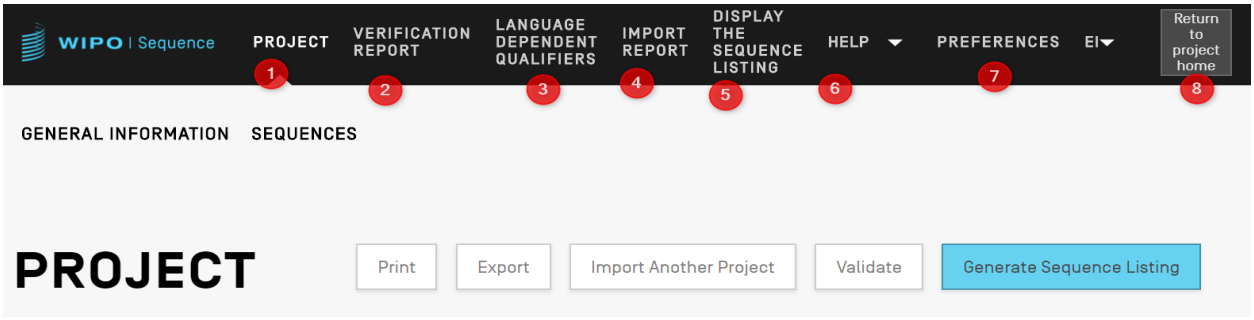


Abbildung 46 Kopfzeile der Projektseite

Um zur Ansicht Projekte (Hauptstartseite) zurückzukehren, kann der Benutzer auf die Schaltfläche "Return to project home" (Zurück zur Projekt-Hauptstartseite) (8) am rechten Ende der Kopfzeile klicken.

5.1 PROJEKTDETAILS

5.1.1 Basisinformationen

In der Ansicht Projektdetails befindet sich oben eine Tabelle mit den grundlegenden Informationen zum Projekt (siehe Abbildung 47).

Diese Tabelle enthält:

- den Projektnamen
- Datum und Uhrzeit der Erstellung des Projekts
- den Projektstatus (mögliche Werte: ‘new’/’modified’/’generated’/’invalid’/’valid’/’warnings’ (neu/geändert/erstellt/ungültig/gültig/Warnungen) - Beachten Sie, dass dieses Feld nicht bearbeitet werden kann
- den Namen der importierten Datei (falls das Projekt importiert wurde)
- die Beschreibung des Projekts - optional
- die Anzahl der Sequenzen (bezeichnet durch 'Sequences')
- den originalen Freitext-Sprachcode für Freitext-Qualifier
- Nicht-englischer Freitext-Sprachcode

- ein Kontrollkästchen zum automatischen Hinzufügen eines Qualifiers "translation" wenn ein CDS-Merkmal erstellt wird (eine Funktion auf Projektebene)

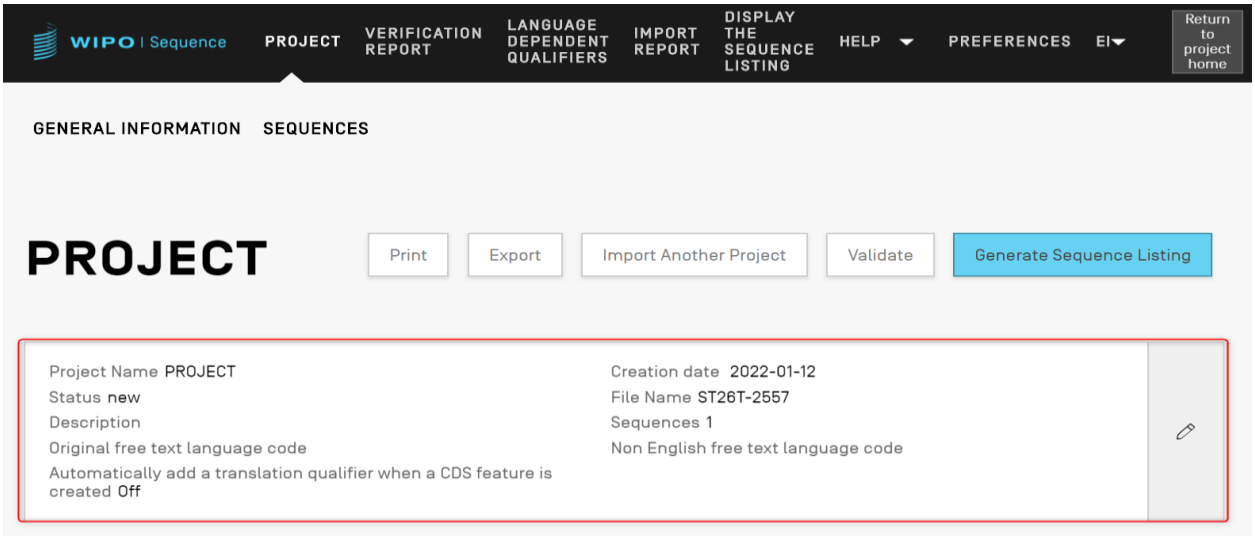


Abbildung 47 Abschnitt Basisinformationen

5.1.1.1 Projekt drucken

Zum Drucken eines Projekts muss der Benutzer die Ansicht Projektdetails des gewünschten Projekts aufrufen und oben in der Mitte auf "Print" (Drucken) klicken (siehe Abbildung 48).

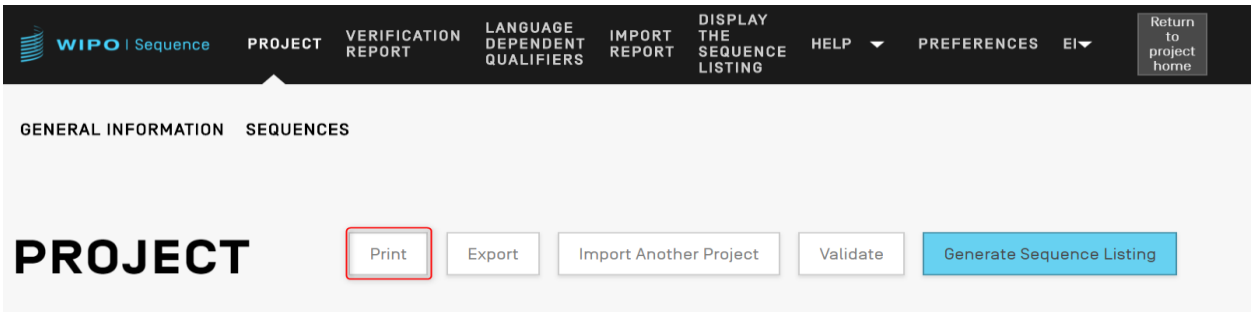


Abbildung 48 Projekt drucken

Als Nächstes werden dem Benutzer zwei Kontrollkästchen angezeigt, aus denen er wählen kann, welche Informationen aus dem Projekt gedruckt werden sollen: Allgemeine Informationen und/oder Sequenzinformationen (siehe Abbildung 49).

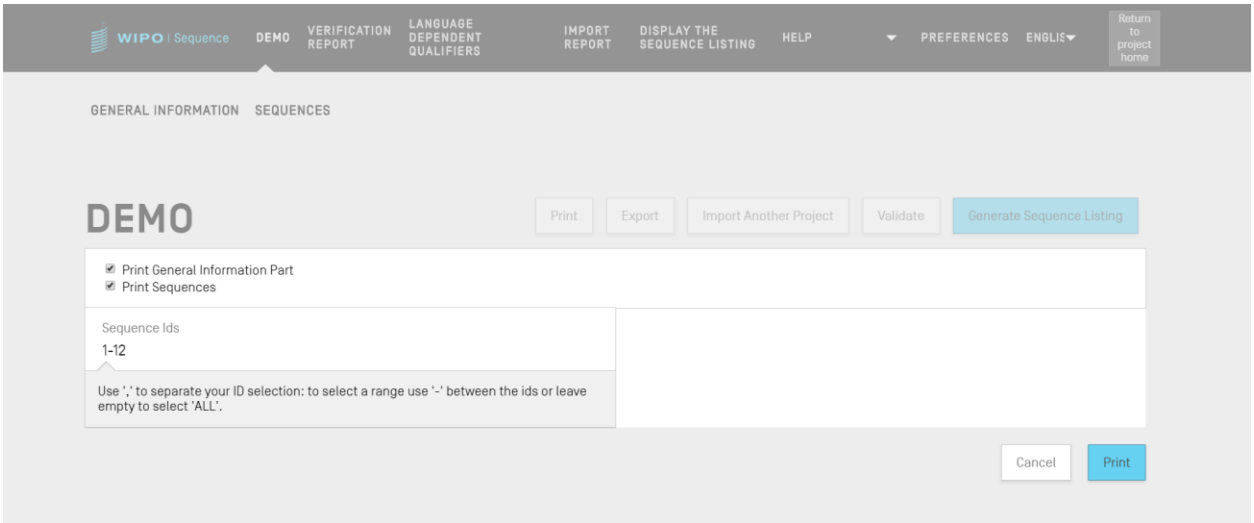


Abbildung 49 Projekt drucken - Auswahl der zu druckenden Teile

Bei der Auswahl von "Print Sequences" (Sequenzen drucken) kann der Benutzer angeben, welche Sequenzen gedruckt werden sollen, indem er den Bereich der ID-Nummern im Feld "Sequence-IDs" angibt, oder er entscheidet sich, alle Sequenzen zu drucken, indem er dieses Feld leer lässt.

Standardmäßig wird die Gesamtzahl der Sequenzen des Projekts als Bereich angezeigt.

Sobald die blaue Schaltfläche "Print" (Drucken) angeklickt wird, öffnet das Tool bei einer korrekten Erstellung der PDF-Datei die Datei in einem PDF-Reader zur Überprüfung durch den Benutzer.

Eine Anleitung zum Herunterladen der PDF-Datei finden Sie in Abschnitt **3.2.**

Mit einem beliebigen Internetbrowser kann der Benutzer das angezeigte Sequenzprotokoll im HTML-Format auch als PDF-Datei speichern.

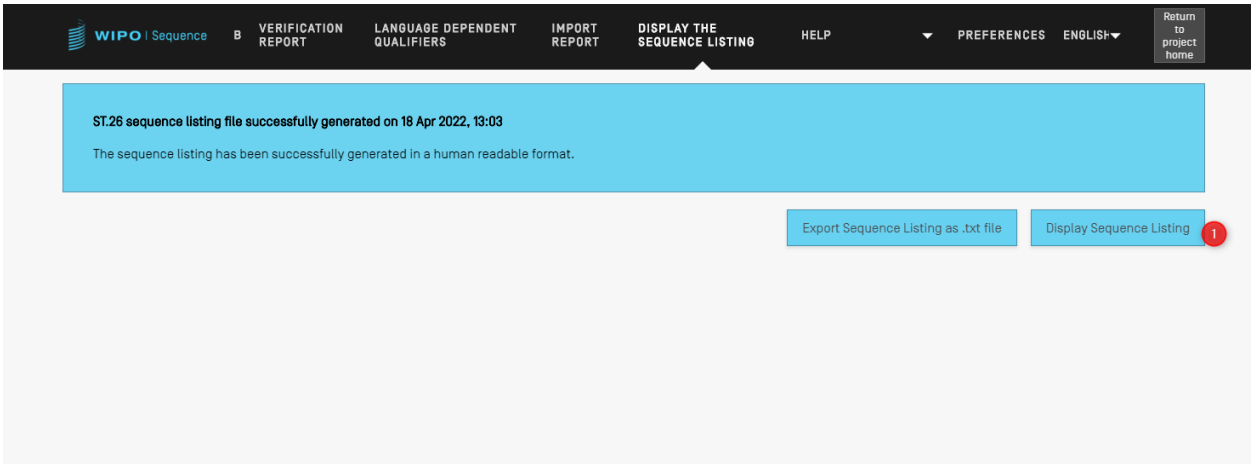
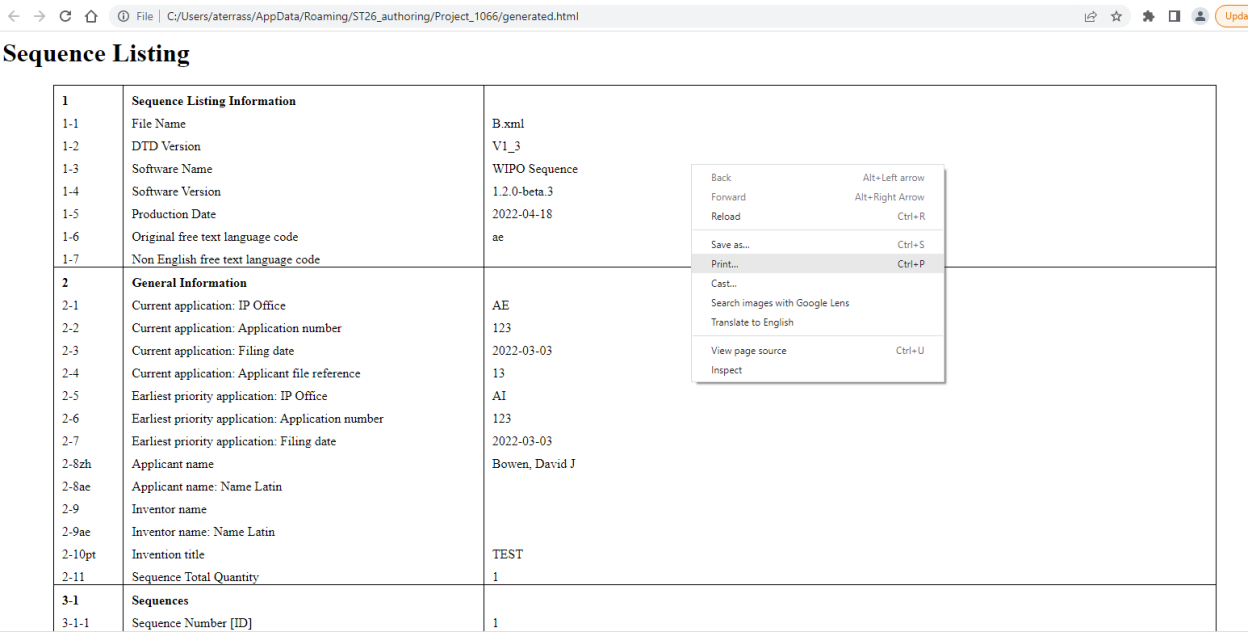


Abbildung 50 Sequenzprotokoll anzeigen



1	**Sequence Listing Information**	
1-1	File Name	B.xml
1-2	DTD Version	V1_3
1-3	Software Name	WIPO Sequence
1-4	Software Version	1.2.0-beta.3
1-5	Production Date	2022-04-18
1-6	Original free text language code	ae
1-7	Non English free text language code	
2	**General Information**	
2-1	Current application: IP Office	AE
2-2	Current application: Application number	123
2-3	Current application: Filing date	2022-03-03
2-4	Current application: Applicant file reference	13
2-5	Earliest priority application: IP Office	AI
2-6	Earliest priority application: Application number	123
2-7	Earliest priority application: Filing date	2022-03-03
2-8zh	Applicant name	Bowen, David J
2-8ae	Applicant name: Name Latin	
2-9	Inventor name	
2-9ae	Inventor name: Name Latin	
2-10pt	Invention title	TEST
2-11	Sequence Total Quantity	1
3-1	**Sequences**	
3-1-1	Sequence Number [ID]	1

Abbildung 51 Sequenzprotokoll als PDF

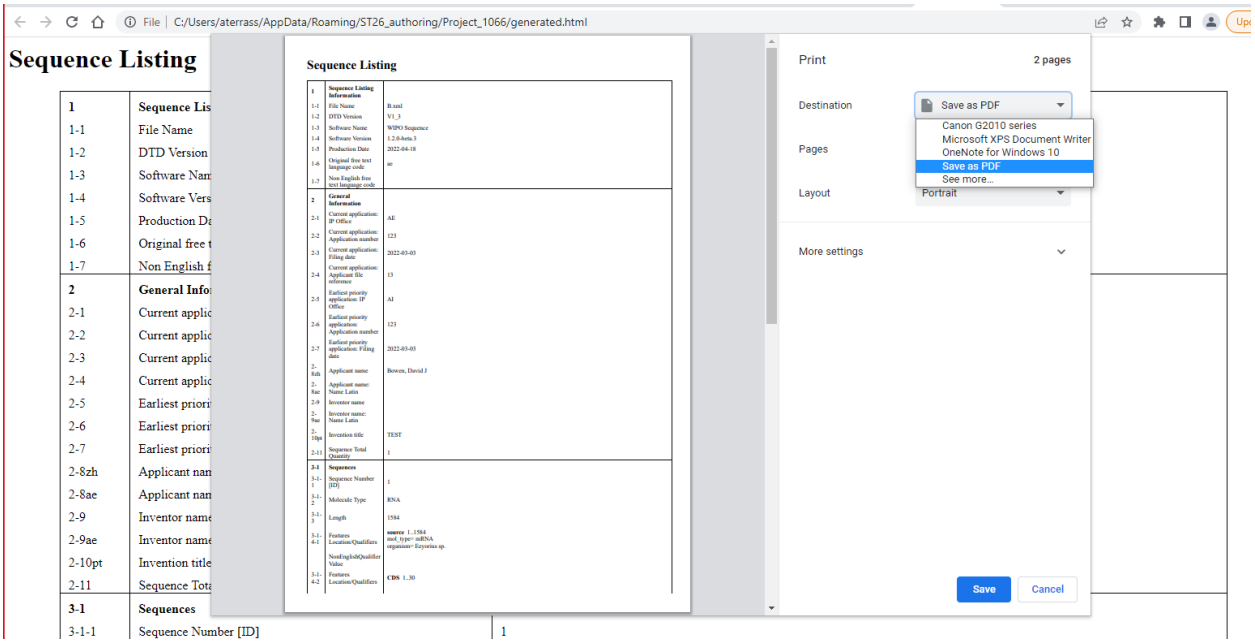


Abbildung 52 Sequenzprotokoll als PDF speichern

5.1.1.2 Importieren von Informationen aus einem anderen Projekt

Der Benutzer kann Informationen aus anderen Projekten, die im Tool gespeichert sind, in das aktuell geöffnete Projekt kopieren. Diese importierten Informationen können entweder der Abschnitt "General Information" (Allgemeine Informationen), der Abschnitt "Sequences" (Sequenzen) oder beide sein.

Hinweis: Importierte Allgemeine Informationen ersetzen die derzeit vorhandenen Allgemeinen Informationen im Projekt, während importierte Sequenzen an die aktuelle Liste der Sequenzen im Projekt angehängt werden.

Zu Beginn muss der Benutzer auf die in der Ansicht Projektdetails oben befindliche Schaltfläche "Import Another Project" (Weiteres Projekt importieren) klicken (siehe Abbildung 53).

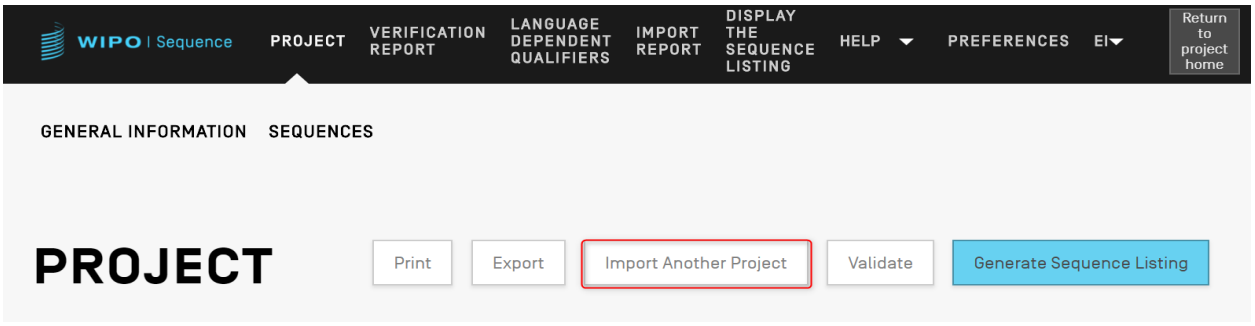


Abbildung 53 Weiteres Projekt importieren

Das Tool öffnet ein Overlay (siehe Abbildung 54). Der Benutzer muss zuerst das Projekt auswählen, aus dem er Informationen importieren möchte.

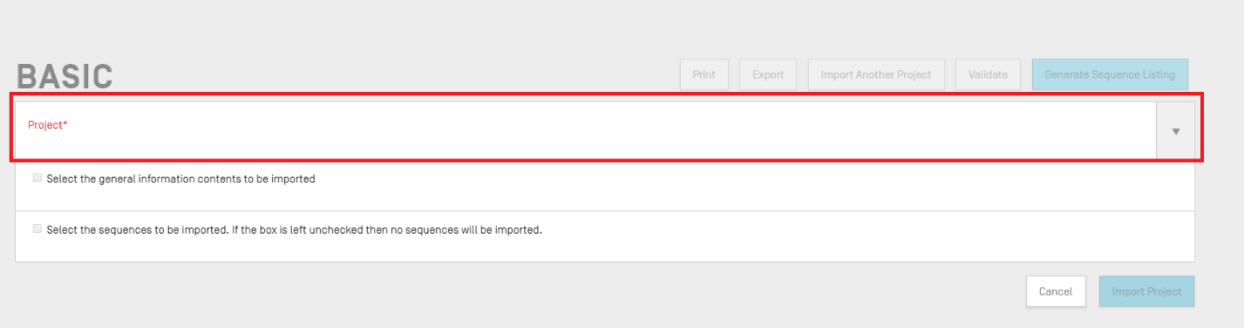


Abbildung 54 Weiteres Projekt importieren - Quelle auswählen

Als Nächstes kann der Benutzer auswählen (siehe Abbildung 55), ob er Teile der Angaben im Abschnitt Allgemeine Informationen (1) des Projekts einbeziehen möchte. Will er auch Sequenzen importieren (2), muss er einen Bereich von Sequenz-ID-Nummern (3) angeben, um festzulegen, welche der Sequenzen in das Projekt importiert werden sollen.

Standardmäßig wird die Gesamtzahl der Sequenzen des Projekts als Bereich angezeigt.

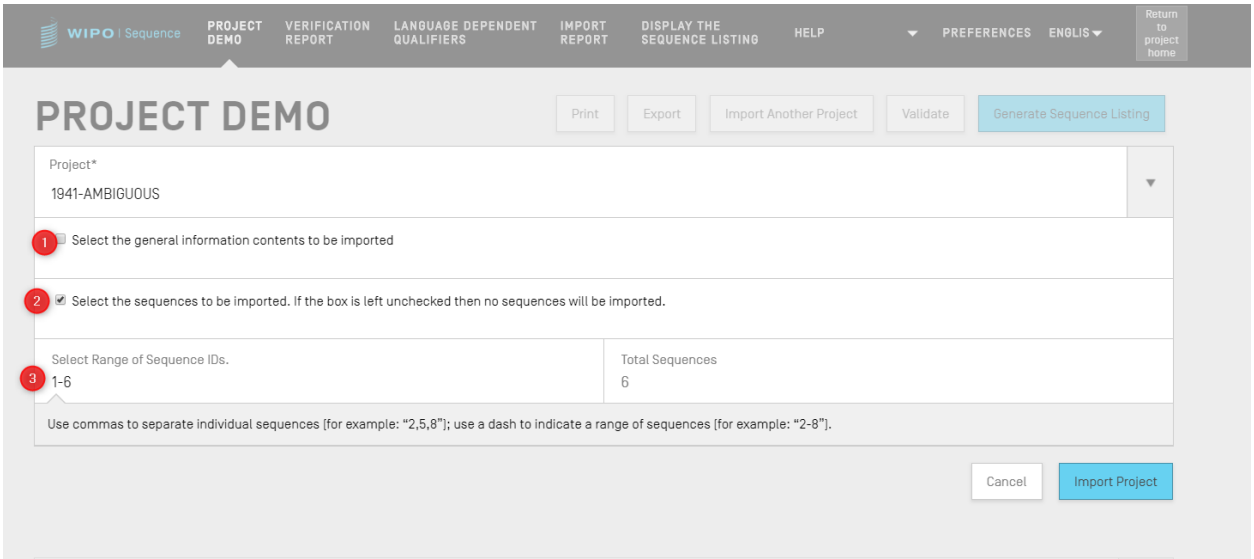


Abbildung 55 Weiteres Projekt importieren (Bedienfeld)

Ist das Kontrollkästchen bezüglich der Allgemeinen Informationen aktiviert, wird eine Tabelle angezeigt, die alle Elemente des Abschnitts Allgemeine Informationen beider Projekte anzeigt: des aktuell ausgewählten (Ausgangs-)Projekts und des Zielprojekts (Ziel).

Hinweis:

Wird das Kontrollkästchen "Select the general information contents to be imported" (Wählen Sie die zu importierenden Allgemeinen Informationen aus) nicht aktiviert, werden keine Allgemeinen Informationen aus dem Sequenzprotokoll in das Projekt importiert.

Der Benutzer muss dann wählen, welche Elemente der Allgemeinen Informationen durch die Allgemeinen Informationen des entsprechenden Zielprojekts ersetzt werden sollen (siehe Abbildung 56).

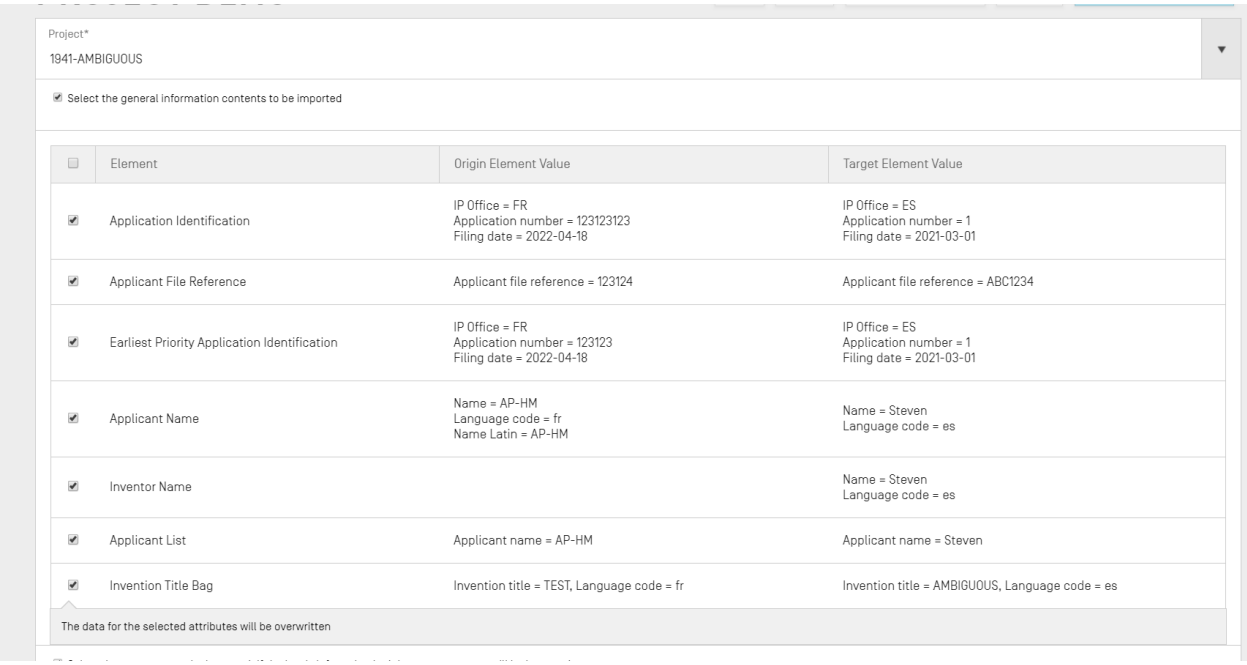


Abbildung 56 Weiteres Projekt importieren - Allgemeine Informationselemente auswählen

Hat der Benutzer schließlich entschieden, welche Elemente der Allgemeinen Informationen und Sequenzen in das Projekt importiert werden sollen, muss er auf die unten befindliche blaue Schaltfläche "Import Project" (Projekt importieren) klicken (siehe Abbildung 56).

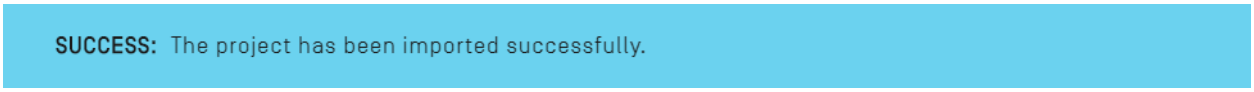


Abbildung 57 Weiteres Projekt importieren (Erfolgsbanner)

Wie in Abbildung 57 Weiteres Projekt importieren (Erfolgsbanner), wird ein blaues Banner angezeigt, wenn die Elemente korrekt importiert wurden.

5.1.1.3 Projekt validieren

Bevor das Sequenzprotokoll als ST.26-konforme XML-Datei erstellt wird, wird ein Projekt zuvor eine Validierungsprüfung durchlaufen. Dieser Schritt wird immer vor der Generierung des Sequenzprotokolls durchgeführt, kann aber auch unabhängig davon erfolgen.

Zur Validierung eines Projekts muss der Benutzer auf die in der Ansicht Projektdetails oben befindliche Schaltfläche "Validate" (Validieren) klicken (siehe Abbildung 58).

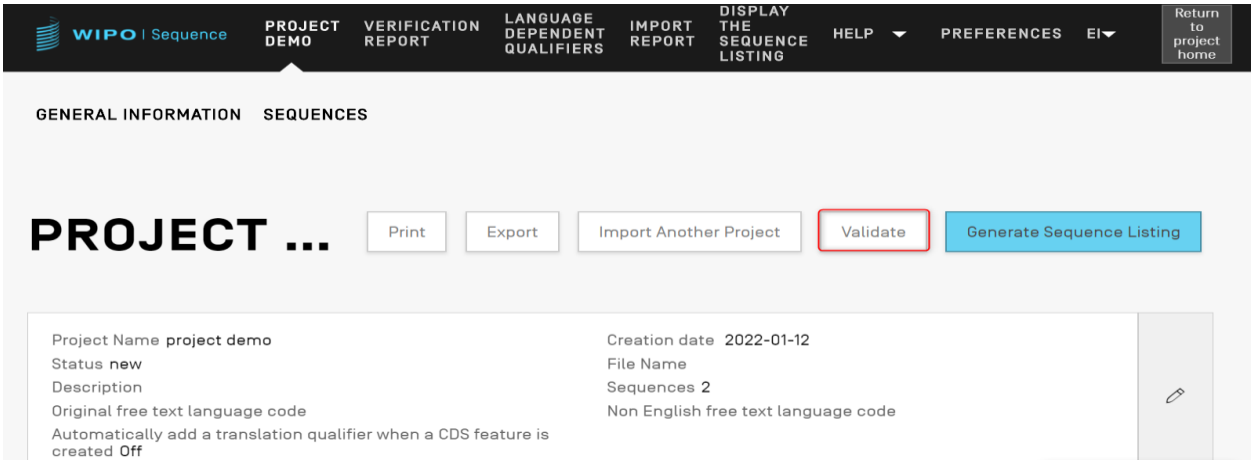


Abbildung 58 Projekt validieren

Nach Abschluss der Validierung wird die Ansicht "Verification Report" (Prüfbericht) geöffnet, in der alle eventuell generierten Prüffehler/Warnungen angezeigt werden. Abbildung 59 zeigt den Bildschirm im Falle einer erfolgreichen Validierung.

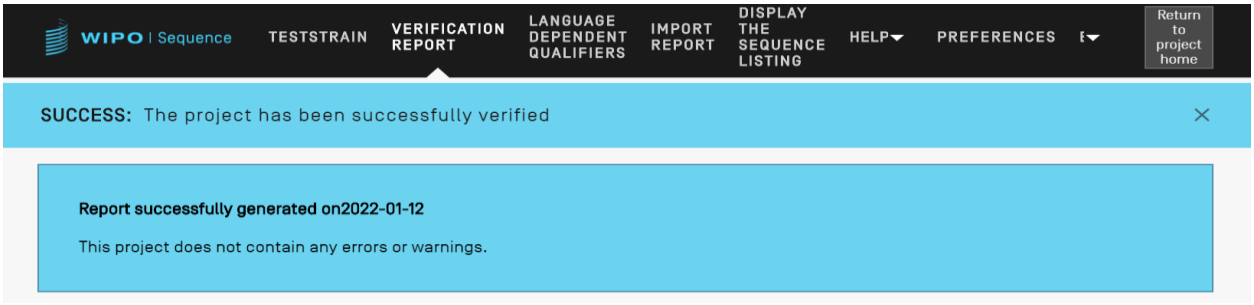


Abbildung 59 Projekt wurde erfolgreich validiert (keine Fehler)

Werden während des Validierungsprozesses Fehler oder Warnungen festgestellt, so wird ein Prüfbericht mit einer Tabelle erstellt, in der die erkannten Prüfregeln und Richtlinien, gegen die verstoßen wurde, aufgeführt sind. Ein Beispielbericht ist in Abbildung 60 dargestellt. In jeder Zeile wird angegeben, ob es sich um einen Fehler handelt, der korrigiert werden muss, oder um eine Warnung, die vom Benutzer ignoriert werden kann.

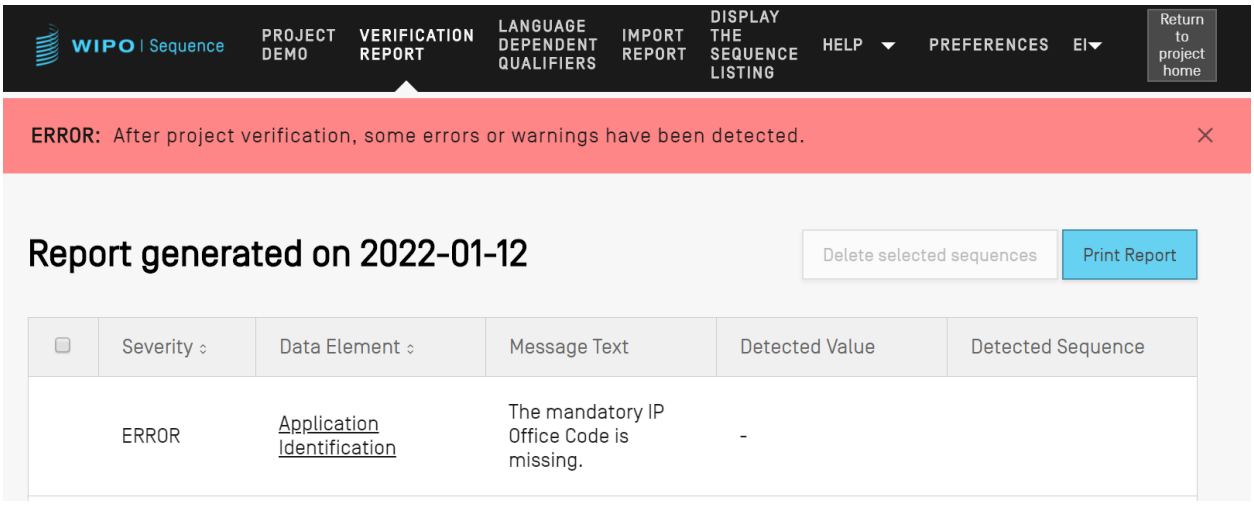


Abbildung 60 Projekt validieren: Fehler/Warnungen

5.1.1.4 Projekt exportieren

Ein Projekt kann in eine .zip-Datei exportiert werden, damit der Benutzer die Projektdaten sichern oder alternativ mit einem anderen Desktop-Computer, auf dem WIPO Sequence installiert ist, importieren kann (siehe Abbildung 61).

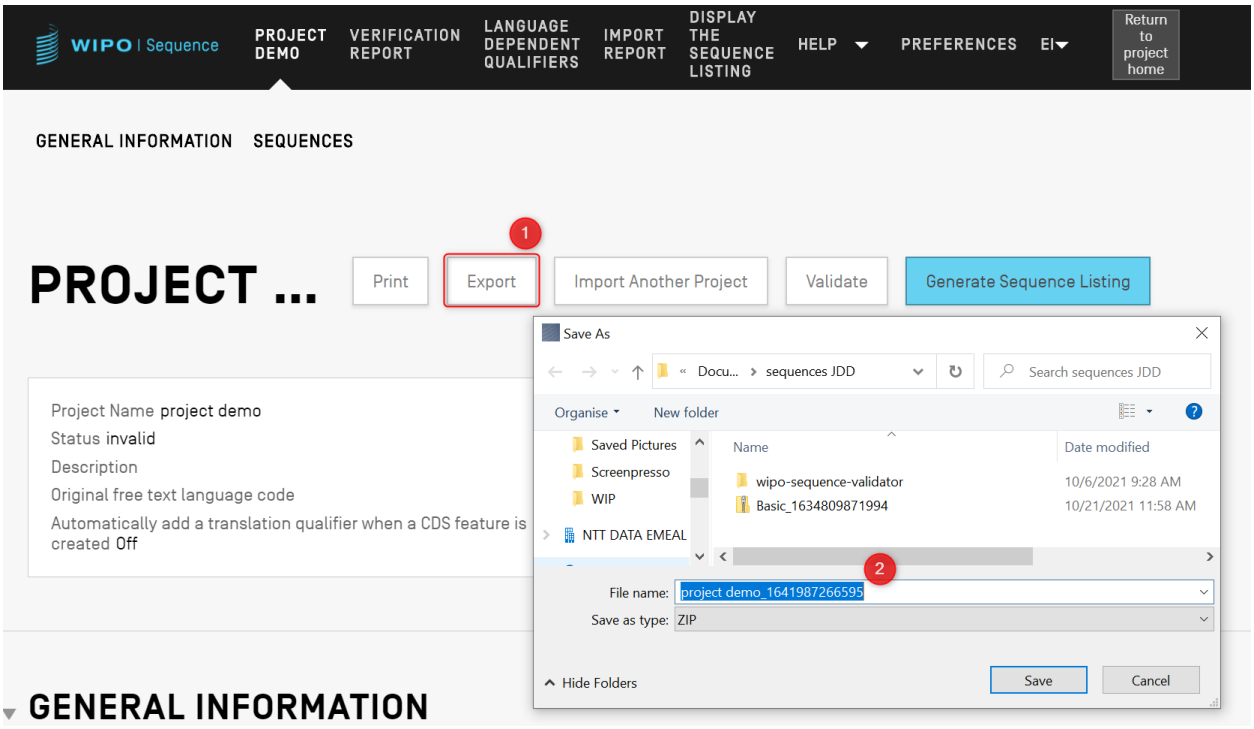


Abbildung 61 Projekt exportieren

1) Klicken Sie oben in der Ansicht Projektdetails auf die Schaltfläche "Export" (Exportieren).

2) Wählen Sie im sich daraufhin öffnenden Dialogfeld den Dateinamen und den gewünschten Speicherort für das Projekt aus.

Wenn das Projekt erfolgreich exportiert wurde, erscheint auf dem Bildschirm oben ein blaues Banner mit dem gespeicherten Namen und Speicherort (siehe Abbildung 62).

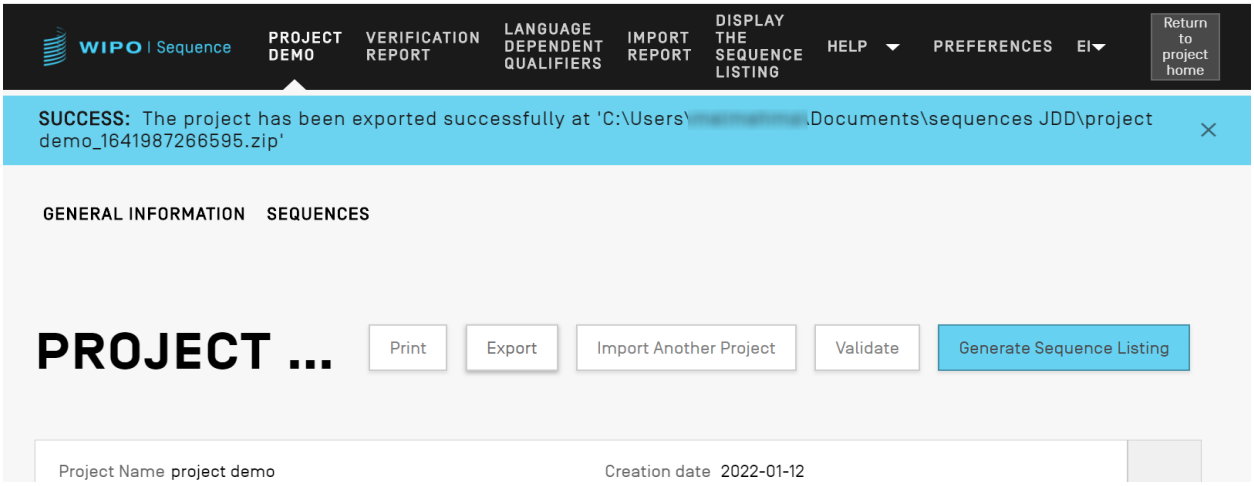


Abbildung 62 Projekt wurde erfolgreich exportiert

5.1.1.5 Sequenzprotokoll generieren

Die letzte und vielleicht wichtigste Aktion, die an einem Projekt durchgeführt werden kann, ist die Generierung des Sequenzprotokolls. Um das Sequenzprotokoll zu generieren, muss der Benutzer oben in der Ansicht Projektdetails auf die blaue Schaltfläche "Generate Sequence Listing" (Sequenzprotokoll generieren) klicken, die in Abbildung 63 markiert ist. Dadurch startet automatisch der Validierungsprozess, der zunächst für das Projekt ausgeführt wird (siehe Abschnitt **5.1.1.3**).

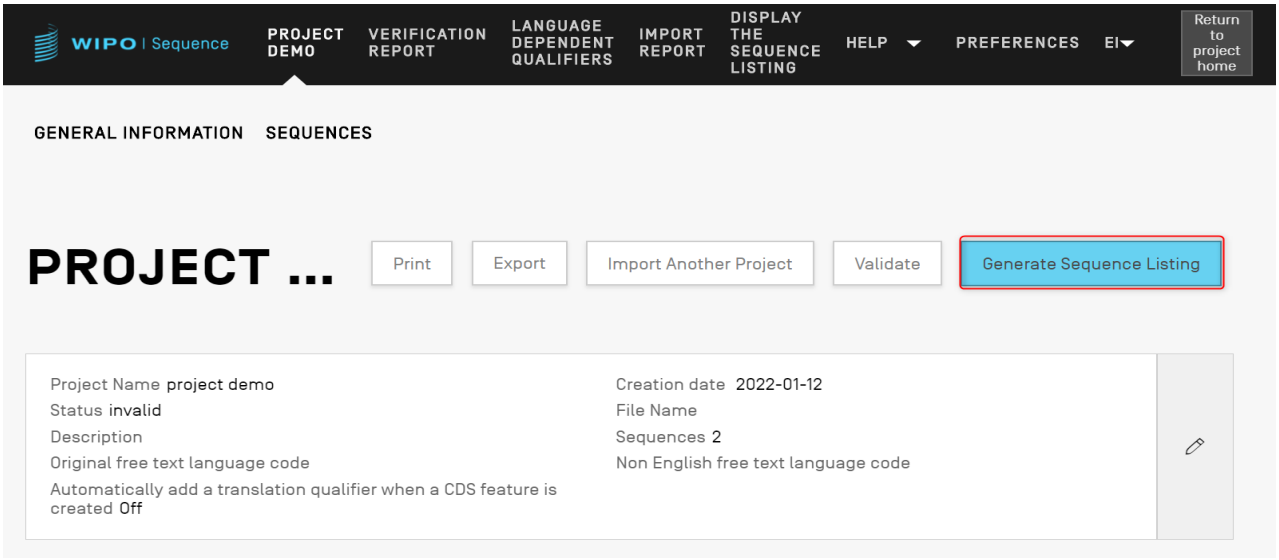


Abbildung 63 Sequenzprotokoll generieren

Wenn das Projekt den Validierungsprozess besteht, öffnet sich ein Dialogfeld, in dem der Benutzer auswählen kann, wo das generierte ST.26-konforme Sequenzprotokoll (.xml) gespeichert werden soll, wie in Abbildung 64 markiert.

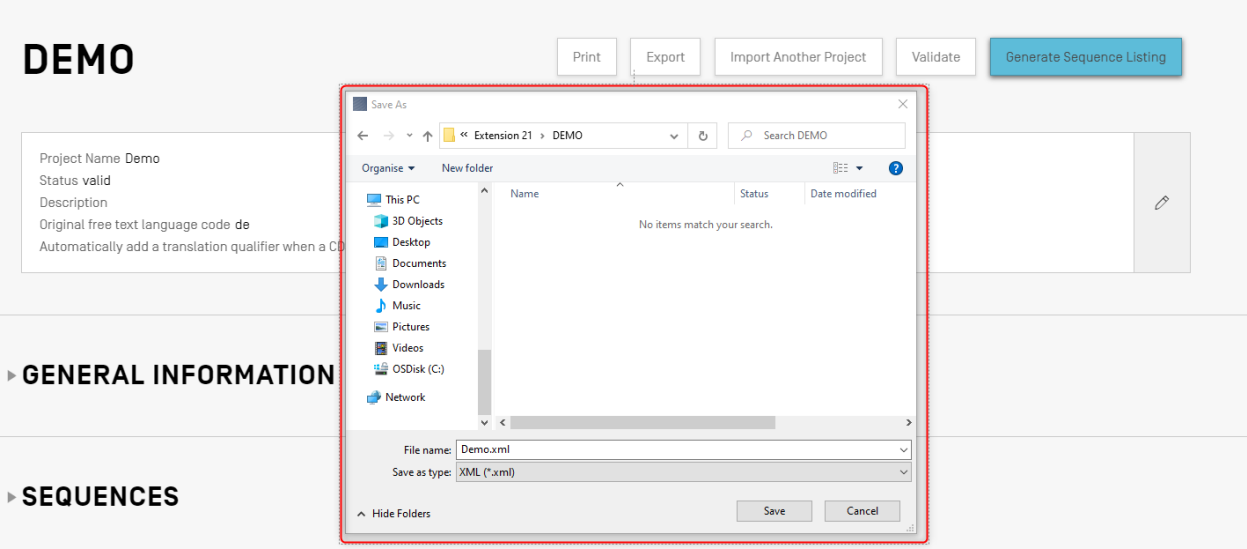


Abbildung 64 Sequenzprotokoll generieren (Dialogfeld)

Hinweis:

Es besteht ein bekanntes Problem bei der Verwendung der Linux-Distribution: In der Standardeinstellung wird zusätzlich "\" beim Vorschlag eines Dateinamens angezeigt. Um dieses Problem zu beheben, entfernen Sie bitte manuell das zusätzliche "\" vor dem Speichern.

Wenn die Validierung des Projekts jedoch fehlschlägt, wird stattdessen die Ansicht Prüfbericht zusammen mit einem roten Banner angezeigt (siehe Abbildung 65).

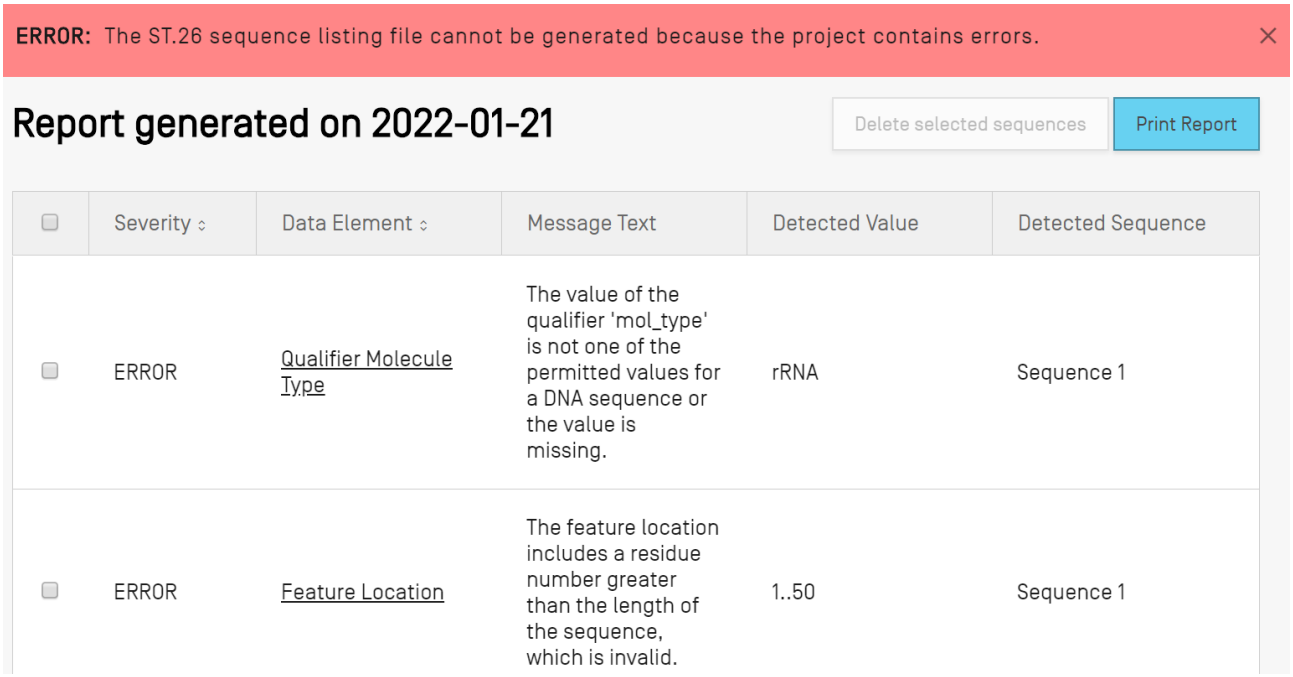


Abbildung 65 Sequenzprotokoll generieren: ohne Erfolg

5.1.2 Allgemeine Informationen

In diesem Abschnitt kann der Benutzer Informationen in Bezug auf die Patentanmeldung eingeben, die verwendet werden, um das generierte Sequenzprotokoll mit dieser Anmeldung zu verknüpfen.

5.1.2.1 Identifikation der Anmeldung

Der Unterabschnitt “Application Identification” (Identifikation der Anmeldung) des Abschnitts Allgemeine Informationen bezieht sich auf den Status der Patentanmeldung und Informationen zum ausgewählten Projekt (siehe Abbildung 66).

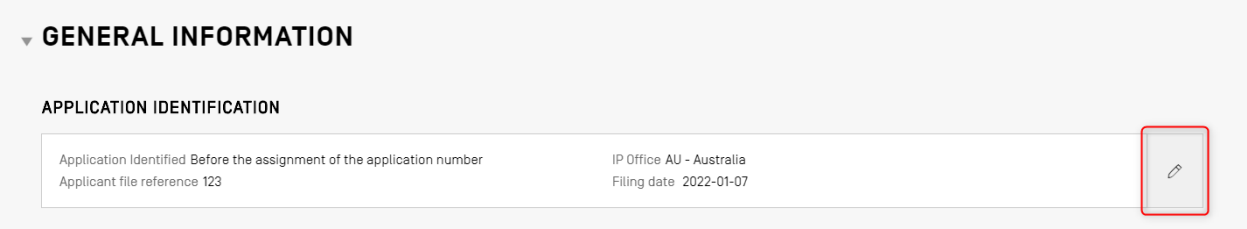


Abbildung 66 Identifikation der Anmeldung

Um Informationen innerhalb des Unterabschnitts “Application Identification” zu bearbeiten, klicken Sie auf das markierte Stiftsymbol rechts neben dem Unterabschnitt. Der Benutzer muss dann Informationen basierend auf den folgenden Schritten angeben (siehe Abbildung 67):

1) Wenn der Anmeldung bereits eine Anmeldenummer erteilt wurde, muss der Benutzer den Code des Amts für geistiges Eigentum ("IP-Office") auswählen, bei dem die Anmeldung eingereicht wurde. Dies ist der WIPO ST.3-Code.

2) Durch Auswahl des entsprechenden Optionsfeldes muss der Benutzer angeben, ob ihm die Anmeldenummer bereits mitgeteilt wurde oder nur innerhalb einer Anmeldedatei bereitgestellt wurde.

3) Falls die Anmeldenummer nicht vorliegt, MUSS der Benutzer in diesem Feld das Aktenzeichen des Anmelders angeben.

4) Wenn bereits eine Anmeldenummer erteilt wurde, sollte der Benutzer die für das Patent vorgesehene Anmeldenummer eingeben.

5) Wählen Sie dann das Anmeldedatum der Anmeldung in der Datumsauswahl aus, falls ein Datum erteilt wurde.

6) Klicken Sie auf die blaue Schaltfläche „Save“.

Hinweis:

Unabhängig davon, was eingegeben wird, wird im Prüfbericht immer eine Warnung angezeigt, die darauf hinweist, dass die Anmeldenummer fehlt ("The application identification number is absent. The application number is mandatory if the application number has been assigned."). Die Anmeldenummer ist obligatorisch, falls eine solche erteilt wurde.

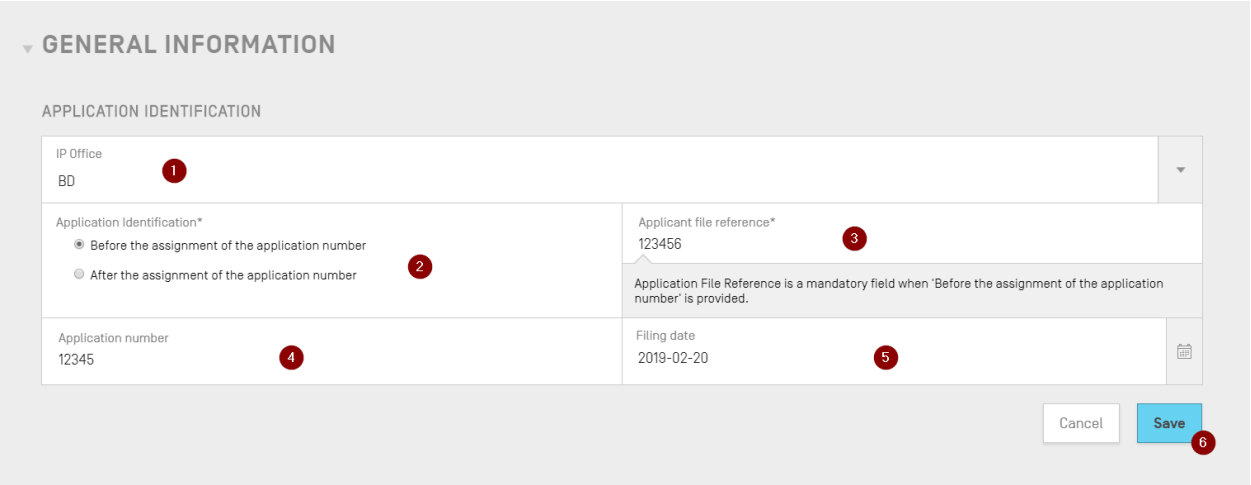


Abbildung 67 Identifikation der Anmeldung (Bearbeitungsbedienfeld)

5.1.2.2 Prioritäts-Identifikation

Zum Hinzufügen einer Prioritätsanmeldung zu dem Projekt muss der Benutzer auf die Schaltfläche "Add Earliest Priority Identification" (Früheste Prioritätsanmeldung hinzufügen) im Abschnitt Allgemeine Informationen der Ansicht Projektdetails klicken (siehe Abbildung 68).

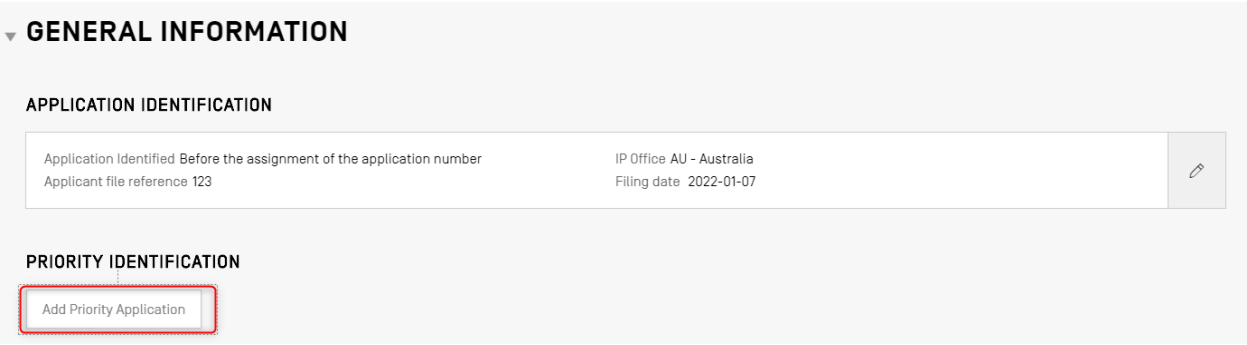


Abbildung 68 Früheste Prioritätsanmeldung

Um die aktuell ausgewählte Prioritätsanmeldung als die früheste festzulegen, muss der Benutzer im Dropdown-Menü "Selected Earliest Priority Application" (Ausgewählte früheste Prioritätsanmeldung) die Option "Yes" wählen. Dadurch wird diese Prioritätsanmeldung als die früheste Prioritätsanmeldung festgelegt oder der Status wird zu dieser geändert, wenn das Sequenzprotokoll erstellt wird.

Um den Vorgang abzuschließen, klicken Sie im Overlay auf die blaue Schaltfläche "Add Earliest Priority Application" (Früheste Prioritätsanmeldung hinzufügen) (siehe Abbildung 69).

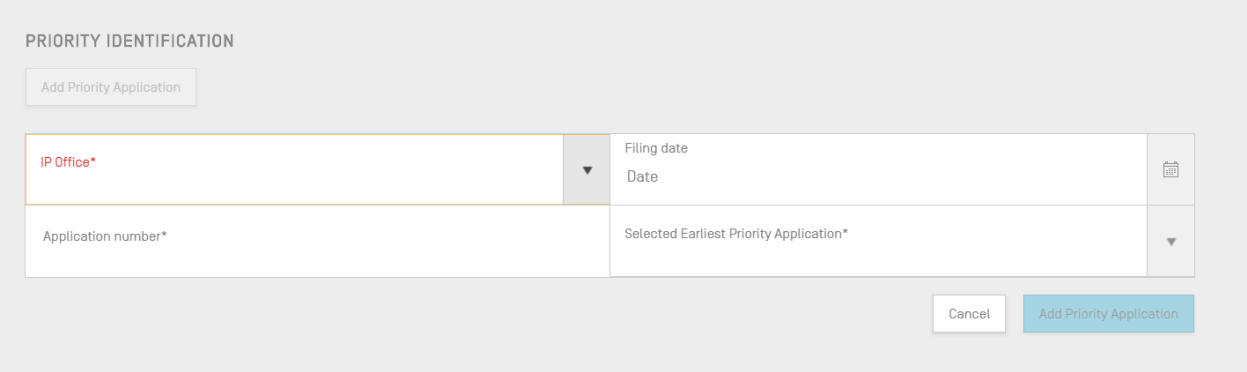


Abbildung 69 Früheste Prioritätsanmeldung (Bearbeitungsbedienfeld)

5.1.2.3 Anmelder & Erfinder

Um dem Projekt Daten zu einem neuen Anmelder oder Erfinder hinzuzufügen, muss der Benutzer im Abschnitt Allgemeine Informationen der Ansicht Projektdetails auf die Schaltfläche “Add Inventor” (Erfinder hinzufügen) oder “Add Applicant” (Anmelder hinzufügen) klicken. Die Schritte für beide Aktionen sind identisch, sodass nachfolgend nur allgemeine Anweisungen aufgeführt sind. Dieser Vorgang muss jedoch zweimal wiederholt werden, wenn sowohl ein Anmelder als auch ein Erfinder dem Projekt hinzugefügt werden sollen, selbst wenn der Anmelder auch der Erfinder ist.

Ein Overlay mit zwei Optionsfeldern wird geöffnet (siehe Abbildung 70. Bei der Auswahl "Existing applicant/inventor” (Bestehender Anmelder/Erfinder) kann der Benutzer aus einem Dropdown-Feld wählen, das aktuell gespeicherte Personen und Organisationen innerhalb der lokalen Instanz des Desktop-Tools auflistet. Abbildung 70 zeigt eine Liste mit drei bestehenden Anmeldern, darunter "John Smith".

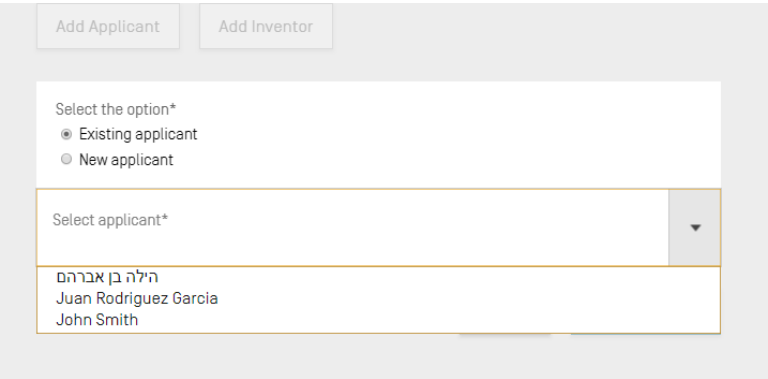


Abbildung 70 Bestehenden Anmelder/Erfinder hinzufügen

Bei der Auswahl "New applicant/inventor” (Neuer Anmelder/Erfinder) muss der Benutzer das Bearbeitungsbedienfeld auf die gleiche Weise ausfüllen wie beim Erstellen einer neuen Person/Organisation (siehe Abschnitt **4.2.1** und Abbildung 71).

Beachten Sie, dass nur ein Anmelder erforderlich ist, damit das Sequenzprotokoll als gültig angesehen wird. Daher muss ein Anmelder und/oder Erfinder als Hauptanmelder gekennzeichnet werden. Dies ist der Anmelder/Erfinder, der in dem generierten Sequenzprotokoll erscheint.

Sobald die Details vollständig sind, klickt der Benutzer auf die Schaltfläche “Add Applicant/Inventor” (Anmelder/Erfinder hinzufügen), wie in Abbildung 71 angezeigt. Da die unten gezeigten Pflichtfelder noch nicht ausgefüllt sind, kann der Benutzer den Anmelder nicht hinzufügen und die blaue Schaltfläche „Add Applicant" ist ausgegraut.

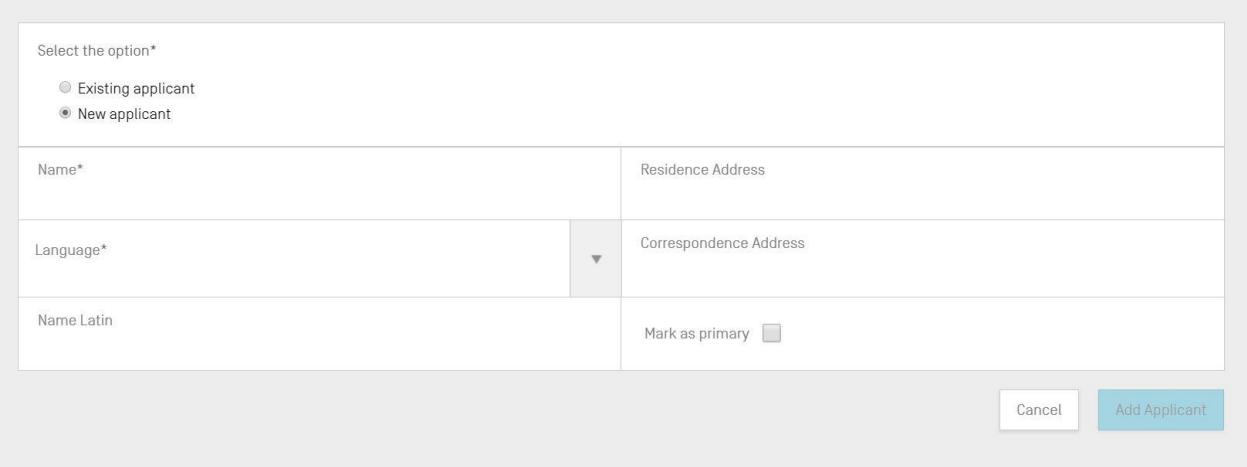


Abbildung 71 Neuen Anmelder/Erfinder hinzufügen

5.1.2.4 Bezeichnung der Erfindung

"Invention Title" (Bezeichnung der Erfindung) ist der letzte Unterabschnitt innerhalb des Abschnitts Allgemeine Informationen.

1) Um eine neue Bezeichnung der Erfindung hinzuzufügen, klicken Sie auf die Schaltfläche "Add Invention title" (Bezeichnung der Erfindung hinzufügen) (siehe Abbildung 72).

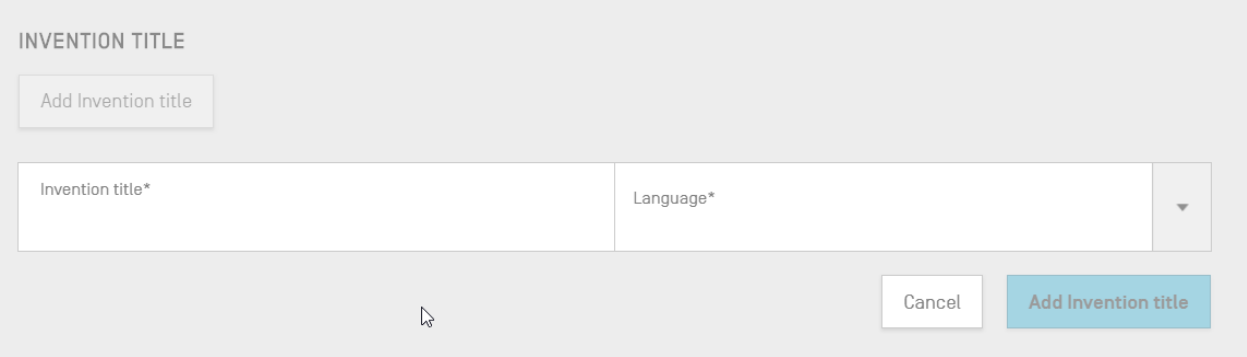


Abbildung 72 Bezeichung der Erfindung hinzufügen

2) In diesem Overlay muss der Benutzer die Bezeichnung der Erfindung eingeben und außerdem angeben, in welcher Sprache die Bezeichnung bereitgestellt wird.

3) Klicken Sie auf die blaue Schaltfläche "Add Invention title".

Gemäß WIPO ST.26 ist es für ein Sequenzprotokoll obligatorisch, dass die Bezeichnung der Erfindung in der Sprache der Einreichung angegeben wird. Ein Projekt kann jedoch optional auch mehr als eine Bezeichnung der Erfindung in zusätzlichen Sprachen enthalten, doch nur eine Bezeichnung der Erfindung pro Sprache. Jede neue Bezeichnung der Erfindung kann mittels der oben erwähnten Schritte hinzugefügt werden.

5.1.3 Sequenzen

Im Abschnitt "Sequences" (Sequenzen) der Ansicht Projektdetails gibt der Benutzer die technischen Informationen zu den Sequenzen selbst an.

Um eine Sequenz zu erstellen/zu importieren/einzufügen/neu zu ordnen, muss der Benutzer nach unten zum Abschnitt "Sequences" am unteren Rand der Ansicht Projektdetails scrollen. In den folgenden Unterabschnitten erhalten Sie weitere Informationen zu den Schritten, die zur Durchführung dieser Aktionen erforderlich sind.

5.1.3.1 Sequenz erstellen

1) Klicken Sie auf die Schaltfläche "Create new sequence" (Neue Sequenz erstellen) (siehe Abbildung 73).

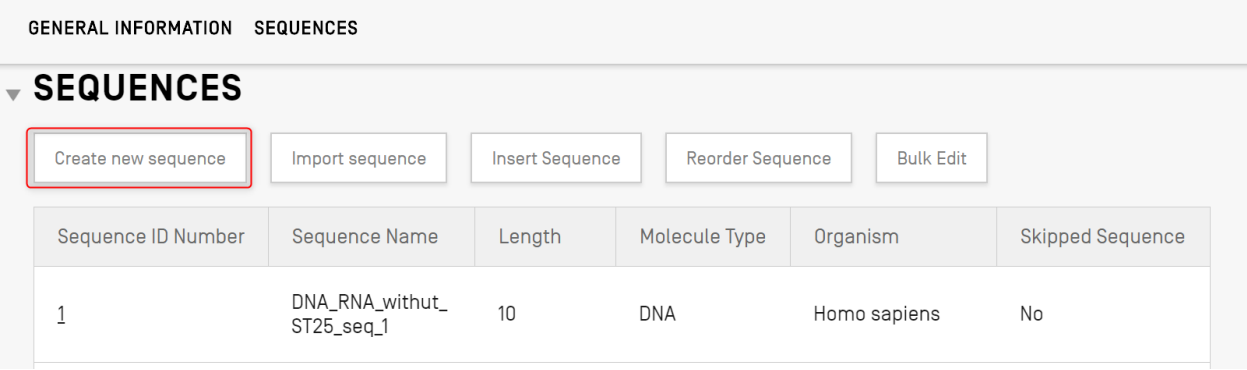


Abbildung 73 Neue Sequenz erstellen

Die restlichen Schritte sind in Abbildung 74 dargestellt:

2) Der Benutzer kann wahlweise einen Namen angeben, indem er einen Wert in das Feld "Sequence name" (Sequenzname) eingibt, um diese Sequenz leichter unterscheiden zu können. Bleibt das Feld leer, vergibt das Desktop-Tool für jede neue Sequenz einen Standardwert mit dem Standardnamen, beginnend mit "Seq" und einer darauf folgenden iterativ aufsteigenden Nummer ("Seq_1", "Seq_2", "Seq_3") (1).

Der Benutzer muss einen der drei in ST.26 zulässigen und in der Dropdown-Box angebotenen Molekültypen auswählen ("DNA", "RNA" & "AA") (2). Die Sequenz selbst muss in das Textfeld "Residues" (Reste)[3](3) eingegeben werden. Hinweis: Wenn der Benutzer eine Sequenz sowohl mit DNA- und RNA-Segmenten erstellen möchte, muss DNA als die Hauptmolekülart ausgewählt werden.

Der Benutzer muss auch einen Organismusnamen für die zu erstellende Sequenz auswählen, da dies ein Pflichtfeld ist. Dieser kann entweder aus einer Liste vordefinierter Organismen in der Desktop-Tooldatenbank oder einem der benutzerdefinierten Organismen ausgewählt werden, die vom Benutzer erstellt und lokal gespeichert wurden. Bei Eingabe des Namens des Organismus erscheint eine Dropdown-Liste mit Optionen aus beiden Quellen (4).

Der Benutzer kann den Organismus auch klassifizieren, indem er einen "Qualifier Molecule Type" [4] aus einer Dropdown-Box (5) auswählt, die Werte liefert, die je nach der zuvor ausgewählten Molekülart variieren.

Wenn “Mark as an intentionally skipped sequence” (Als absichtlich übersprungene Sequenz markieren) (6) aktiviert ist, werden im Bedienfeld "Sequence" alle Einschränkungen für die Angabe von Werten für Pflichtelemente aufgehoben und die resultierende gespeicherte Sequenz wird bei der Validierung des Projekts und der Erstellung eines Sequenzprotokolls ignoriert (der Wert für die Reste wird als "000" angegeben).

Wenn "The sequence contains both DNA & RNA segments" (die Sequenz enthält sowohl DNA- als auch RNA-Segmente) aktiviert ist (6), erweitert sich das Bedienfeld um Felder, die es dem Benutzer ermöglichen, jedes DNA- und RNA-Segment mit einem "misc_feature"-Merkmal zu beschreiben. Die Position jedes der definierten Segmente wird in einem anderen "misc_feature"-Merkmal (7) der Sequenz gespeichert, zusammen mit einem "note"-Qualifier innerhalb jedes "misc_feature" mit der Molekülart, gefolgt von dem "Further Text"-Textfeldwert in jedem "misc_feature". Ein Benutzer kann soviele dieser Merkmale wie nötig erstellen, indem er auf die Schaltfläche "Add new 'misc_feature'

[3] Siehe WIPO-Standard ST.26 - Anhang I, Abschnitte 1 & 3 für die Tabellen der gültigen Nukleotidsymbole & Aminosäurensymbole

[4] Siehe WIPO-Standard ST.26 – Anhang I, Abschnitte 6 & 8 für die Qualifier-Werte für den "mol type"-Eintrag unter der Nukleotide- bzw. Aminosäurentabelle

feature" (Neues 'misc_feature'-Merkmal hinzufügen) klickt. Dies muss für alle Segmente in der gesamten Sequenz erfolgen: sowohl für DNA- **als auch** für RNA-Segmente.

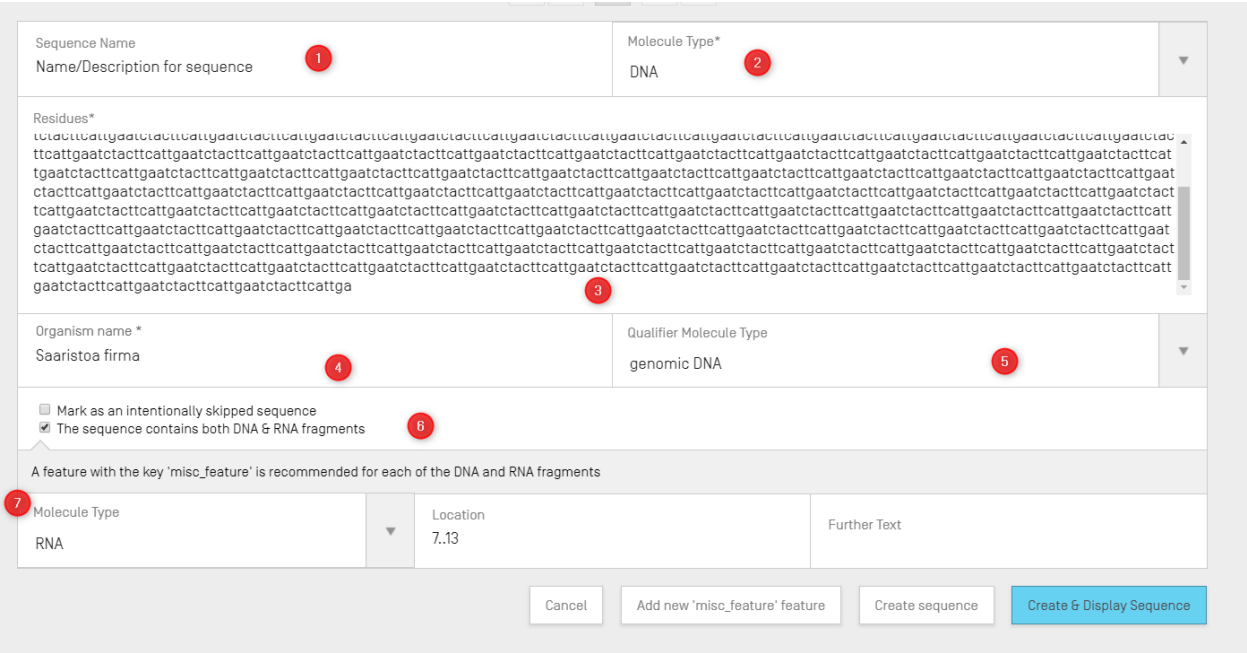


Abbildung 74 Neue Sequenz erstellen (Bedienfeld)

3) Zum Abschluss kann der Benutzer auf die graue Schaltfläche "Create sequence" (Sequenz erstellen) oder auf die blaue Schaltfläche "Create & Display Sequence" (Sequenz erstellen und anzeigen) klicken.

   Durch Klicken auf die blaue Schaltfläche "Create & Display sequence" wird eine zusammenklappbare Sequenzanzeige geöffnet, die nach der Erstellung der Sequenz unter dem Abschnitt "Sequences" in der Ansicht Projektdetails geöffnet wird, damit der Benutzer die Werte überprüfen kann.

Die neu erstellte Sequenz befindet sich an der letzten Position in der Liste der Sequenzen mit der nächsten verfügbaren Sequenz-ID-Nummer.

(Einzelheiten zur Neuanordnung der Sequenzliste finden Sie in Abschnitt **5.1.3.4**)

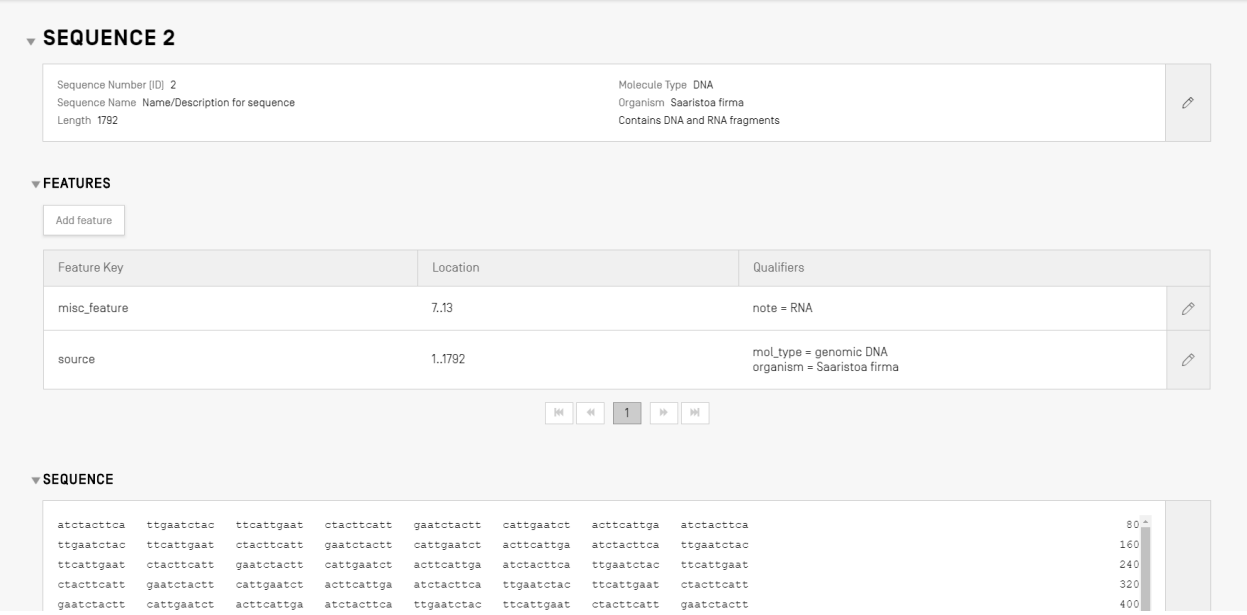


Abbildung 75: Sequenz anzeigen

5.1.3.2 Sequenz importieren

Sequenzen können auch direkt aus Dateien in ein Projekt importiert werden. Die akzeptierten Dateiformate[5] sind **RAW, multi-sequence, FASTA, ST.26 und ST.25.** Bei Auswahl erkennt das Desktop-Tool automatisch das in der Datei verwendete Format.

1) Klicken Sie auf "Import sequence" (Sequenz importieren), wie in Abbildung 76 markiert.

[5] Siehe Abschnitt Dateiformate dieses Dokuments (Abschnitt 6)

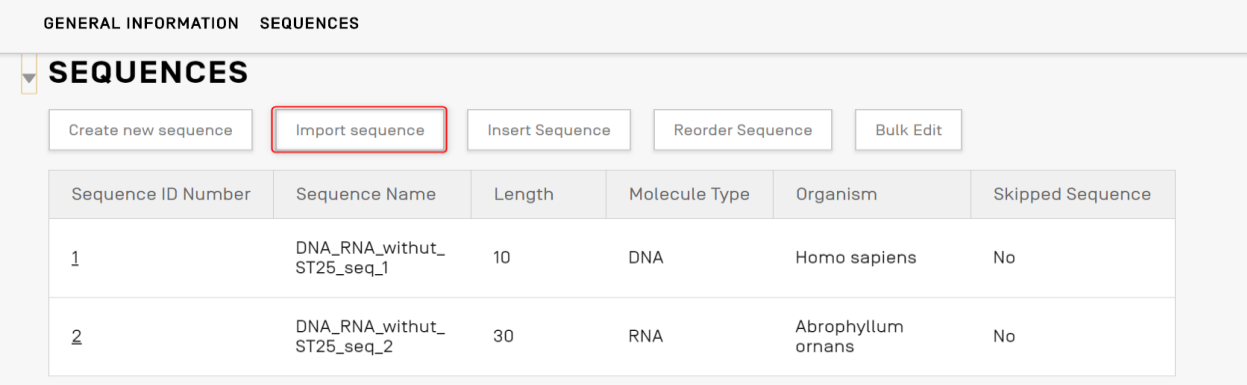


Abbildung 76 Sequenz importieren

2) Klicken Sie auf "Upload file [.txt, .xml]" (Datei [.txt, .xml] hochladen) (siehe Abbildung 77).

   Nach Öffnen des Dialogfelds wählen Sie die Datei mit den zu importierenden Sequenzdaten aus. Das Desktop-Tool erkennt das verwendete Format und führt beim Import einige Validierungsprüfungen durch.

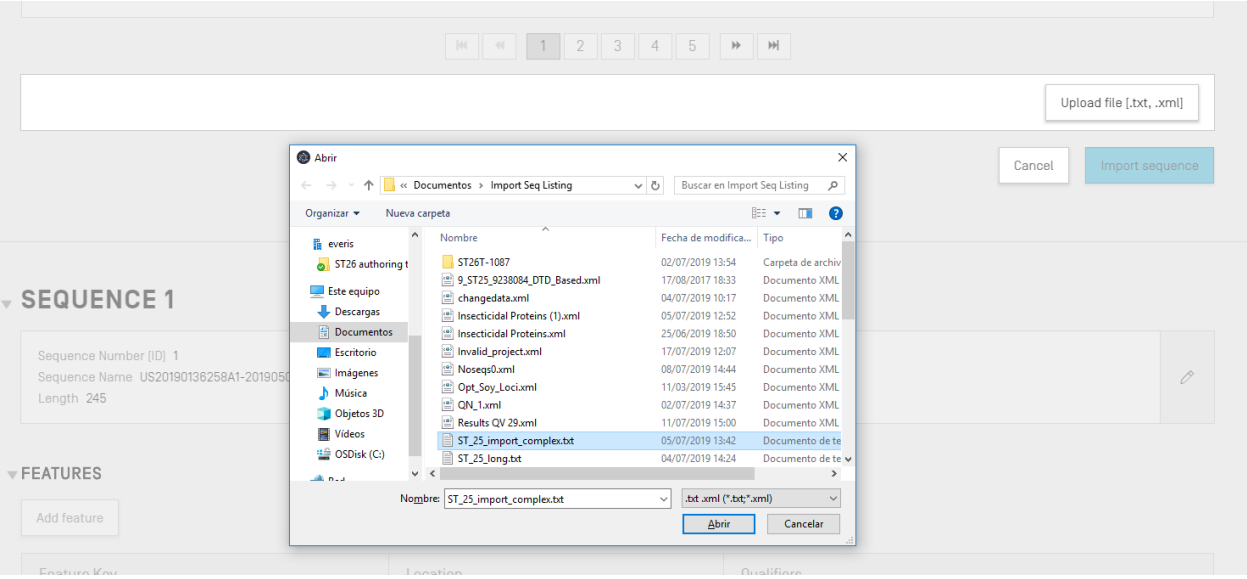


Abbildung 77 Sequenz importieren (Dialogfeld)

Fünf Formate werden vom Tool zum Importieren von Sequenzen akzeptiert: RAW, multi-sequence, FASTA, ST.26 und ST.25. Das Format, in dem diese Dateien bereitgestellt werden müssen, wird in Abschnitt 6 dieses Dokuments beschrieben.

Bei Auswahl einer Datei, die im ST.25- oder ST.26-Format vorliegt (siehe Abbildung 78), wird zunächst das Kontrollkästchen "Select Range Sequences" (Sequenzbereich auswählen) (1) angezeigt. Wird dieses Kästchen aktiviert, öffnet sich eine Tabelle (2) mit den Sequenz-ID-Nummern jeder einzelnen Sequenz in der Datei und der Reihenfolge, in der sie an die Liste der Sequenzen im Projekt angehängt werden.

Wenn der Benutzer nicht alle Sequenzen in das Projekt importieren möchte, kann er den gewünschten Bereich von Sequenz-ID-Nummern angeben (3).

Es kann sowohl eine einzelne Sequenz, als auch eine Liste von durch Kommas getrennten Sequenzen oder ein Sequenzbereich in der Form `x-y` eingegeben werden.

Zum Beispiel: “1, 3, 7, 13-20, 30-50”.

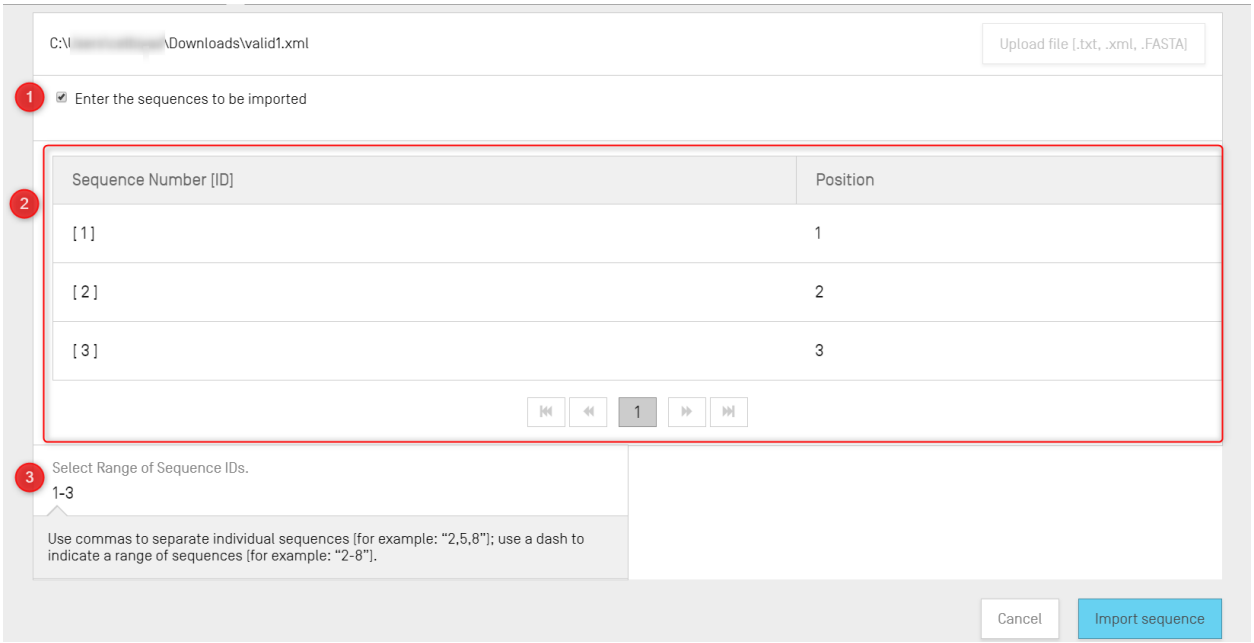


Abbildung 78 Sequenz importieren, ST.25- / ST.26-Format

Beim Importieren einer Datei im Multi-sequence-Format (siehe Abschnitt **6.1** für Informationen zu diesem Format und Abbildung 79) wird dem Benutzer das Kontrollkästchen "Select Range Sequences" (Sequenzbereich auswählen) (1) angezeigt, das bei Aktivierung eine Vorschautabelle mit den Sequenz-ID-Nummern der entsprechenden Sequenzen in der Datei sowie die Details jeder Sequenz in der Spalte "Detail" (2) mit Sequenznamen, Molekülart und Organismusnamen anzeigt.

Der Benutzer muss den Bereich der Sequenz-ID-Nummern auswählen, den er in die Liste der Sequenzen innerhalb des Projekts importieren möchte(3). Standardmäßig wird die Gesamtzahl der Sequenzen der ausgewählten Sequenzprotokolldatei als Bereich angezeigt.

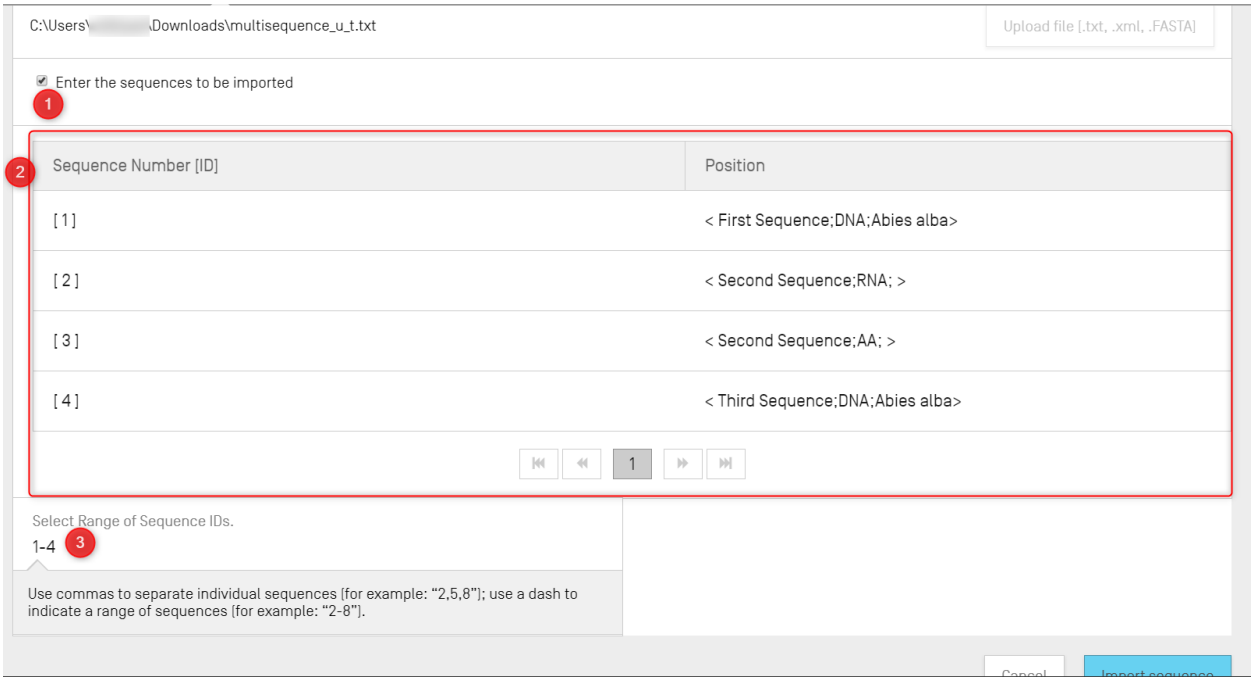


Abbildung 79 Sequenz importieren, Multi-Sequenz-Format

Die letzten beiden Formate, die vom Prozess des Sequenzimports akzeptiert werden, sind die Dateiformate RAW und FASTA (siehe Abschnitte **6.3 und 6.4**). Diese Formate definieren nur eine einzelne Sequenz pro Datei. Wird eine RAW-Datei für den Import ausgewählt, zeigt das Tool das Bearbeitungsbedienfeld wie in Abbildung 80 an, und wird eine FASTA-Datei importiert, zeigt es das Bearbeitungsbedienfeld wie in Abbildung 81 an. Der Benutzer sollte fortfahren und die Pflichtfelder ausfüllen.

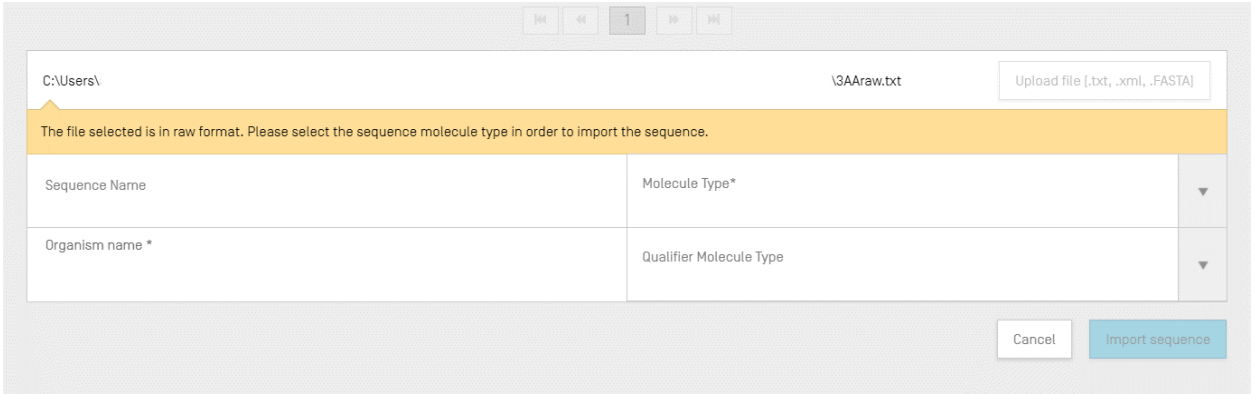


Abbildung 80 Sequenz importieren, RAW-Format

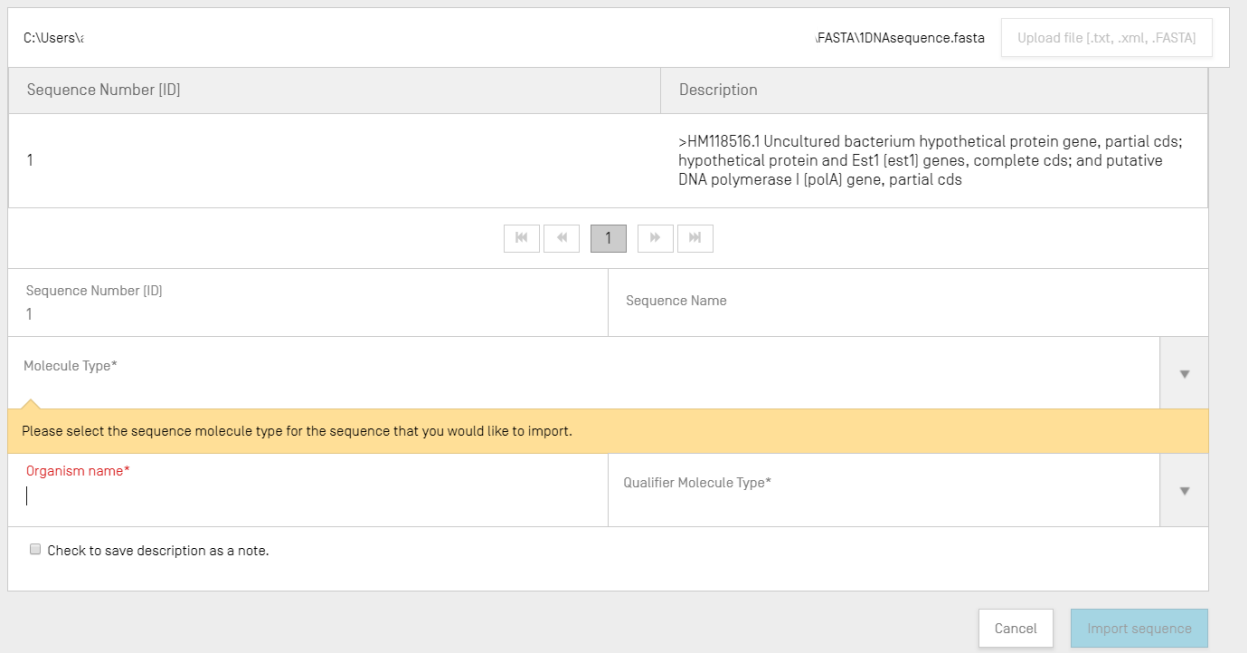


Abbildung 81 Sequenz importieren (FASTA-Format)

3) Zum Abschluss auf die blaue Schaltfläche "Import sequence" (Sequenz importieren) klicken.

Nach dem Import navigiert das Tool zur Ansicht "Import Report" (Importbericht), die in Abschnitt **5.4 beschrieben wird.**

5.1.3.3 Sequenz einfügen

Zum Einfügen einer Sequenz an eine bestimmte Position in der Liste der Sequenzen muss der Benutzer im Abschnitt "Sequences" oben auf "Insert Sequence" (Sequenz einfügen) klicken (wie in Abbildung 82 markiert).

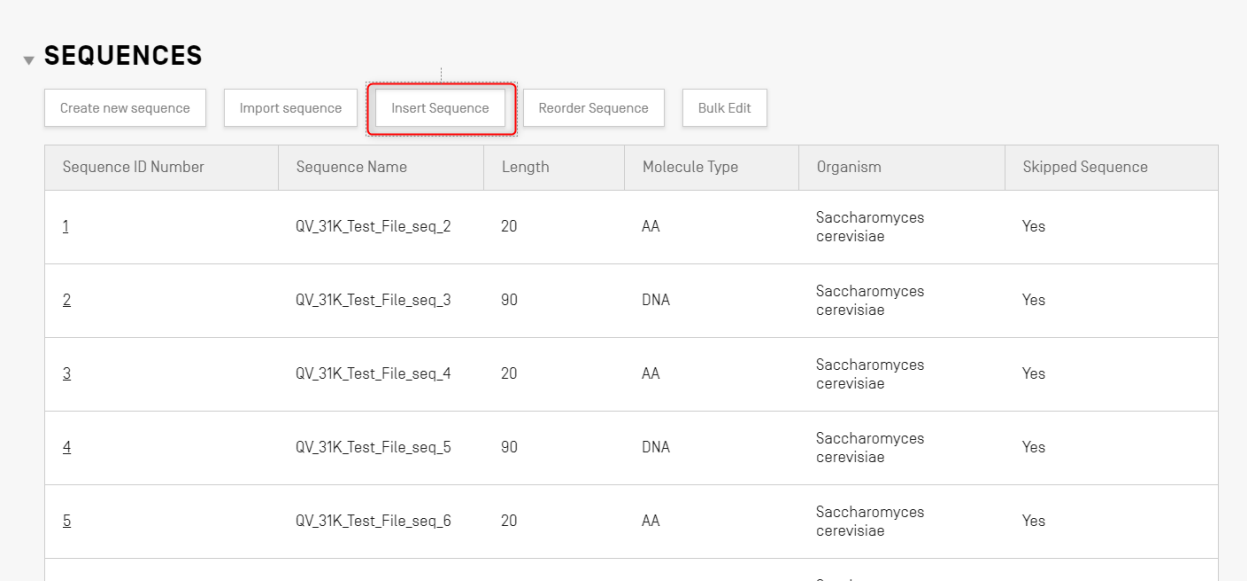


Abbildung 82 Sequenz einfügen

Ein Overlay mit einem Bedienfeld wird angezeigt (siehe Abbildung 83). Der Benutzer muss sämtliche für die Erstellung einer Sequenz erforderlichen Informationen eingeben (siehe Abschnitt 5.1.3.1). Zusätzlich muss er oben links im Bedienfeld die Position eingeben, an der die Sequenz in der Sequenzliste erscheinen soll (wie in Abbildung 83 markiert).

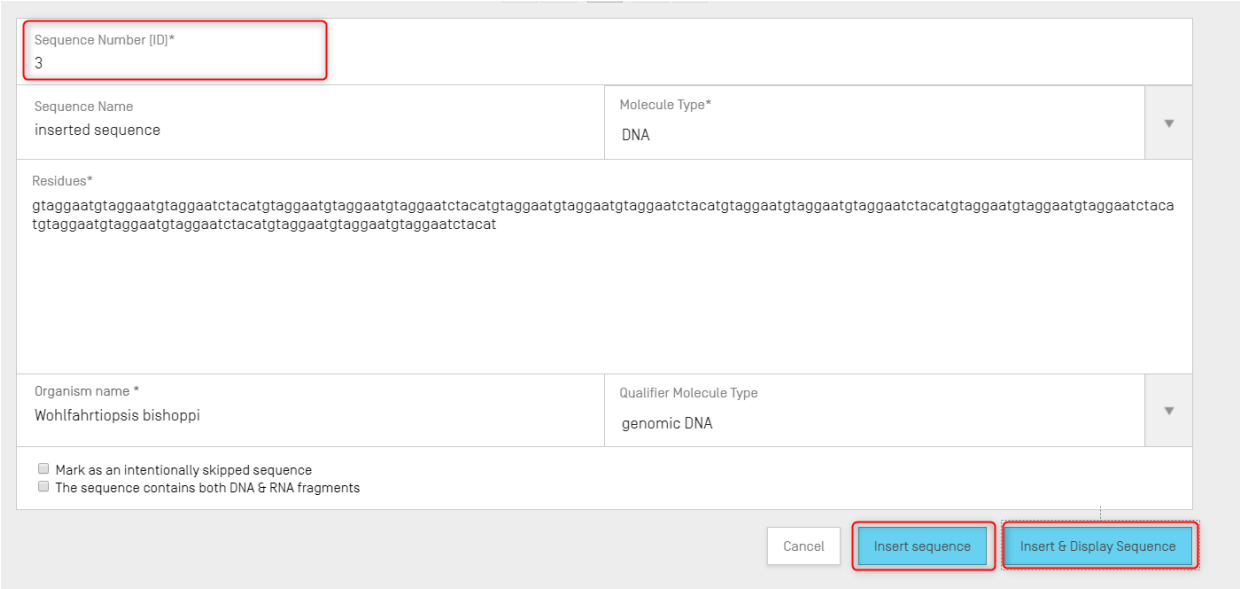


Abbildung 83 Sequenz einfügen (Bedienfeld)

Zum Abschluss kann der Benutzer auf die Schaltflächen "Insert sequence" (Sequenz einfügen) oder "Insert & Display Sequence" (Sequenz einfügen & anzeigen) klicken, wie in Abbildung 83 markiert.

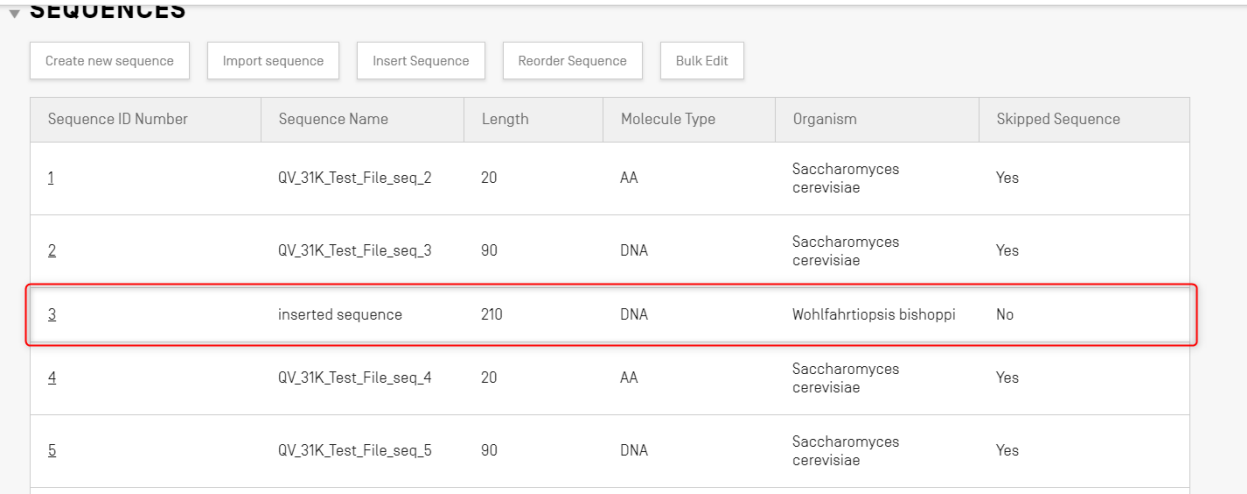


Abbildung 84 Sequenz eingefügt

Beim Klicken auf die blaue Schaltfläche "Insert & Display sequence" (Sequenz einfügen & anzeigen) öffnet sich nach dem Erstellen der Sequenz innerhalb der Ansicht Projektdetails eine ausklappbare Sequenztabelle unterhalb der Sequenzliste (siehe Abbildung 84).

5.1.3.4 Sequenz neu ordnen

Mit den folgenden Schritten kann der Benutzer eine Neuordnung vornehmen, d.h. die Reihenfolge der Sequenzen innerhalb der Liste der in einem Projekt bereitgestellten Sequenzen festlegen. Die Änderung der Sequenzreihenfolge ist in Abbildung 85 (Start) bis Abbildung 87 (Ergebnis) dargestellt.

1) Klicken Sie auf "Reorder Sequence" (Sequenz neu ordnen) (siehe Abbildung 85).

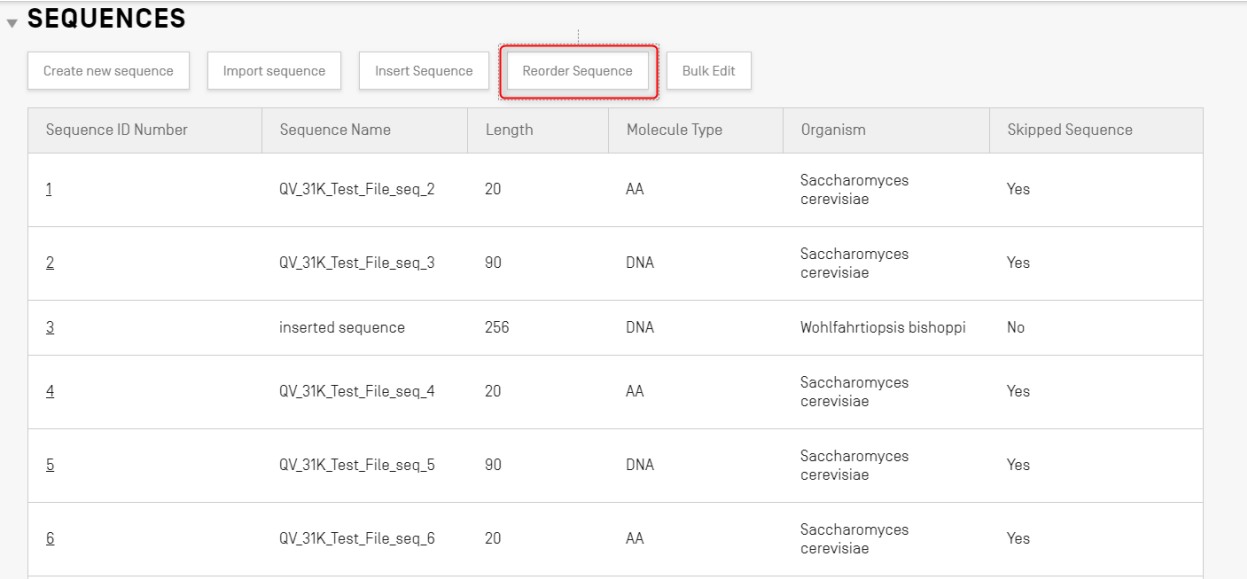


Abbildung 85 Sequenz neu ordnen

2) Wählen Sie die zu bewegende(n) Sequenz(en) und die Position aus, an der sie in Bezug auf die aktuelle Reihenfolge der Sequenzliste platziert werden soll(en) (siehe Abbildung 86).

Abbildung 86 Sequenz neu ordnen (Bedienfeld)

3) Die Sequenz erscheint in Abbildung 87 nun an zweiter Stelle.

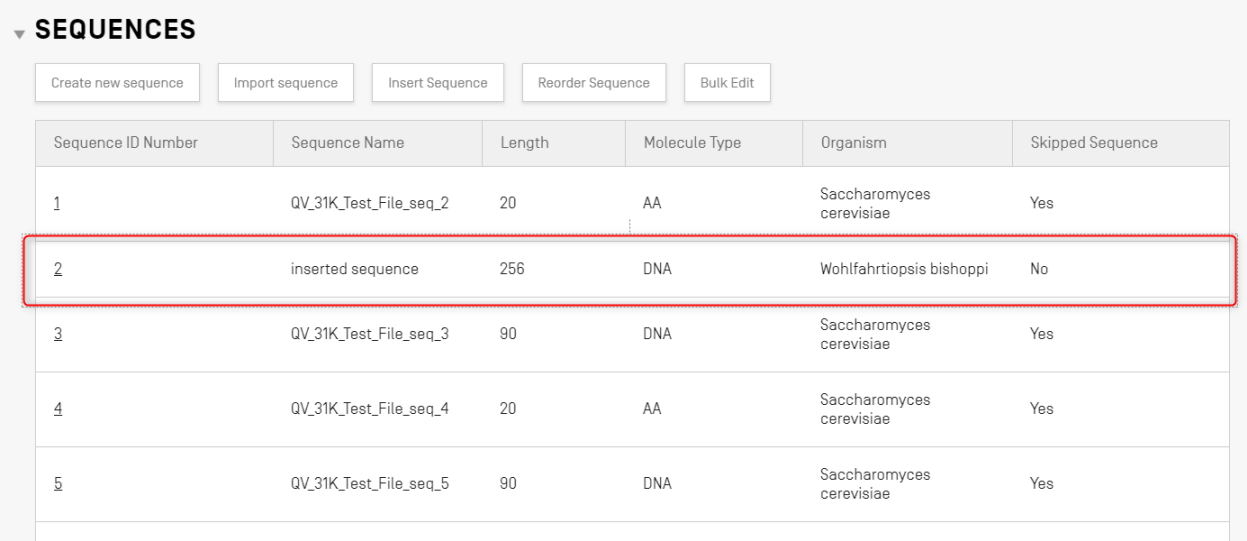


Abbildung 87 Neu geordnete Sequenz

5.1.3.5 Bulk-Bearbeitung

Der Benutzer kann "Bulk Edit" (Mengenbearbeitung) verwenden, wenn Änderungen an mehreren Sequenzen vorgenommen werden müssen. Sie können zwar Sequenzen einzeln bearbeiten, dies wäre jedoch für Projekte mit einer großen Anzahl von Sequenzen nicht machbar.

1) Klicken Sie auf "Bulk edit“ (Mengenbearbeitung) (siehe Abbildung unten):

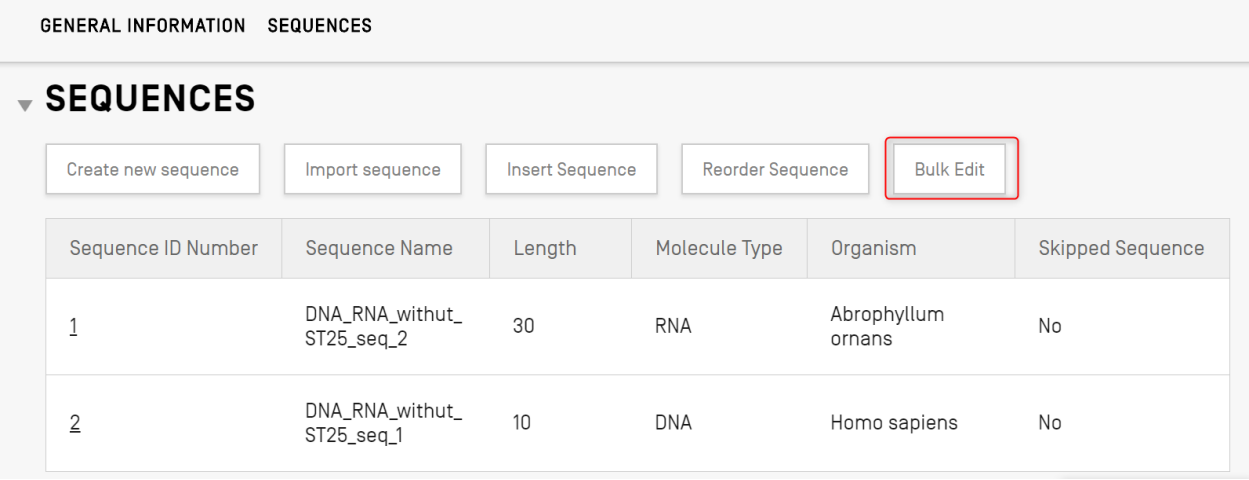


Abbildung 88 Mengenbearbeitung (Bulk edit)

2) Wählen Sie “Type of bulk edit” (Art der Mengenbearbeitung) als "Qualifier molecule type", "Organism" oder "Feature":

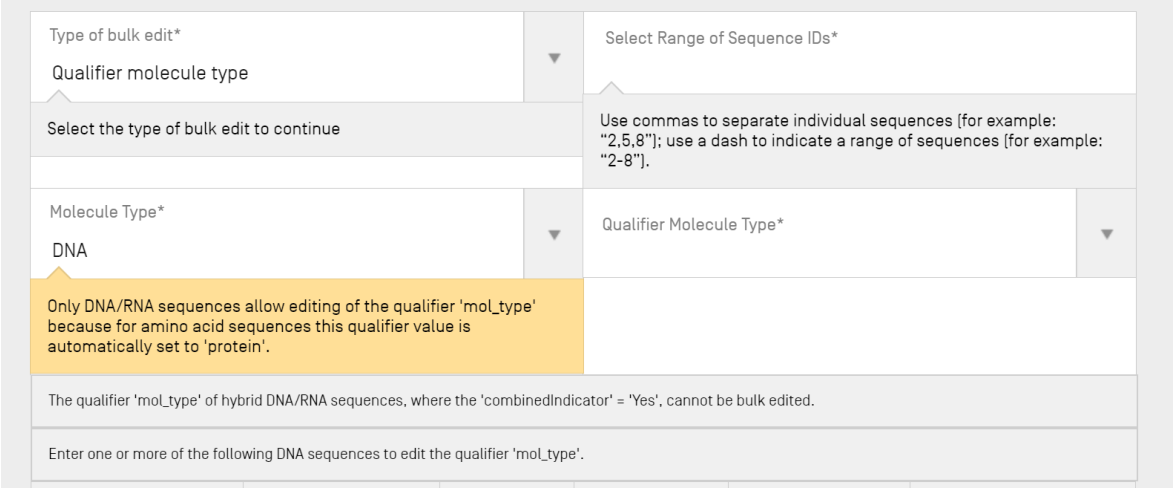


Abbildung 89 Art der Mengenbearbeitung

Wie in Abbildung 89 zu sehen ist, informiert das System den Benutzer darüber, dass NUR bei Nucleidsäuresequenzen der Wert des Qualifiers "mol_type" bearbeitet werden kann (da der gleiche Wert für die Aminosäuresequenzen vom System automatisch auf "protein" gesetzt wird).

3) Nach Auswahl der Molekülart fordert das System den Benutzer auf, die Art der Nucleidsäuresequenzen auszuwählen, auf die die Mengenbearbeitung angewendet werden soll.

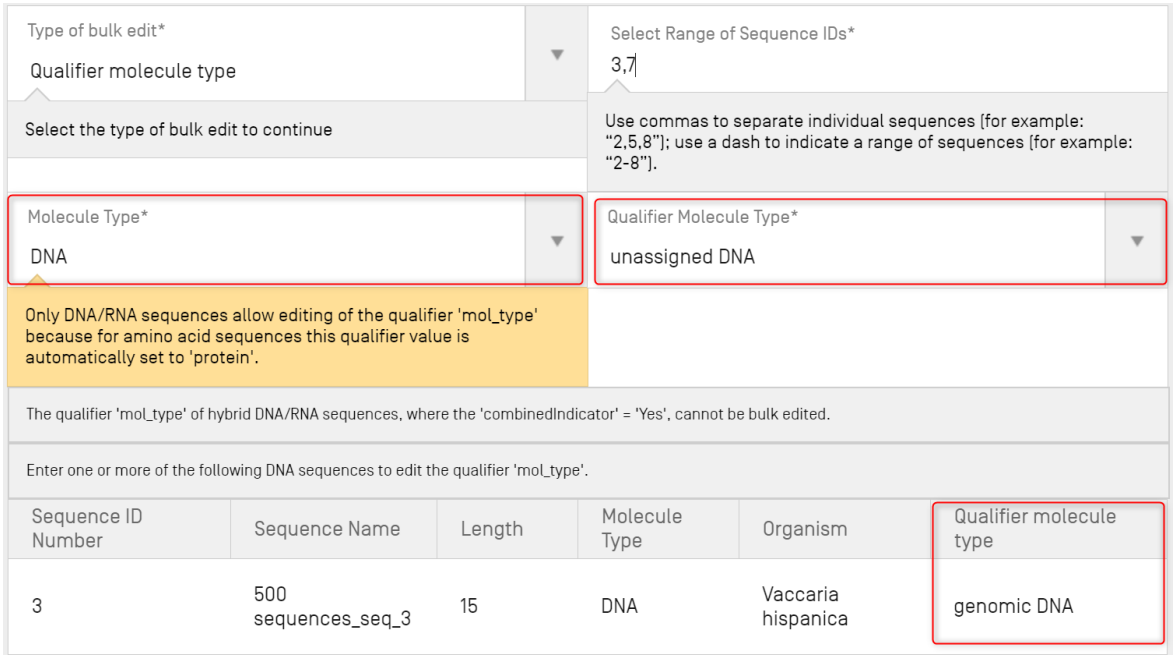


Abbildung 90 Molekülart-Qualifier aktualisieren

Wie in Abbildung 90 dargestellt, warnt das System auch davor, dass der Qualifier "mol_type" für Sequenzen, in denen organism = "synthetic sequence" ist, "other DNA" oder "other RNA" sein muss. Wenn der Benutzer diese Werte ändert, wird bei der Projektvalidierung ein Fehler generiert.

4) Das System zeigt zur Auswahl die Liste der Sequenzen an, die in großen Mengen bearbeitet werden soll.

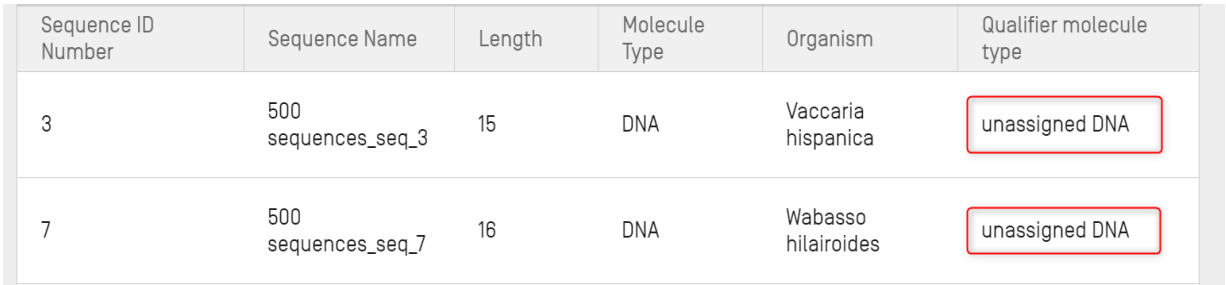


Abbildung 91 Aktualisierter Molekülart-Qualifier

Wenn die Art der Mengenbearbeitung "Organism" ist:

1) Wählen Sie unter “Type of bulk edit” (Art der Mengenbearbeitung) "Organism" (1). Der Benutzer muss den Bereich der zu bearbeitenden Sequenz-IDs eingeben (2). Hat der Benutzer entschieden, den Wert von "Organism" durch "synthetic construct" zu modifizieren, teilt ihm das

System mit, dass der Qualifier "molecule type" je nach Molekülart automatisch in "other DNA" oder "other RNA" geändert wird (3).

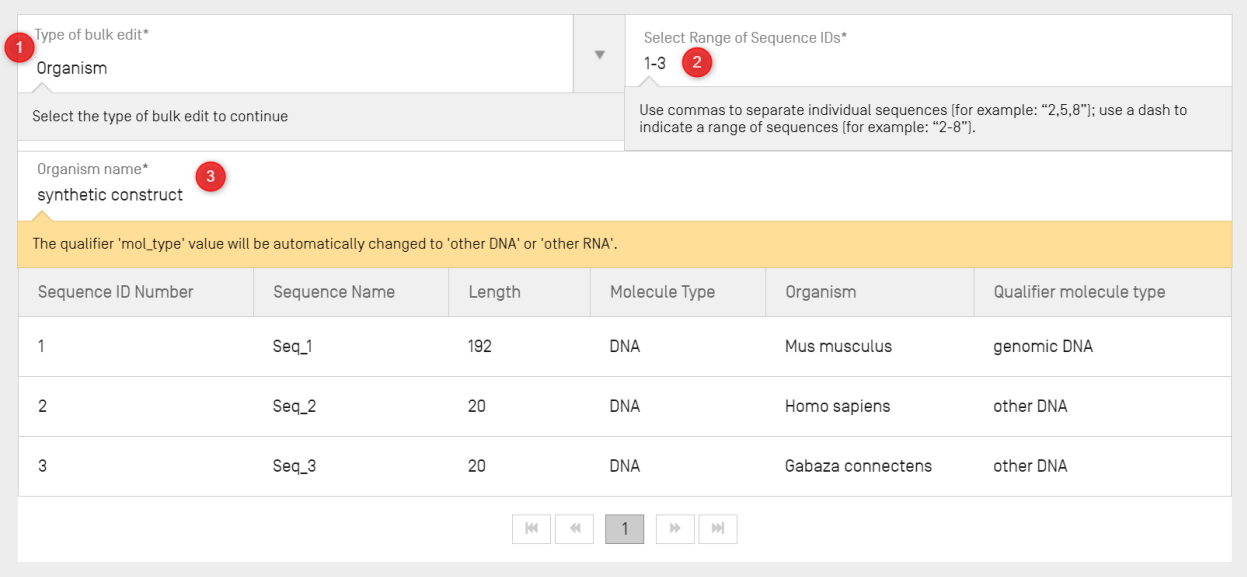


Abbildung 92 Mengenbearbeitung - Organism

Wenn die Art der Mengenbearbeitung "Feature" ist:

1) Wählen Sie unter “Type of bulk edit” (Art der Mengenbearbeitung) "Feature" (1). Der Benutzer muss den Bereich der zu bearbeitenden Sequenz-IDs (2) und die Molekülart (3) eingeben. Hat der Benutzer entschieden, den Wert der "feature location" durch "complement(join(1..30,61.. 90))“ zu modifizieren, aktualisiert das Tool alle vorhandenen CDS-Merkmale für Sequenz 2 und 3 um den angegebenen Wert.

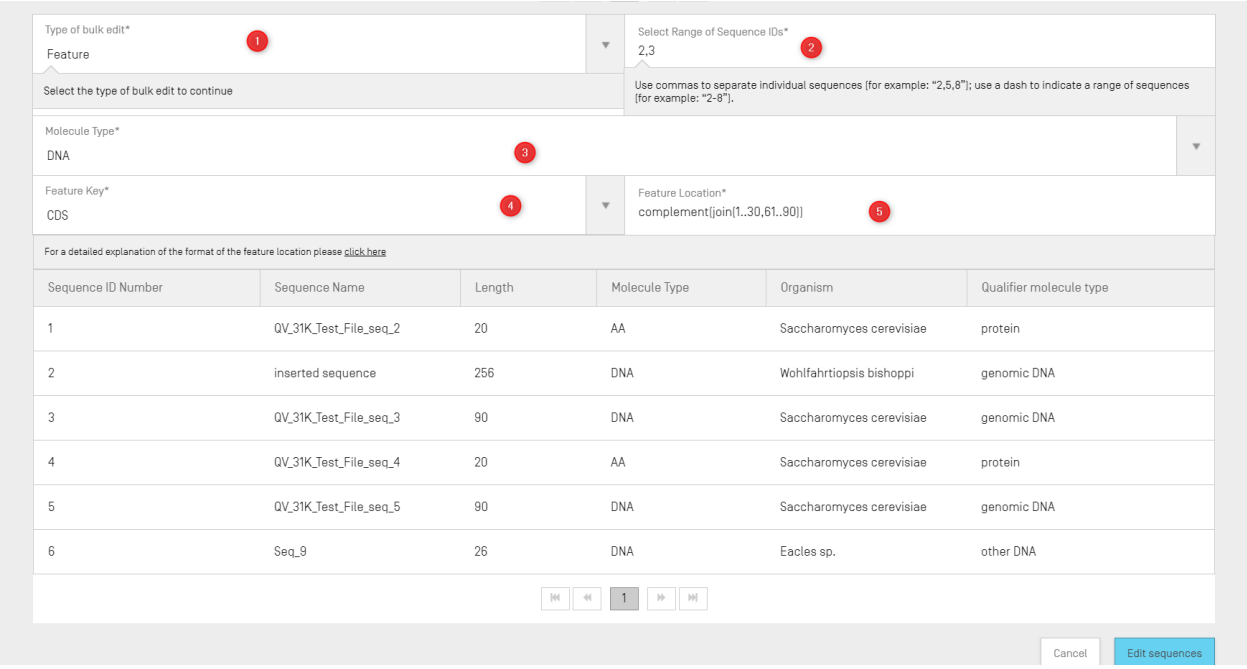


Abbildung 93 Mengenbearbeitung - Feature

5.1.3.6 *Sequenz bearbeiten*

Zur Bearbeitung einer Sequenz muss der Benutzer auf die Sequenz-ID-Nummer der entsprechenden zu ändernden Sequenz klicken, wie in Abbildung 94 markiert (Sequence ID "1").

Hinweis:

Alle Sequenzprotokolle, die dem WIPO-Standard-ST.26 entsprechen, müssen mit SEQ-ID #1 beginnen und bis zur Sequenzlänge fortlaufend nummeriert sein.

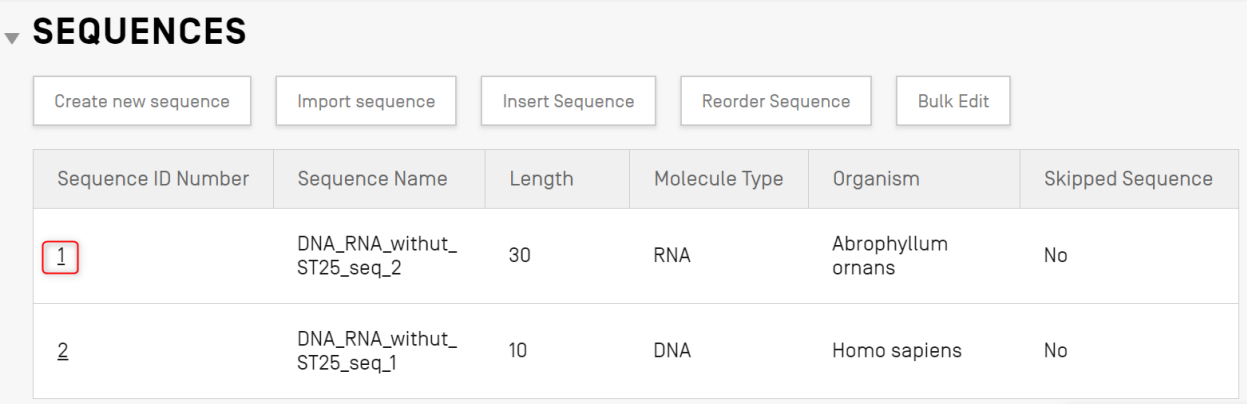


Abbildung 94 Sequenz bearbeiten

Dadurch wird ein neuer Abschnitt in der Ansicht Projektdetails unterhalb des Abschnitts "Sequences" geöffnet (siehe Abbildung 95).

Dieser Abschnitt "Sequence" besteht aus dem Bearbeitungsbedienfeld "Basic Information" (Basisinformationen) (1), der Tabelle der “Features” (Merkmaltabelle) (2) und dem Bearbeitungsbedienfeld “Sequence”-Reste (3).

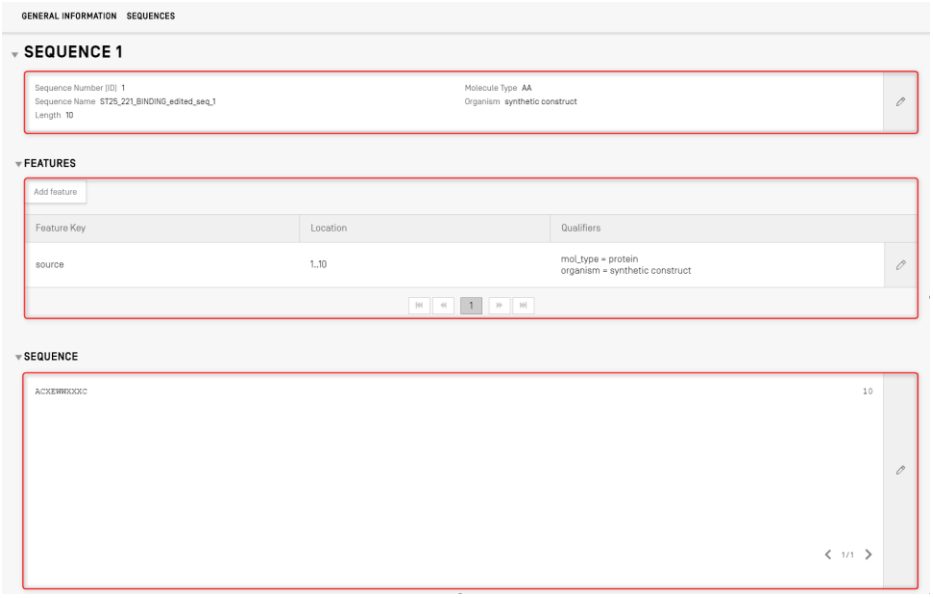


Abbildung 95 Sequenz bearbeiten - Sequenz anzeigen

5.1.3.7 Merkmale

Gemäß WIPO ST.26 MUSS jede Sequenz mindestens ein Merkmal haben, das mit ihr verknüpft ist: "source", je nach Molekülart. Jedes "source"-Merkmal muss zwei obligatorische Qualifier aufweisen: "organism" und "mol_type".

Die Merkmaltabelle umfasst drei Spalten: Merkmalschlüssel, Lage des Merkmals innerhalb der genetischen Sequenz und die mit einem einzelnen Sequenzmerkmal verknüpften Qualifier.

Die Merkmallage gibt an, in welchem Segment der Sequenz das Merkmal vorhanden ist. Die zulässigen Formate zum Festlegen der Merkmal;age sind in WIPO ST.26 beschrieben und sind wie folgt:

- Einzelne Restenummer: *x*
- Restenummern, die ein Sequenzintervall begrenzen: *x..y*
- Reste vor der ersten oder nach der letzten angegebenen Restezahl: *< x, >x, <x..y, x..>y, <x..>y*
- Eine Stelle zwischen zwei benachbarten Nukleotiden: *x^y*
- Restenummern, die durch eine ketteninterne Quervernetzung zusammengeführt werden: *x..y*

Lage-**Operatoren** können verwendet werden, um komplexe Lagebeschreibungen zu bilden:

- "**join** (location, location, … location)": Die Lagen werden zu einer zusammenhängenden Sequenz verbunden (von einem Ende zum anderen).
- "**order** (location, location, ... location)": Die Elemente werden in der angegebenen Reihenfolge gefunden, aber es wird nichts darüber ausgesagt, ob das Verbinden dieser Elemente sinnvoll ist.
- "**complement** (location)": Zeigt an, dass sich das Merkmal auf dem Strang befindet, der komplementär zu dem durch den Lagedeskriptor angegebenen Sequenzintervall ist, wenn es in 5'- zu 3'-Richtung oder in der Richtung gelesen wird, die die 5'- zu 3'-Richtung nachahmt.

Um der Sequenz ein neues Merkmal hinzuzufügen, klicken Sie im Abschnitt "Features" (Merkmale) der ausgewählten Sequenz auf "Add feature" (Merkmal hinzufügen) (unten in Abbildung 96 markiert).

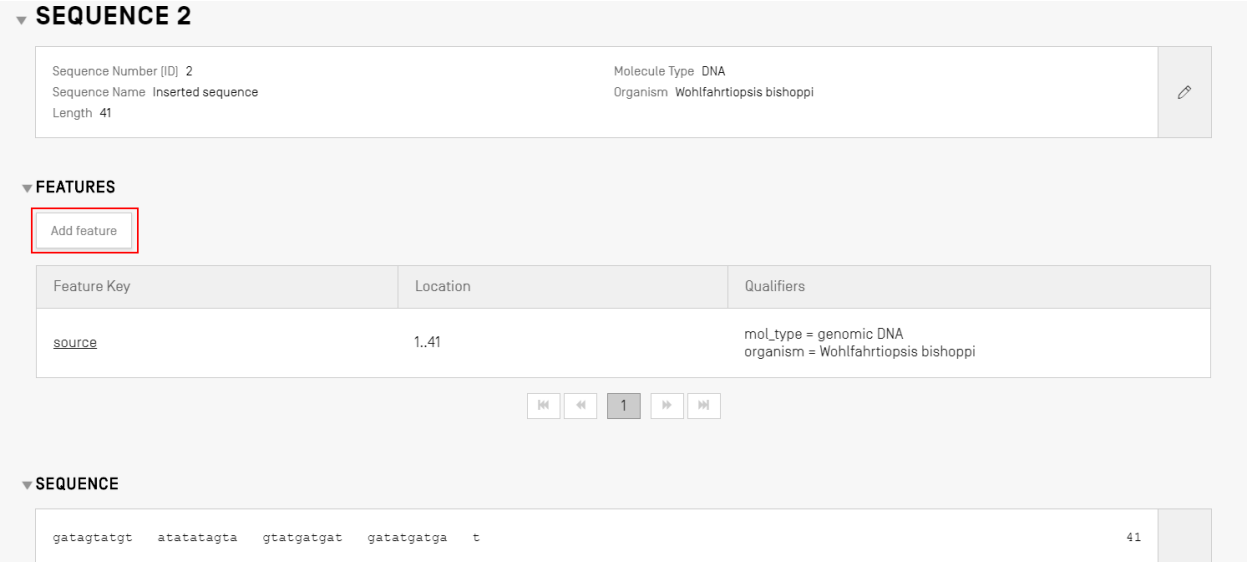


Abbildung 96 Merkmal hinzufügen

Wählen Sie als Nächstes in dem sich öffnenden Overlay (siehe Abbildung 97) einen Eintrag für den Merkmalschlüssel [6] aus der Dropdown-Liste aus und geben Sie die Merkmallage innerhalb der Sequenz an, für die das Merkmal gilt.

[6] Siehe WIPO-Standard ST.26 – Anhang I, Abschnitte 5 & 7 für Tabellen der Merkmalschlüssel für Nukleotide und Aminosäuren

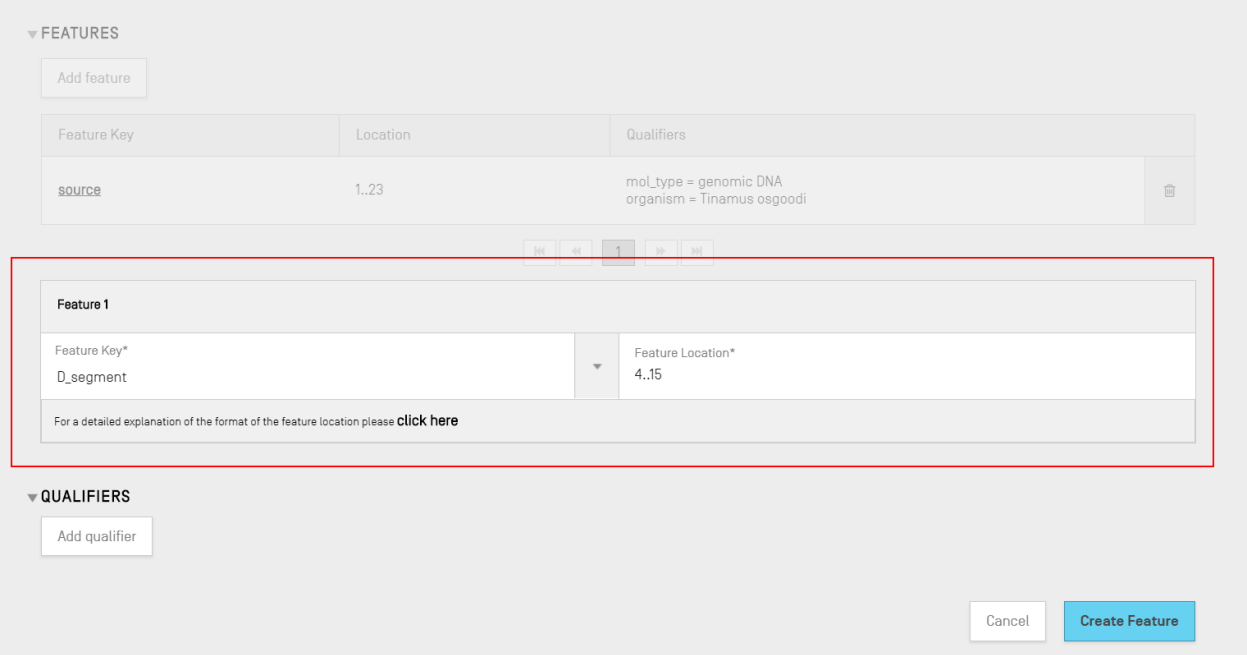
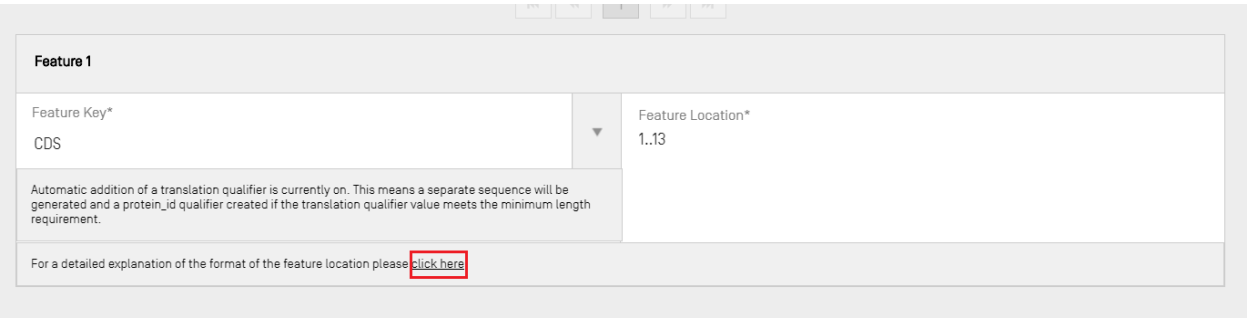


Abbildung 97 Merkmal hinzufügen - Overlay

Qualifier können in dieser Phase ebenfalls dem Merkmal hinzugefügt werden, werden aber im nächsten Abschnitt beschrieben (Abschnitt 5.3).



Ein Link wurde hinzugefügt, um eine detaillierte Erklärung des Formats der Merkmallage zu haben. Der Link befindet sich am Ende des Satzes unter "click here". Der Link ist in Abbildung 98 unterstrichen, um die Identifizierung zu erleichtern.Abbildung 98

Abbildung 98: Link zur Merkmallage

Klicken Sie zum Abschluss auf die blaue Schaltfläche "Create Feature" (Merkmal erstellen) (siehe Abbildung 97).

5.1.3.7.1 CDS-Merkmale

Die CDS-Merkmalsart wird verwendet, um die Codierungssequenz für ein Protein zu beschreiben[7]. Ein CDS-Merkmal kann optional die Aminosäuretranslation des Segments der Sequenz enthalten, zu der es gehört, und wenn dies erfüllt ist, wird die erforderliche Mindestlänge als eine separate Sequenz innerhalb des Projekts angezeigt. Innerhalb des CDS-Merkmals der Originalsequenz ist eine Referenz zu der Sequenz-ID der translatierten Aminosäuresequenz im Qualifier "protein_id" angegeben.

Beim Erstellen eines "CDS"-Merkmals für eine Sequenz kann der Qualifier "translation" (mit dem Standardwert 1 – "Standard Code" des genetischen Codes) automatisch zum CDS-Merkmal mit einem Qualifier-Wert, der dem translatierten Resteanteil der Sequenz entspricht (wie durch die Merkmallage angegeben), hinzugefügt werden. Eine zugehörige "protein-ID" und eine separate Aminosäuresequenz können auch generiert werden, indem das Kontrollkästchen in den Basisinformationen oben auf der Seite Projektdetails aktiviert wird (siehe Abbildung 102). Dieser Qualifier ist jedoch nicht obligatorisch und kann nach der Generierung gelöscht werden. Der Benutzer kann auch manuell die Qualifier "translation" und "protein_id" erstellen, der auf die zugehörige translatierte Sequenz-ID verweist, die ebenfalls vom Benutzer erstellt wurde.

Hinweis:

In der Version 2.1.0 ist das Kontrollkästchen "Automatically add a translation qualifier" (Automatische Hinzufügung eines Translation-Qualifiers) standardmäßig aktiviert.

Automatische CDS-Merkmalerstellung

Die automatische Erstellung eines CDS-Merkmal-Qualifiers umfasst die folgenden Schritte:

1) Klicken Sie in der jeweiligen Sequenzanzeige auf die Schaltfläche "Add feature" (Merkmal hinzufügen) und wählen Sie "CDS" als Merkmalschlüssel aus. Wenn das Kontrollkästchen "Automatically add a translation qualifier..." (Automatisch einen "translation"-Qualifier hinzufügen...) in "Basic Information" aktiviert ist, wird automatisch ein "translation"-Qualifier, sein Wert und ein "protein_id"-Qualifier sowie die zugehörige separate

[7] https://www.ddbj.nig.ac.jp/ddbj/cds-e.html

Aminosäuresequenz (falls zutreffend) hinzugefügt, wenn ein CDS-Merkmal zu einer Nukleotidsequenz hinzugefügt wird.

2) Der Benutzer hat auch die Möglichkeit, einen "translation"-Qualifier manuell zu erstellen.

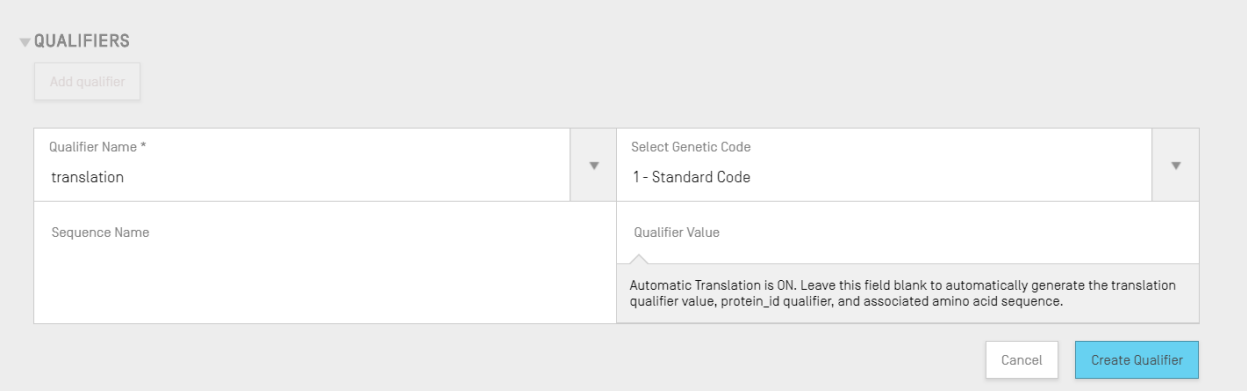


Abbildung 99 Qualifier "translation" erstellen

3) Hat der Benutzer die Bearbeitung des Merkmals und der zugehörigen Qualifier abgeschlossen, muss er auf "Create Feature" (Merkmal erstellen) klicken, um es zu speichern. Ein resultierendes CDS-Merkmal ist in Abbildung 100 dargestellt.

Abbildung 100 CDS-Merkmal

Das Tool ***erstellt dann eine neue Sequenz**** für das Projekt mit den folgenden Attributen:

- **Sequenz-ID-Nummer** = der nächste verfügbare Wert für die Sequenz-ID-Nummer
- **Länge** = Länge der translatierten Sequenz
- **Sequenzname** = der im Feld “Sequence Name” des Qualifiers "translation" angegebene Wert. Wenn kein Name angegeben wurde, wird der Standard-Sequenzname angegeben ("Seq_#").
- **Molekülart** = "AA"
- **Organismusname** = derselbe Wert, der für die Originalsequenz angegeben wurde
- **Molekülart-Qualifier** = “protein”

- **Sequenzreste** = translatierte Werte der Originalsequenz

Ein nach Abschluss dieses Vorgangs resultierendes Beispiel ist in Abbildung 101 dargestellt.

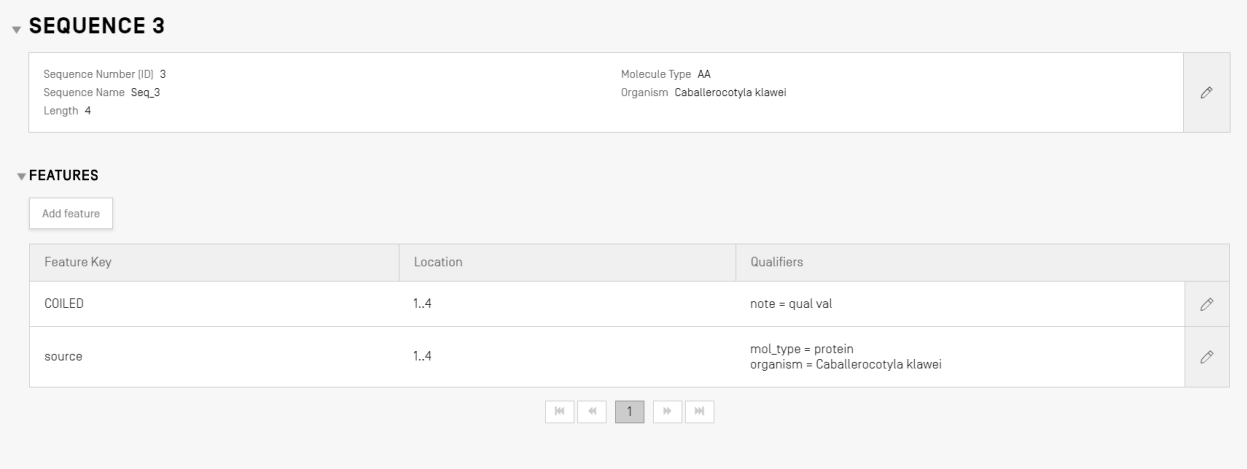


Abbildung 101 CDS-Merkmal - generierte Sequenz

Hinweis betreffend die Erstellung der translatierten Sequenz:

Die separate translatierte Sequenz wird nur erstellt, wenn sie über mindestens 4 spezifisch definierte Reste verfügt (z.B. AXTG-Zahlen zählt als 3 Zeichen).

Wenn bei der Modifizierung des Qualifiers "translation" der Qualifier-Wert weniger als 4 spezifisch definierte Reste enthält, wird die zugehörige Sequenztranslation entfernt, ebenso wie der Qualifier "protein_id".

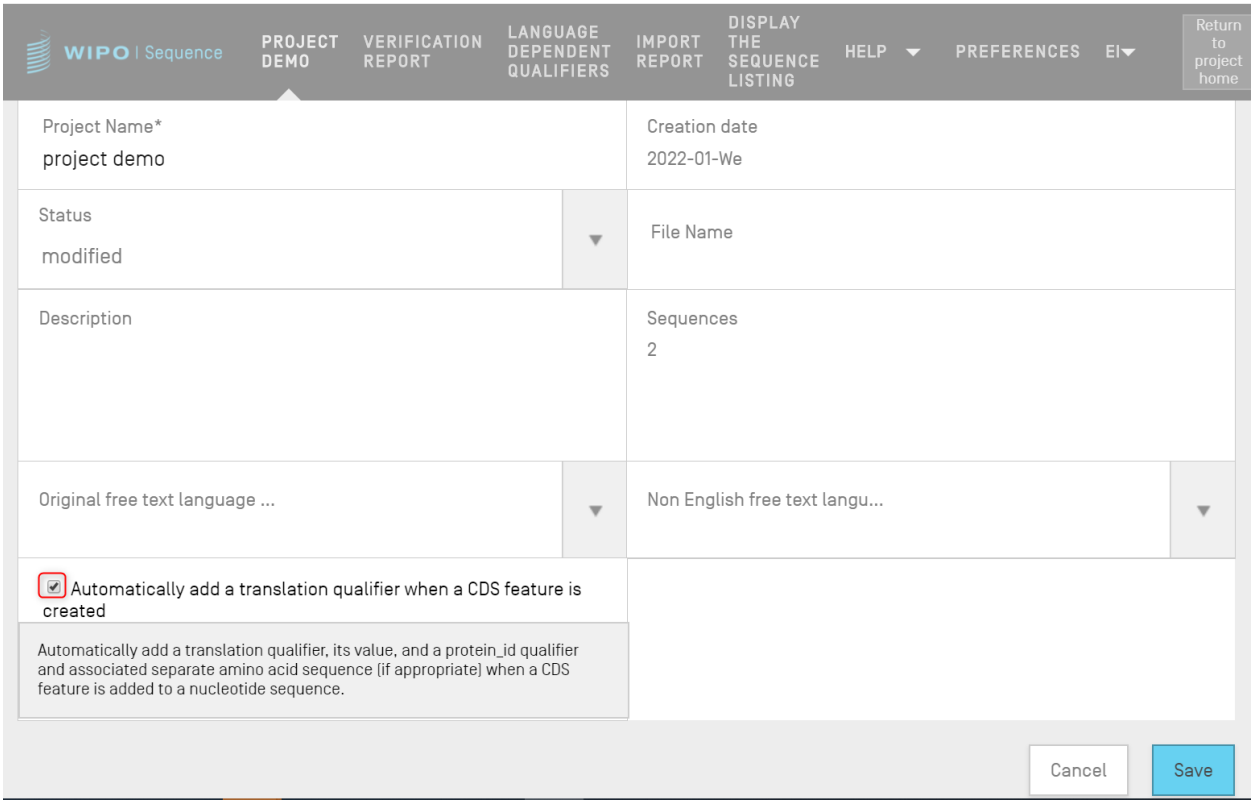


Abbildung 102: Automatische CDS-Translation: zur Aktivierung Kästchen anklicken

Hinweise zu CDS-Merkmalen bei der Aufnahme eines Qualifiers "pseudo" oder "pseudogen":

Stellen Sie sicher, dass die automatische Translation deaktiviert ist, wenn Sie einem CDS-Merkmal einen Qualifier "pseudo" oder "pseudogen" hinzufügen.

Wenn die automatische Translation nicht deaktiviert wird und ein Qualifier "Pseudo" oder "Pseudogen" wird einem CDS-Merkmal hinzugefügt, dann wird bei der Aktualisierung des CDS-Merkmals automatisch ein Qualifier "translation" hinzugefügt. Um diesen Fehler zu korrigieren, deaktivieren Sie die automatische Translation für das Projekt, öffnen Sie dann das CDS-Merkmal und löschen die Qualifier "translation" und "protein-id" und aktualisieren Sie dann das Merkmal.

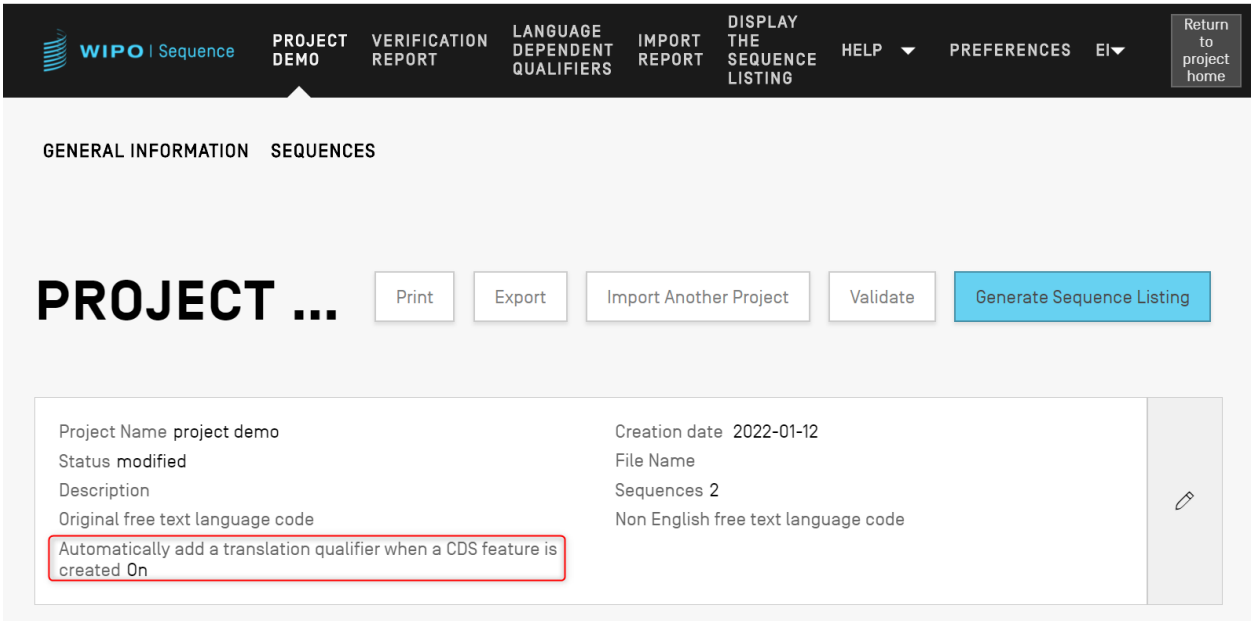


Abbildung 103 Automatische CDS-Translation ist aktiviert

Wenn der Benutzer den Translations-Qualifier automatisch generieren möchte, können der Wert der Translationstabelle und der Sequenzname im Bearbeitungsbedienfeld des Qualifiers eingestellt werden. Bei der Erstellung des Merkmals führt das Tool die Translation durch und fügt dann dem Merkmal einen "protein_id"-Qualifier sowie eine neue Sequenz mit dem Translationswert hinzu.

Die Translation wird nur dann ein weiteres Mal durchgeführt, wenn die Merkmallage oder einer der Qualifier "transl_table", "transl_except" oder "codon_start" seine Werte ändert. In diesem Fall wird die verknüpfte Sequenz aktualisiert.

***Hinweis**:*

Wenn der Translationswert geändert wird, wird der Wert der verknüpften Sequenz automatisch aktualisiert. Wird jedoch die verknüpfte Nukleotidsequenz modifiziert, ändert sich der Wert des Translations-Qualifiers nicht. Wird der "protein_id"-Qualifier nach der Erstellung modifiziert, verliert die verknüpfte Sequenz ihre Verknüpfung zur Originalsequenz.

Hinweise zur Verwendung des Stopp-Codons:

Normalerweise sollten Stopp-Codons nur am Ende eines CDS-Merkmals zu finden sein, um den Endpunkt der kodierten Aminosäuresequenz anzuzeigen. Sie sollten niemals in der Mitte eines CDS-Merkmals zu finden sein, außer es gibt einen Qualifier "transl_except", der angibt, dass das Stopp-Codon in eine bestimmte Aminosäure translatiert werden soll.

Wird ein Stopp-Codon in der Mitte eines CDS-Merkmals gefunden (unten in gelb hervorgehoben), und es gibt keinen Qualifier "transl_except", der angibt, dass das Stopp-Codon in eine bestimmte Aminosäure translatiert werden soll (siehe Abbildung 104), sollte das Tool die Translation an

dieser Stelle stoppen und ein rotes Banner mit der Information, dass keine Translation generiert wird, wird angezeigt.

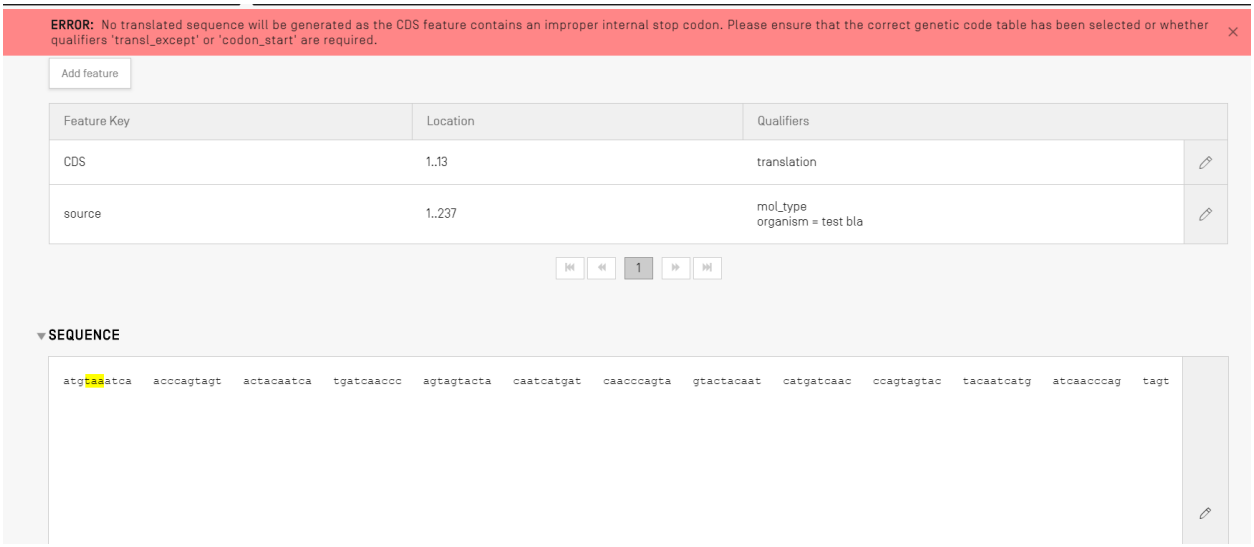


Abbildung 104 Das Kontrollkästchen für die automatische Translation ist aktiviert und die Sequenz enthält ein unzulässiges Stopp-Codon

Im Validierungsbericht sollte ein Fehler aufgeführt werden, um den Benutzer darauf hinzuweisen, dass es ein Problem mit seiner Kodierungssequenz gibt (siehe Abbildung 105).

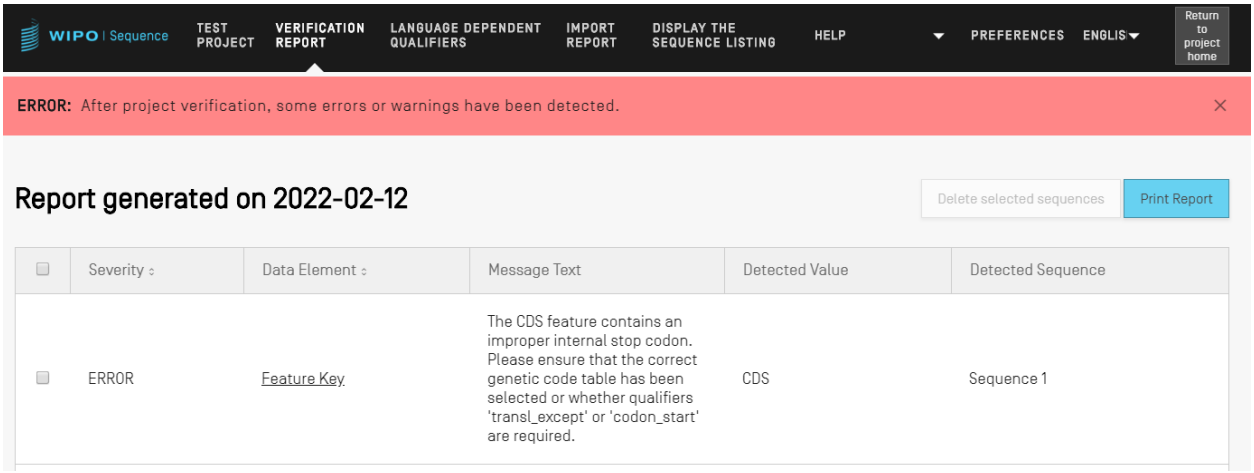


Abbildung 105 Sequenz enthält ein unzulässiges Stopp-Codon (Verifizierungsfehler)

5.1.3.8 Qualifier

Um die Qualifier für ein Merkmal anzuzeigen, muss der Benutzer zunächst das Merkmal aus der Merkmaltabelle der entsprechenden Sequenz auswählen. In dem in Abbildung 106 gezeigten Beispiel ist das Bleistiftsymbol für das Merkmal "source" hervorgehoben.

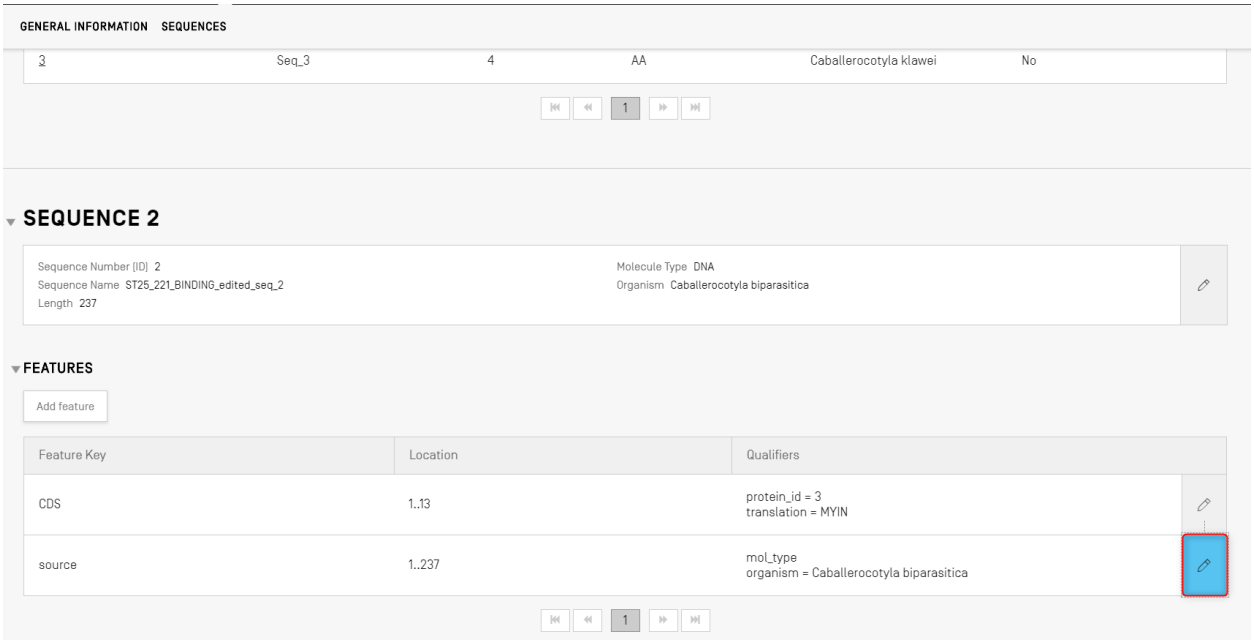


Abbildung 106 Ansicht Qualifier

Durch Klicken auf die Stiftschaltfläche öffnet sich das folgende Merkmal-Overlay (siehe Abbildung 107).

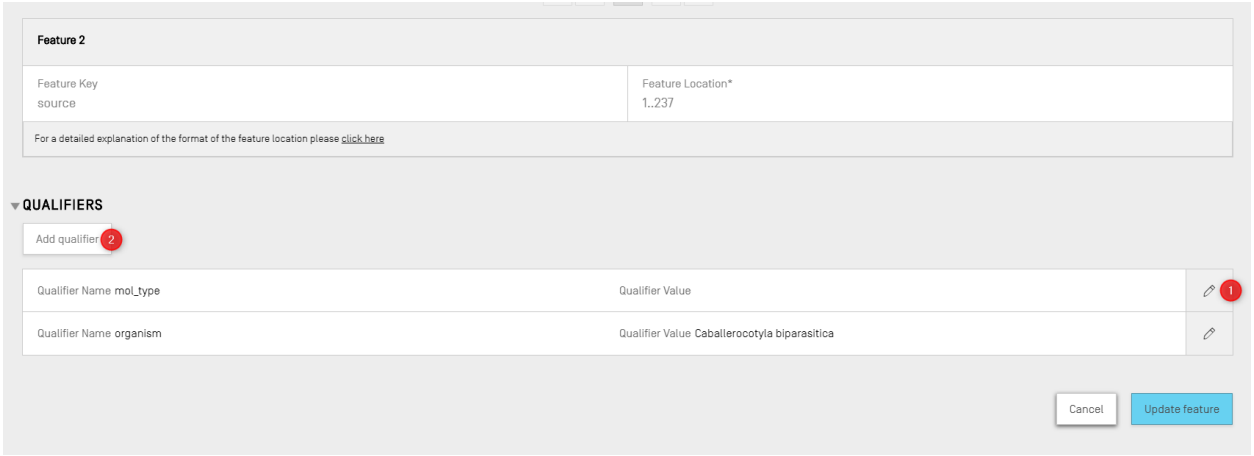


Abbildung 107 Qualifier hinzufügen/bearbeiten

Vorhandene Qualifier können durch Klicken auf das Stiftsymbol rechts neben jeder Zeile bearbeitet werden (1), oder der Benutzer kann durch Klicken auf die Schaltfläche "Add qualifier" (Qualifier hinzufügen) einen neuen Qualifier zum aktuell ausgewählten Merkmal hinzufügen (2).

Beim Bearbeiten oder Hinzufügen eines Qualifiers werden die beiden in Abbildung 108 dargestellten Felder angezeigt: "Qualifier name" (Qualifier-Name)[8] (der aus einer Dropdown-Liste ausgewählt werden kann) und "Qualifier value" (Qualifier-Wert).

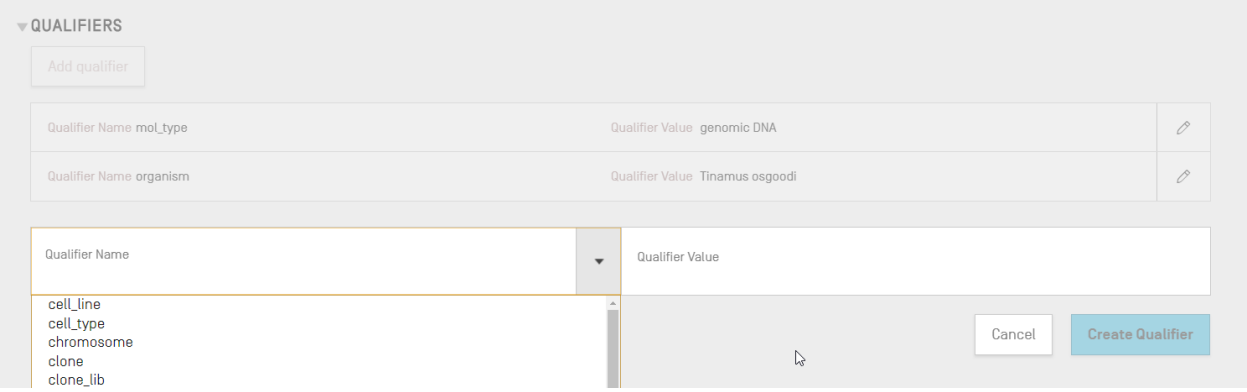
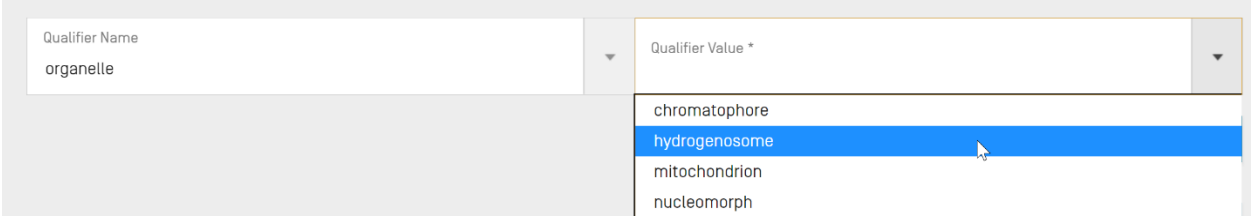


Abbildung 108: Qualifier (Bearbeitungsbedienfeld)

Das Feld "Qualifier Value" verhält sich je nach Art des Qualifiers unterschiedlich:

- **Qualifier mit vordefinierten Werten** . Das Wertefeld ist ein Dropdown-Feld, in dem der Benutzer einen der vordefinierten Werte für den Qualifier auswählen kann, wie im folgenden Beispiel gezeigt:



[8] Siehe *WIPO-Standard ST.26 - Anhang I, Abschnitte 6 & 8* für alle möglichen Qualifier für Nukleotide und Aminosäuren

Abbildung 109 Qualifier mit vordefinierten Werten

- **Qualifier mit Freitext**. Das Wertefeld ist ein Freitext-Feld. Zusätzlich zum Qualifier-Namen und dem Qualifier-Wert, der nur den englischen Wert enthält, werden zwei weitere Felder angezeigt, mit denen der Benutzer sowohl den Sprachcode (z.B. "ru") als auch den entsprechenden Sprachwert im "Non-English Qualifier Value" angeben kann, wie im folgenden Beispiel gezeigt:

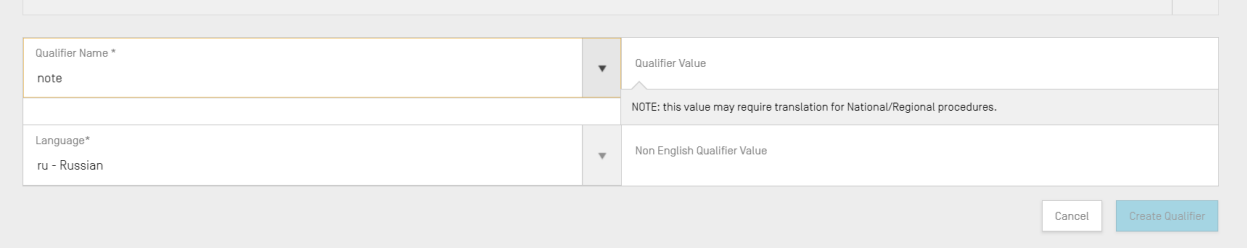


Abbildung 110 Qualifier mit Freitext

Dem Feld "Language code" (Sprachcode) wird derselbe Wert zugewiesen wie dem Feld "Non English Free text language code" (Nicht-englischer Freitext-Sprachcode) in den Projektdetails.

Der Benutzer kann eine Reihe von nicht-englischen Werten für jede ausgewählte Sprache entweder durch manuelle Eingabe oder durch Importieren der richtigen zugehörigen Sprache aus einer XLIFF-Datei bereitstellen (siehe Abschnitt **5.1.3.2** für weitere Informationen zum Import).

- **Qualifier mit vordefiniertem Format** . Das Wertefeld ist ein Freitextfeld, aber der eingegebene Wert wird einer Validierungsprüfung unterzogen, um sicherzustellen, dass er den spezifischen Regeln in WIPO ST.26 Anhang I, Abschnitt 6 entspricht[9]. Im gezeigten Beispiel wurde das Datum nicht im richtigen Format angegeben:

[9] Siehe WIPO-Standard ST.26 - Anhang I, Abschnitt 6 für Regeln bezüglich dieser Qualifier

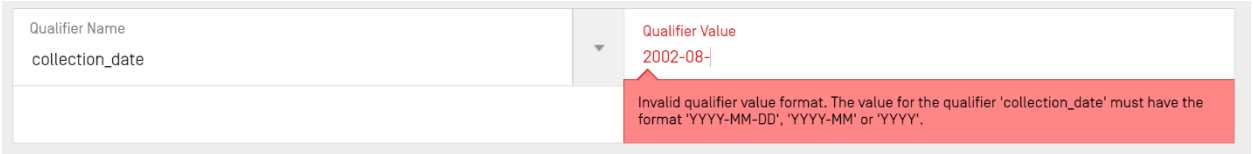


Abbildung 111 Qualifier mit vordefiniertem Format

- **Qualifier ohne zulässigen Wert**. Das Feld für den Qualifier-Wert kann nicht bearbeitet werden, wie im folgenden Beispiel angegeben:

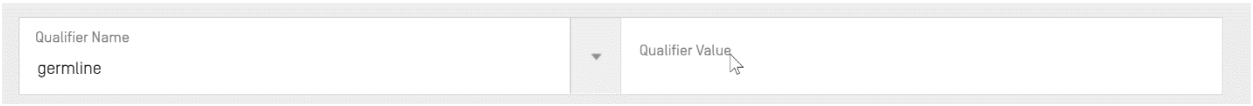


Abbildung 112 Qualifier ohne erlaubten Wert

Hinweis:

Die Merkmallage für das "source"-Merkmal kann nach der Erstellung nicht mehr bearbeitet werden und die Qualifier "mol_type" und "organism" können nur bearbeitet und nicht gelöscht werden.

Am Ende muss der Benutzer auf die blaue Schaltfläche "Create Qualifier" (Qualifier erstellen) klicken, um den neu erstellten Qualifier hinzuzufügen, oder auf "Save", um die Änderungen am vorhandenen Qualifier zu speichern.

Im letzten Schritt, nachdem der/die Qualifier hinzugefügt/modifiziert wurde(n), muss der Benutzer auf "Update feature" (Merkmal aktualisieren) am unteren Rand des Merkmal-Overlays klicken (siehe Abbildung 113), um fortzufahren.

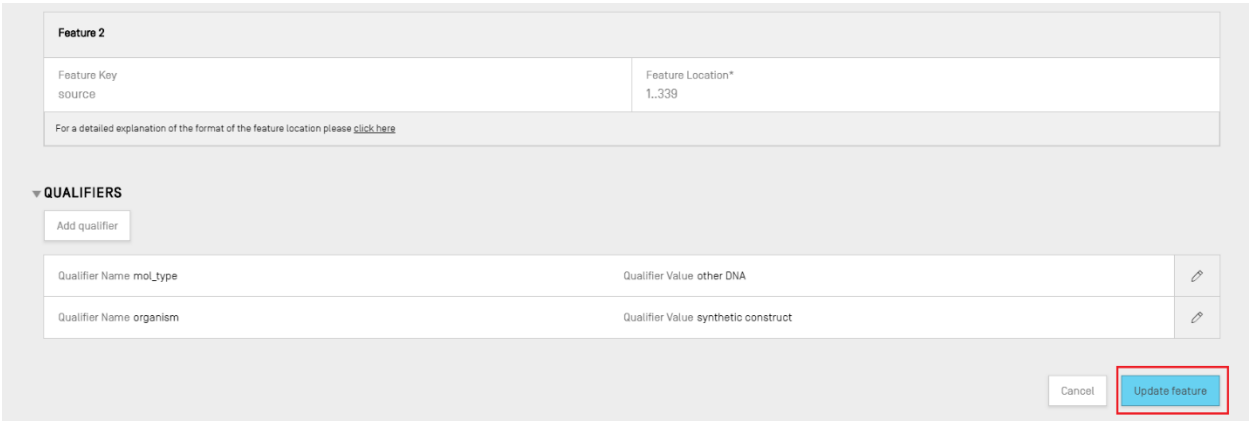


Abbildung 113 Aktualisierungsfunktion

5.2 PRÜFBERICHT

Um den Prüfbericht des Sequenzprotokolls eines Projekts zu öffnen, kann der Benutzer in der Ansicht Projektdetails auf den Link "VERIFICATION REPORT" (Prüfbericht) in der Menüleiste oben klicken.

Weitere Einzelheiten zur Erstellung des Prüfberichts finden Sie in Abschnitt **5.1.1.3.**

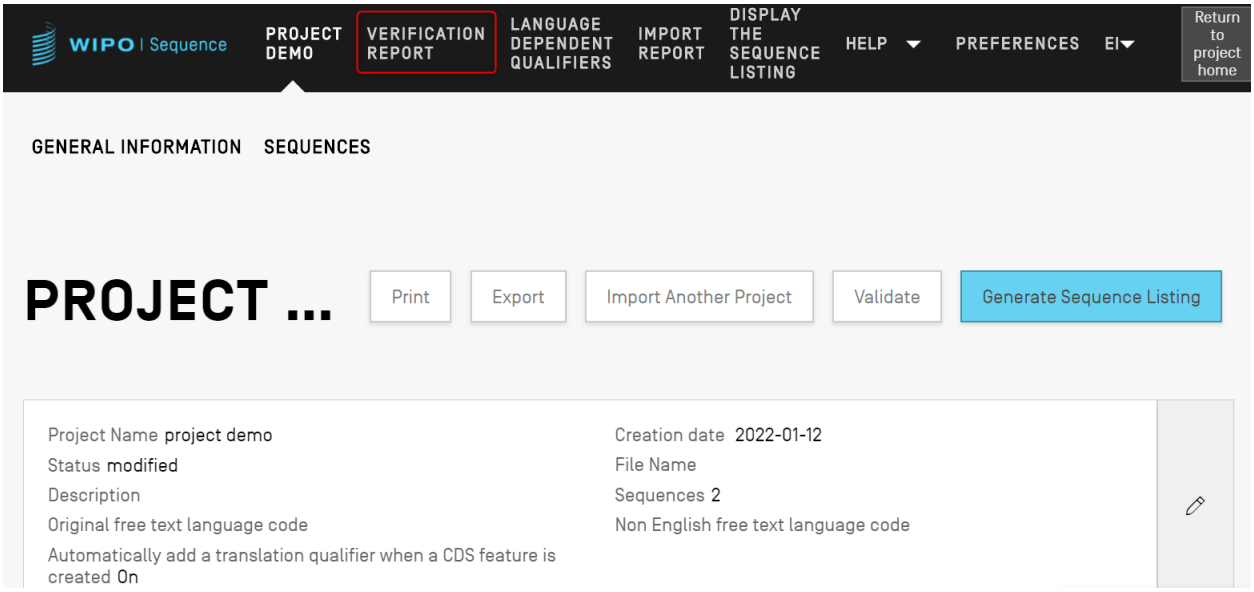


Abbildung 114: Ansicht/Schaltfläche Prüfung

Je nachdem, ob das Sequenzprotokoll des Projekts validiert wurde oder nicht, ergeben sich zwei Ansichten: Abbildung 115 zeigt ein Beispiel, bei dem Fehler/Warnungen generiert wurden und Abbildung 116 das Beispiel nach einer erfolgreichen Validierung.

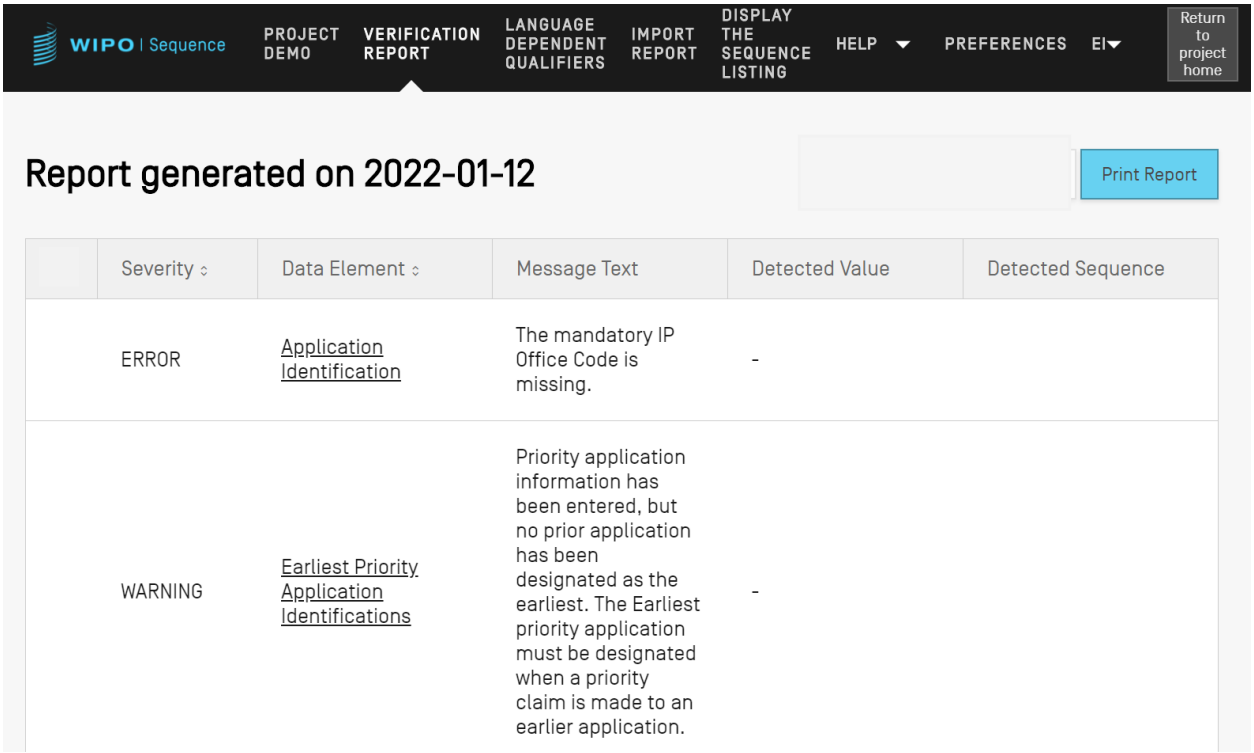


Abbildung 115: Prüfbericht: Fehler wurden generiert

Der Prüfbericht kann als PDF exportiert werden, indem auf "Print Report" (Bericht drucken) in der rechten oberen Ecke geklickt wird (siehe Abbildung 115). Der generierte Bericht wird im PDF-Viewer angezeigt, wie in Abschnitt **3.2** erläutert.

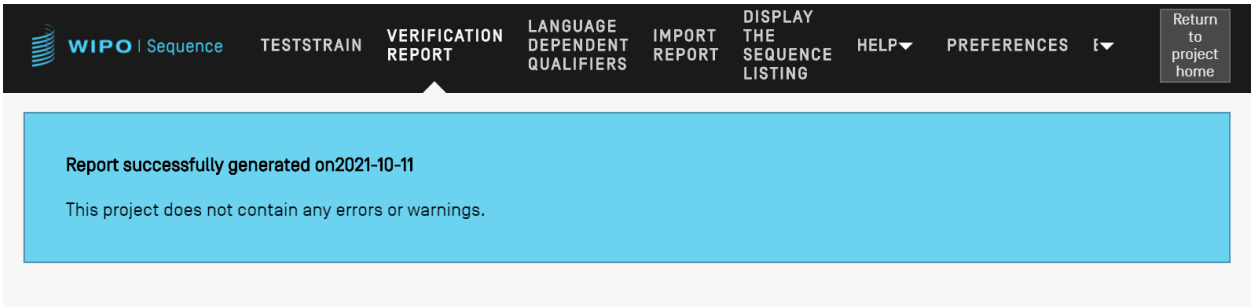


Abbildung 116: Prüfbericht: keine Fehler

5.3 SPRACHABHÄNGIGE QUALIFIER

Die Qualifier, die einen Freitextwert in einem Projekt zulassen, werden in der Ansicht “LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS” (sprachabhängige Qualifier) auf der Projektseite weiter referenziert.

Immer wenn ein sprachabhängiger Qualifier dem aktuellen Projekt hinzugefügt wird, wird der Qualifier ebenfalls dieser Ansicht hinzugefügt (siehe Abbildung 117).

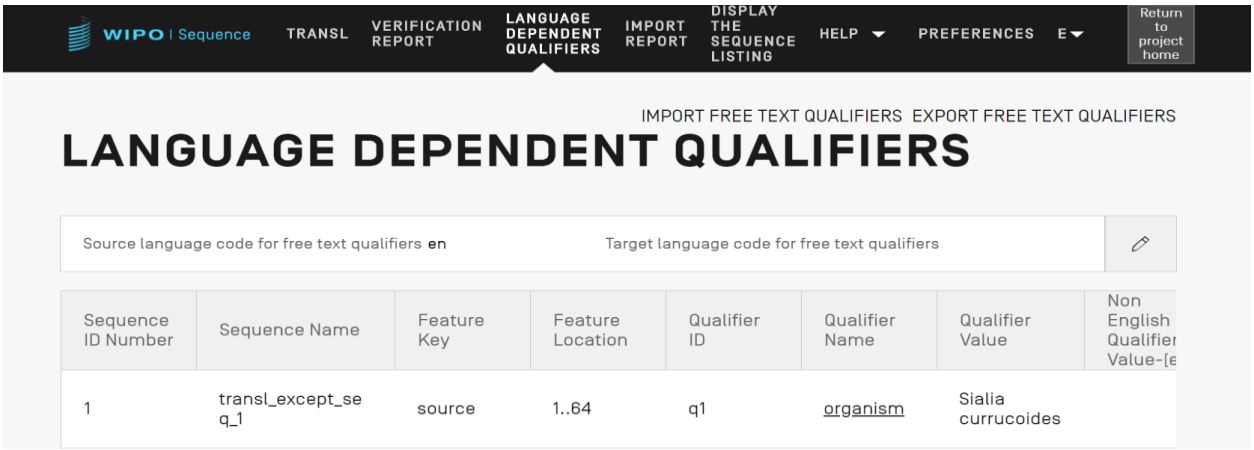


Abbildung 117 Ansicht sprachabhängige Qualifier

Der Benutzer kann den zugehörigen translatierten Freitextwert eines Qualifiers modifizieren, indem er auf den Wert "Qualifier Name" klickt (siehe Abbildung 107), woraufhin sich ein Overlay mit einem Bearbeitungsbedienfeld unterhalb der Tabelle öffnet.

Der Benutzer muss den Ausgangssprachcode (source language code) und den Zielsprachcode (target language code) für den XLIFF-Dateiexport der Freitext-Qualifier angeben. Nach dem Export müssen translatierte Werte für die Zielwerte von Translatoren bereitgestellt werden, bevor die XLIFF-Datei reimportiert wird.

5.3.1 FREITEXT-QUALIFIER IMPORTIEREN

Durch Klicken auf “IMPORT FREE TEXT QUALIFIERS” (Freitext-Qualifier importieren) öffnet das Tool den Dateimanager und die Ordner können durchsucht werden, um die zu importierende (.XLIFF)-Datei auszuwählen. Mehrere Validierungsschritte werden bereitgestellt, um sicherzustellen, dass die korrekten Zuordnungen zwischen den Ausgangs- und Zielsprachenwerten vorgenommen werden.

Die ausgewählte Datei muss die folgenden Datenelemente enthalten:

- Name des Projekts

- den Zielsprachencode
- den Ausgangssprachencode
- Für jedes XLIFF-Element:
    - die eindeutige ID des Qualifiers (nach dem Format: eine Zahl mit vorangestelltem Buchstaben "q");
    - den Qualifier-Wert im Ausgangssprachen-Tag;
    - den Qualifier-Wert im Zielsprachen-Tag.

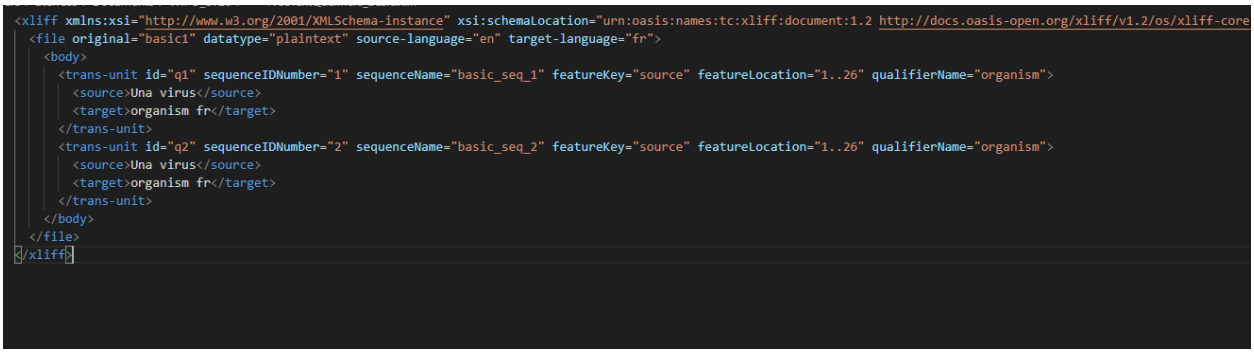


Abbildung 118 Beispiel einer gültigen XLIFF-Datei

Sobald der Benutzer die zu importierende Datei bestätigt hat, verlangt das Tool vom Benutzer zu prüfen, ob er mit der Bestätigung einer Reihe von Verifizierungsschritten fortfahren will (siehe Abbildung 119 bis Abbildung 123).

- Das System vergleicht den Projektnamen aus der Eingabedatei mit dem Namen des ausgewählten Projekts:

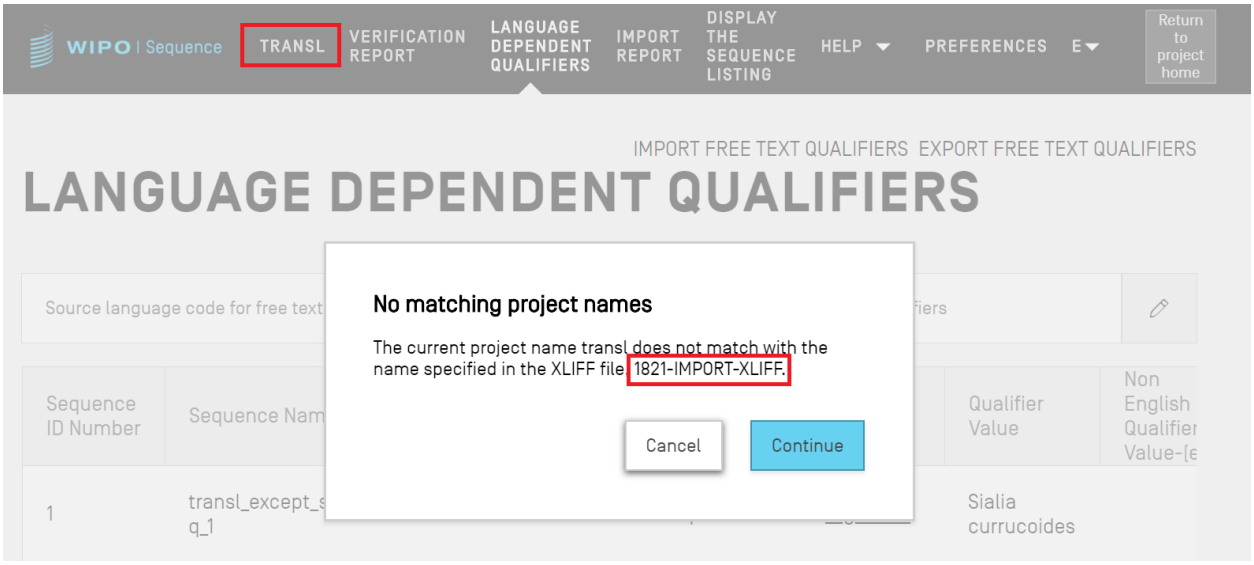


Abbildung 119: Validierung des Projektnamens

- Das System informiert den Benutzer, wenn ein Qualifier nicht zugeordnet werden konnte:

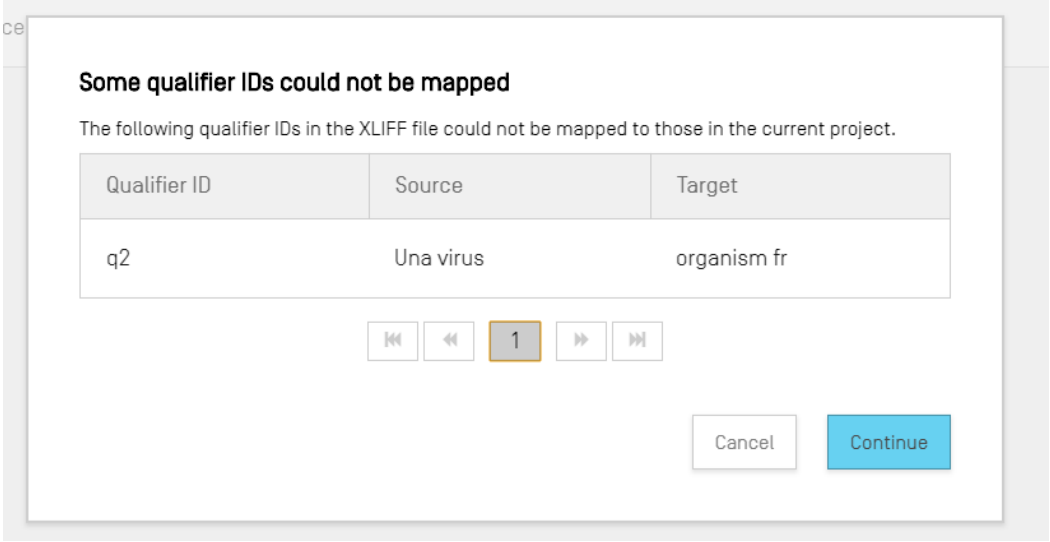


Abbildung 120 Validierung der Qualifier-Zuordnung

- Das System informiert den Benutzer über die Änderungen in Bezug auf die Ausgangssprache und die Qualifier-Werte:

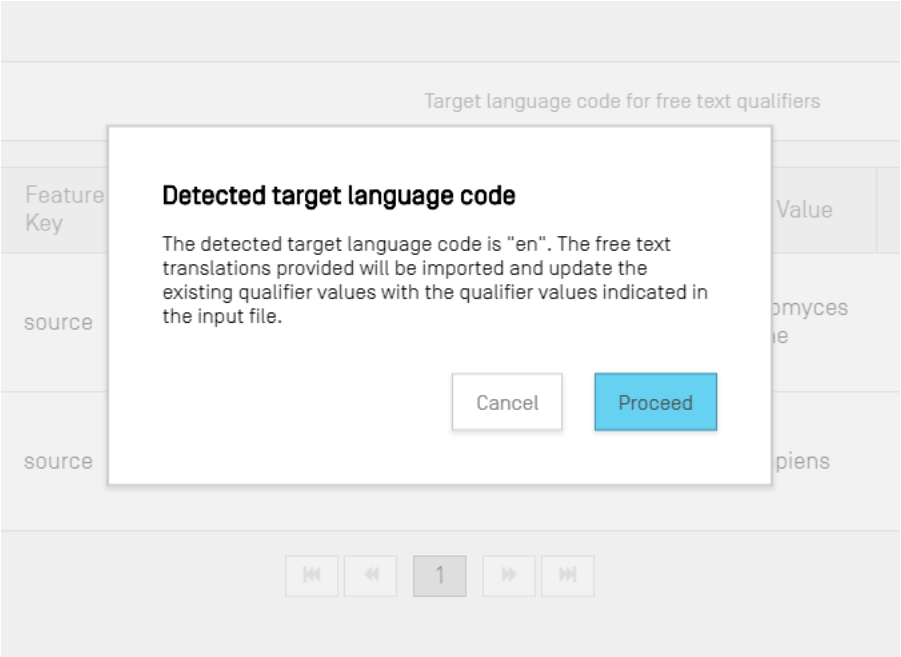


Abbildung 121 Validierung der Ausgangssprache

- Das System informiert den Benutzer über die Änderungen in Bezug auf die Zielsprache und die translatierten Werte der Qualifier:

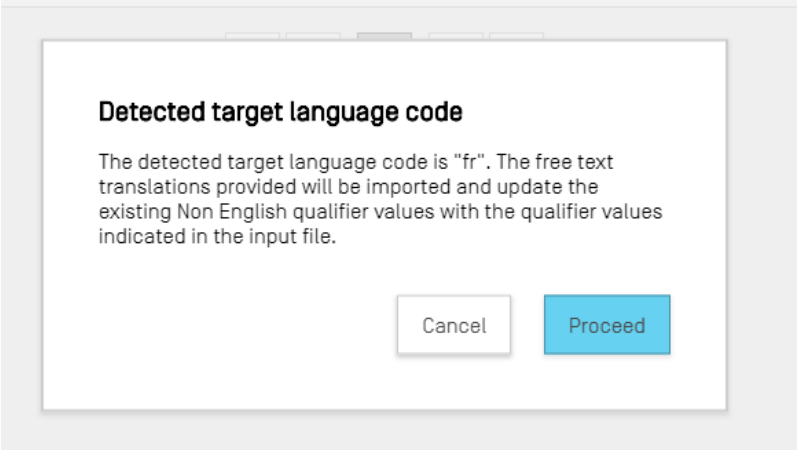


Abbildung 122 Validierung der Zielsprache

Danach erscheint oben ein blaues Banner mit der Nachricht "SUCCESS: THE FREE TEXT QUALIFIER HAS BEEN IMPORTED SUCCESSFULLY" (der Freitext-Qualifier wurde erfolgreich importiert) zusammen mit einem Importbericht, der im Detail die vorherigen und aktuellen importierten Werte für die sprachabhängigen Freitext-Qualifier anzeigt.

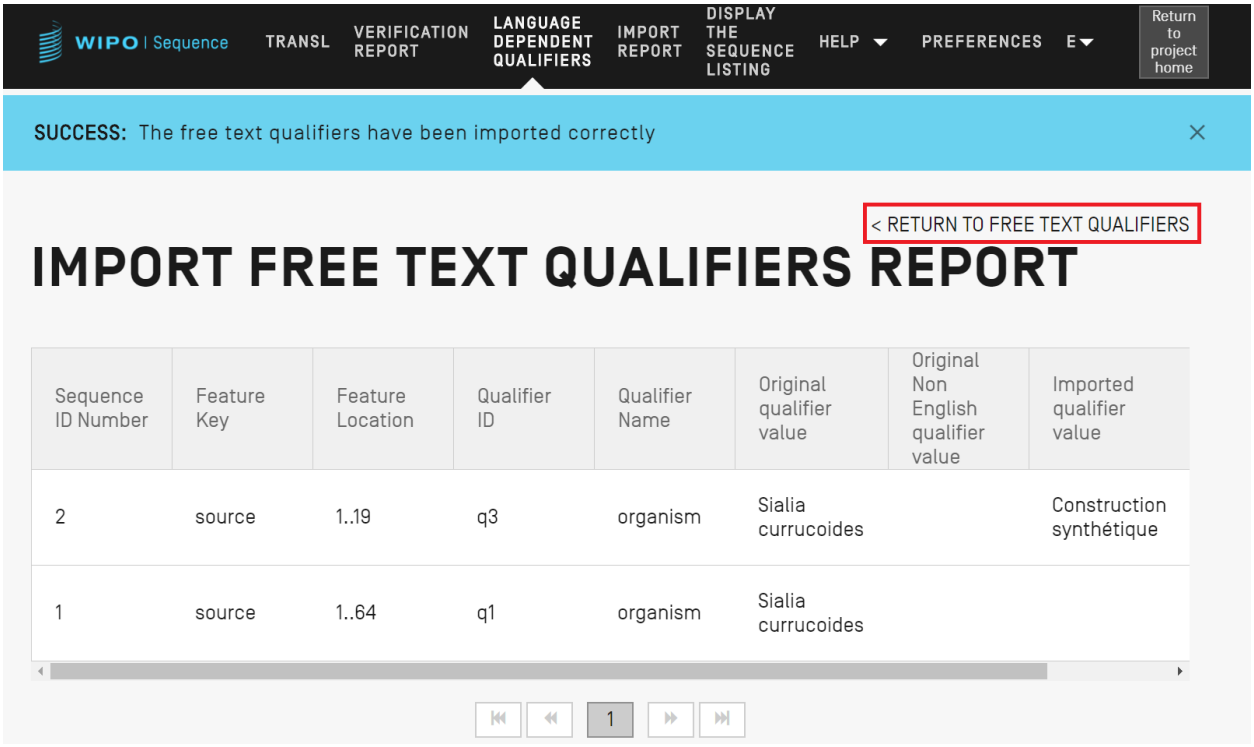


Abbildung 123 Importbericht der Freitext-Qualifier

Der Benutzer kann durch Klicken auf "RETURN TO FREE TEXT QUALIFIERS" (Zurück zu den Freitext-Qualifiern) zur Ansicht Freitext-Qualifier zurückkehren (wie in Abbildung 123 markiert).

5.3.2 FREITEXT-QUALIFIER EXPORTIEREN

Wenn der Benutzer oben in der Ansicht auf die Schaltfläche "EXPORT FREE TEXT QUALIFIERS" (Freitext-Qualifier exportieren) klickt und dann im Dialogfeld den Dateinamen und Speicherort auswählt, um die Qualifier-Textdatei zu speichern, werden **alle** Freitext-Qualifier des Projekts exportiert und in einem XLIFF-Dateiformat gespeichert.

Die Datei enthält:

- die Ausgangssprache des Projekts;
- die Zielsprache des Projekts;
- die Freitext-Qualifier-Werte;

- die translatierten Freitext-Qualifier-Werte[10];
- die zugehörigen Qualifier- und Merkmal-Informationen (siehe Tabelle in Abbildung 123).

Diese Datei kann angezeigt, bearbeitet und wieder in das Tool importiert werden, nachdem die entsprechende Translation gemäß den in Abschnitt **5.3.1** gezeigten Schritten erstellt wurde.

5.4 IMPORTBERICHT

Wenn ein Projekt aus einem Sequenzprotokoll (ST.25 oder ST.26) importiert wird oder wenn der Benutzer mehrere Sequenzen aus einer Datei importiert (mit den Formaten ST.26, ST.25, RAW, FASTA oder Multi-sequence), dann enthält der entsprechende Importbericht eine Tabelle mit allen Änderungen an den importierten Daten, um sie an das richtige Format für die Aufnahme in das Projekt anzupassen.

Wenn ein Projekt nicht durch einen Importvorgang erstellt und keine Sequenz in das Projekt importiert wurde, erscheint in der Ansicht Importbericht ein Banner (siehe Abbildung 124).

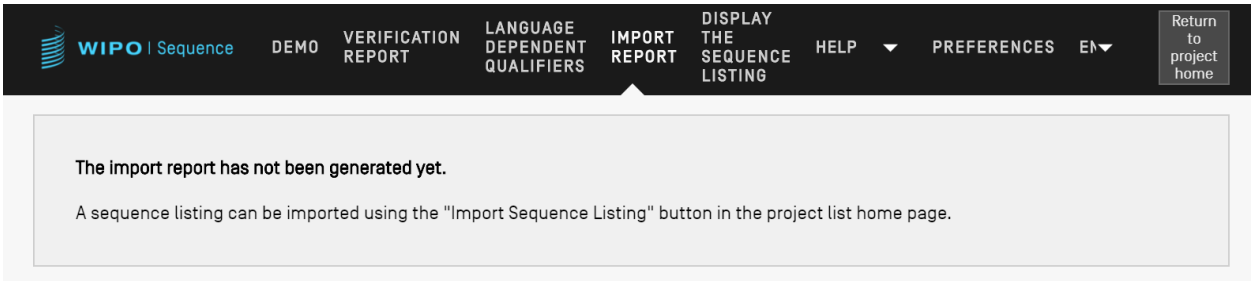


Abbildung 124 Ansicht Importbericht: kein Import wurde durchgeführt

Wurde ein Import erfolgreich abgeschlossen und das Projekt erstellt, können die beiden folgenden Tabellen zur Ansicht gelangen:

- Importbericht-Tabelle (siehe Abschnitt **5.4.1**)

[10] Die Translation des ausgewählten nicht-englischen Freitext-Sprachcodes, der im Projekt beim Export bereitgestellt wird

- Tabelle der geänderten Daten (siehe Abschnitt **5.4.2**)

5.4.1 Importbericht-Tabelle

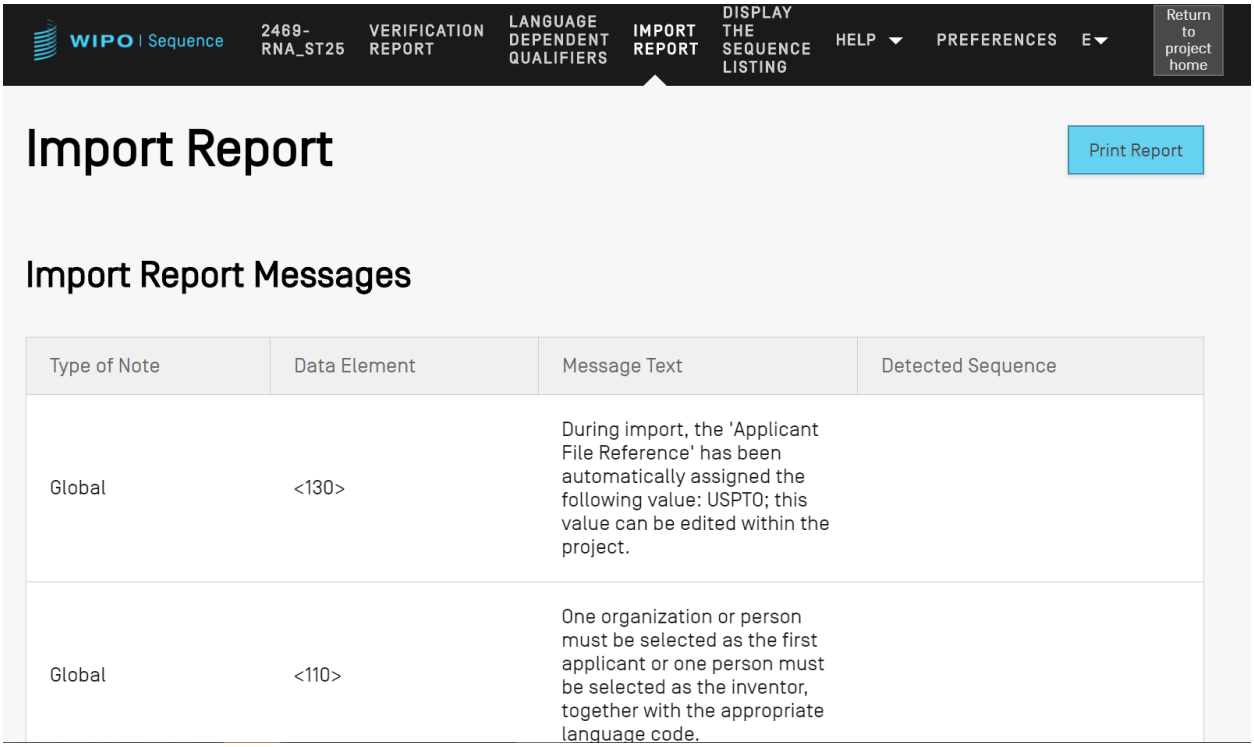


Abbildung 125 Importbericht wurde generiert

Die Importbericht-Tabelle wird nur angezeigt, wenn beim Import einer Datei Fehler auftreten. Die Tabelle enthält die folgenden Spalten:

- **Art des Hinweises**: "INDIVIDUAL" für eine Meldung bezüglich einer bestimmten Sequenz oder "GLOBAL" für eine oder mehrere Sequenzen allgemein;

- **Datenelementcode**: aus der Sourcedatei für ST.25-Sequenzprotokolle;

- **Meldungstext:** Ausführliche Meldung mit Informationen über das betreffende identifizierte Problem und die zur Behebung vorgenommenen Änderungen (falls zutreffend);

- **Detektierte Sequenz:** Sequenznummer der importierten Sequenz in Bezug auf die Meldung (nur wenn der Hinweis "INDIVIDUAL" lautet, sonst bleibt dieses Feld leer).

5.4.2 Tabelle der geänderten Daten

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

1 2

Changed Data

Origin Tag	Origin Element Name	Origin Element Value	Target Element Name	Target Element Value	Transformation	Origin Sequence ID	Sequence ID Number
<221>	Name/Key		Feature Key	misc_feature	The custom feature key has been replaced with a recommended key [see Annex VII, ST.26].	1	1
<223>	Other information		Qualifier Name	note	A 'note' Qualifier has been created.	1	1

Abbildung 126 Tabelle der geänderten Daten

In dieser Tabelle werden alle Daten angezeigt, die während des Importvorgangs eine Transformation oder Änderung erfahren haben. Die folgenden Daten sind in Tabellenspalten dargestellt (siehe Abbildung 126):

- **Origin Tag** (Ursprungstag): Datenelementcode für die Elementart, für ST.25-Sequenzprotokolle;
- **Origin Element Name** (Ursprungselementname): entsprechender Name für die Elementart;
- **Origin Element Value** (Ursprungselementwert): entsprechender Wert des Originalelements in der source-Datei;
- **Target Element Name** (Zielelementname): Äquivalenter ST.26-Elementname, in dem die Informationen im Projekt gespeichert werden;
- **Target Element Value** (Zielelementwert): Wert, der für den Zielelementnamen im Projekt eingestellt wird;
- **Transformation**: Beschreibung der an dem Element vorgenommenen Änderung(en)/Transformation;
- **Sequenz-ID-Nummer**: ID-Nummer der relevanten Sequenz des transformierten Elements im Projekt.

5.5 SEQUENZPROTOKOLL ANZEIGEN

WIPO Sequence ermöglicht es dem Benutzer, ein Sequenzprotokoll in einem visuell besser lesbaren Format als XML zu erstellen. Wird die Ansicht "DISPLAY THE SEQUENCE LISTING" (Sequenzprotokoll anzeigen) aufgerufen, erscheint zunächst ein blaues Banner, das anzeigt, dass die Sequenzprotokolldatei erfolgreich generiert wurde, zusammen mit zwei Optionen zur Anzeige des besagten Sequenzprotokolls im (.html)- oder (.txt)-Format (siehe Abbildung 127).

Weitere Informationen zum Generieren eines Sequenzprotokolls finden Sie in Abschnitt **5.1.1.3**.

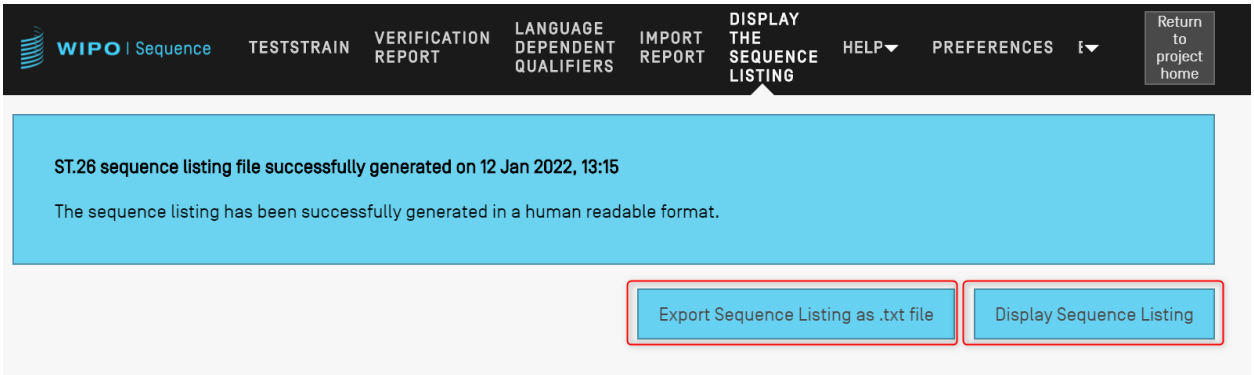


Abbildung 127: Anzeige des Sequenzprotokolls: generiert

Wenn ein Sequenzprotokoll für ein bestimmtes Projekt nicht erfolgreich generiert wurde, werden in der Ansicht "Display Sequence Listing" (Sequenzprotokoll anzeigen) die Schaltflächen "Display Sequence Listing" und "Export Sequence Listing as .txt file" deaktiviert und der Fehler wird angezeigt (siehe Abbildung 128).

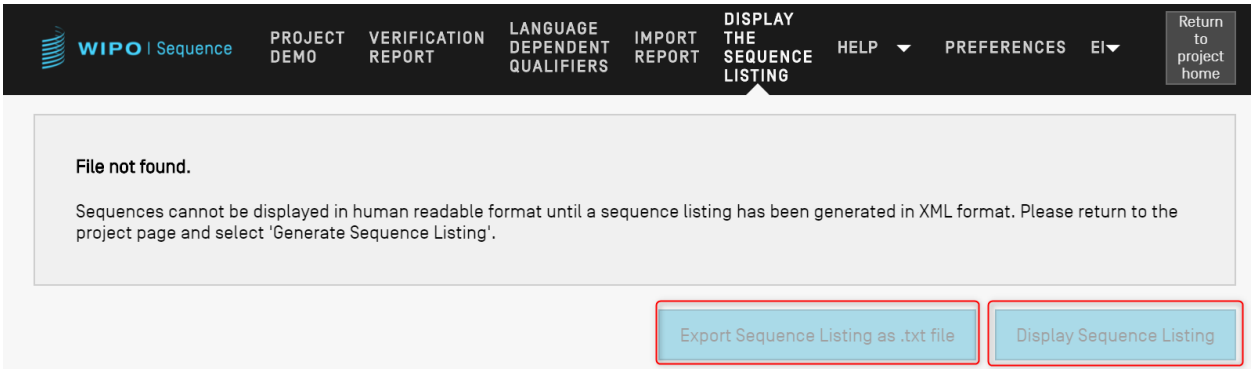


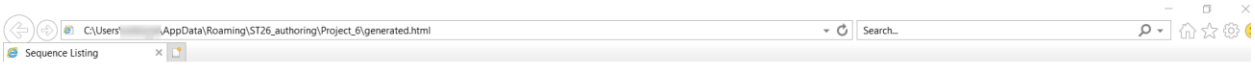
Abbildung 128 Sequenzprotokoll wurde nicht generiert

Wenn der Benutzer auf "Display Sequence Listing" (Sequenzprotokoll anzeigen) klickt, wird eine HTML-Datei im Standardbrowser geöffnet. Diese bietet eine formatierte Ansicht der ST.26-

konformen XML-Datei, so dass die Werte bestimmter Felder für den Benutzer besser sichtbar sind. Ein Beispiel ist in Abbildung 129 dargestellt.Abbildung 129

Hinweis:

Um das Sequenzprotokoll in einer anderen Sprache anzuzeigen, muss das Sequenzprotokoll erneut generiert werden. Zuerst muss der neue nicht-englische Freitext-Sprachcode im Abschnitt "Allgemeine Informationen" angegeben werden, und dann können die oben genannten Schritte wiederholt werden.



Sequence Listing

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

Abbildung 129 Sequenzprotokoll anzeigen - HTML

Hinweis: Der Speicherort der HTML-Datei wird in der Navigationsleiste des Browsers des Benutzers angezeigt, falls der Benutzer die Datei an einen anderen Speicherort kopieren möchte.

Wenn der Benutzer auf die Schaltfläche "Export Sequence Listing as .txt file" (Sequenzprotokoll als .txt-Datei exportieren) klickt, wird eine .txt-Datei geöffnet. Diese bietet eine formatierte Ansicht der ST.26-konformen XML-Datei, so dass die Werte bestimmter Felder für den Benutzer besser sichtbar sind. Ein Beispiel ist in Abbildung 130 dargestellt.

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

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

Abbildung 130 Anzeige des Sequenzprotokolls im TXT-Format

Wenn das generierte Sequenzprotokoll im XML-Format größer als 100 MB ist, wird anstelle des Sequenzprotokolls im HTML-Format die HTML-Seite (siehe Abbildung 131) angezeigt.

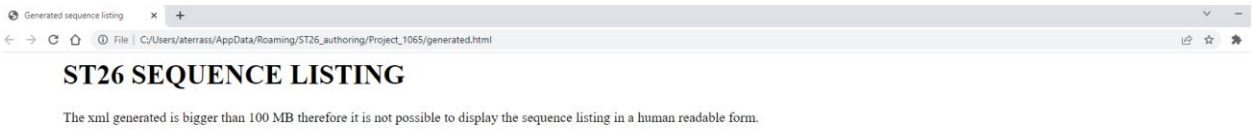


Abbildung 131 HTML-Version des Sequenzprotokolls ist zu groß für die Anzeige

5.6 HILFE

Das Tool zeigt dem Benutzer die verfügbaren Hilfeoptionen an, um ihn bei der Verwendung dieses Tools zu unterstützen (siehe Abbildung 132).

Die Hilfeoptionen führen direkt zu Informationen, die:

- einen Link zur Bedienungsanleitung angeben;[11]
- einen Link zu den FAQ angeben;[12]
- einen Link zum Kontaktformular für das WIPO Sequence Support-Team angeben;
- einen Link zu WIPO ST.26 bereitstellen;[13]
- grundlegende Informationen über das WIPO Sequence Desktop-Tool bereitstellen.

Hinweis:

[11] Zum Zeitpunkt der Veröffentlichung verweist dies auf die englische Version des Benutzerhandbuchs, die offline oder in den übrigen 9 PCT-Sprachen online zur Verfügung gestellt wird

[12] Zum Zeitpunkt der Veröffentlichung verweist dies auf die Wissensbasis von WIPO Sequence und ST.26

[13] Zum Zeitpunkt der Veröffentlichung verweist dies auf die neueste Version des Standards, wie er Online in Englisch, Französisch oder Spanisch veröffentlicht wurde

Im Paket der Version 2.1.0 von WIPO Sequence sind das Benutzerhandbuch und WIPO ST.26 nur in Englisch enthalten. Wird eine andere Sprache für die graphische Benutzeroberfläche (GUI) ausgewählt, muss der Benutzer mit dem Internet verbunden sein, um auf andere Sprachversionen sowohl des Standards als auch des Benutzerhandbuchs zugreifen zu können. Der angegebene Link führt jedoch zu der Sprachversion, die der Auswahl des Benutzers entspricht.

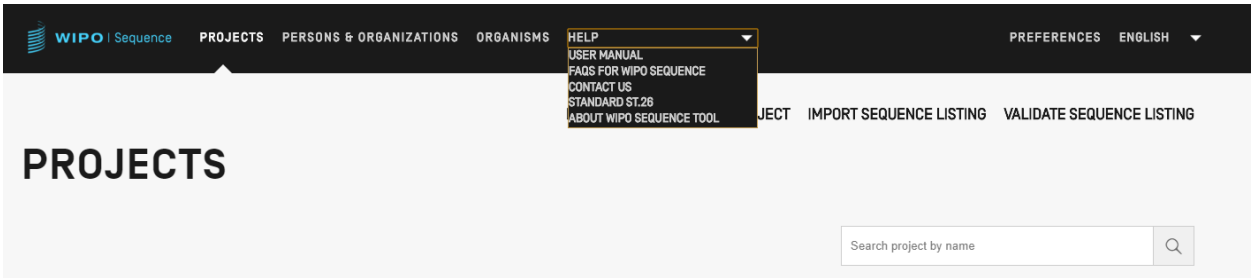


Abbildung 132: Hilfe

5.7 EINSTELLUNGEN

In der letzten Ansicht kann der Benutzer bestimmte Eigenschaften einstellen, die für alle Projekte gelten, die zuvor im Detail beschrieben wurden.

Weitere Einzelheiten finden Sie in Abschnitt **4.4**.

6 DATEIFORMATE

6.1 ST.25

Weitere Informationen zum Format der WIPO Standard ST.25-Dateien finden Sie unter:

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

6.2 MULTI-SEQUENZ

Das Multi-Sequenz-Format[14] kann eine oder mehrere Sequenzen beschreiben, zusammen mit ihrem Namen, der Molekülart und dem Namen des Organismus, und ist eines der zulässigen Formate für den Import mit PatentIn.

Die erste Zeile mit nicht-leerem Text ist die Kopfzeile und besteht aus den folgenden Komponenten:

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

Die Sequenzdaten beginnen in der Zeile nach der Kopfzeile. Eine neue Sequenz wird durch eine neue Zeile in der Datei, nach dem Ende des genetischen Codes der vorherigen Sequenz, beschrieben. Im Folgenden ein Beispiel für einen Satz von zwei Sequenzen, die im Multi-Sequenz-Format definiert sind.

Beispiel:

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

uuuucuuauuguuucuccuacugcuuaucauaaugauugucguaguggcuuccucaucgucucccccacc
gccuaccacaacgacugccgcagcggauuacuaauaguaucaccaacagcauaacaaaaagaaugacgaa
gaggguugcugauggugucgccgacggcguagcagaaggaguggcggagggg

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

[14] https://www.uspto.gov/sites/default/files/patents/resources/tools/checker/patentin351_20110214__6_.pdf

```
attgaugtuagtgauguggtautgaugtuagutguagtautgaugtauuaauuaugtggtgagututuga
uatguaautgautugtugutattgaugtuagtgauguggtautgaugtuagutguagtautgaugtauua
auuaugtggtgagututugauatguaautgautugtugutuagt
```

6.3 RAW (ROHFORMAT)

Dieses Format kann nur eine Sequenz beschreiben. Der genetische Code ist in seiner Grundform ohne zusätzliche Informationen geschrieben. Beim Import müssen Molekülart, Merkmale und Name mit Hilfe des Tools zur Sequenz hinzugefügt werden.

Beispiel:

```
aggatatagatagtatatgatagtatgatatgatgatgtatgtatagtgtagttatga
```

6.4 FASTA

Dieses Format enthält Reste und Beschreibungen. Beim Importieren hat der Benutzer die Möglichkeit, die Beschreibung als ein "Note"-Qualifier zu speichern.

6.4.1 FASTA-Datei mit einer Sequenz

```
>AJ011880,1 artificial oligonucleotide sequence SSR primer
(CAC13R)

CTCAACAATCTGAAGCATCG
```

Siehe https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/3724029?report=fasta am 22. Mai 2017)

[Ende des Dokuments]