OMPI
ORGANIZACIÓN MUNDIAL
DE LA **PROPIEDAD**
INTELECTUAL

WIPO Sequence
Versión 1.1.0
Manual de uso

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

Última actualización: julio de 2021

WIPO SEQUENCE
Versión 1.1.0

MANUAL DE USO

ÍNDICE

Página #

1 Introducción 1

1.1 Descripción general 1

1.2 Requisitos del sistema 1

1.2.1 Instalación 2

1.2.1.1 Windows 2

1.2.1.2 Linux 2

1.2.1.3 OS X (macOS) 2

1.2.1.4 Instalación silenciosa 2

1.2.2 Desinstalar 3

1.2.2.1 Windows 3

1.2.2.2 Linux 3

1.2.2.3 OS X (macOS) 3

1.2.3 Proceso de actualización automática 3

2 Funciones de la herramienta 5

3 Descripción general de la herramienta 8

3.1 Elementos principales de la herramienta 8

3.1.1 Página 8

3.1.2 Vistas 9
3.1.3 Secciones 9
3.1.4 Superposiciones 11
3.1.5 Cuadros 11
3.1.6 Vistas de panel 12
3.1.7 Paneles de edición 13
3.1.8 Selectores de fecha 14
3.2 Lector de PDF 15
3.3 Navegación con el teclado 16
4 Página principal 16
4.1 Vista de proyectos 17
4.1.1 Crear proyecto 17
4.1.2 Importar proyecto 19
4.1.3 Importar lista de secuencias 21
4.1.4 Validar la lista de secuencias 26
4.1.5 Eliminar proyectos 27
4.2 Personas y organizaciones 29
4.2.1 Crear 29
4.3 Organismos personalizados 30
4.3.1 Crear organismos personalizados 30
4.3.2 Exportar organismos personalizados 30
4.3.3 Importar organismos personalizados 32
4.4 Preferencias del sistema 33
5 Página del proyecto 35
5.1 Datos del proyecto 36
5.1.1 Información básica 36
5.1.1.1 Imprimir proyecto 36

5.1.1.2 Importar información de otro proyecto 37
5.1.1.3 Validar proyecto 39
5.1.1.4 Exportar proyecto 41
5.1.1.5 Generar la lista de secuencias 42
5.1.2 Información general 44
5.1.2.1 Identificación de la solicitud 44
5.1.2.2 Identificación de las solicitudes de prioridad 45
5.1.2.3 Solicitante e inventor 46
5.1.2.4 Título de la invención 47
5.1.3 Secuencias 48
5.1.3.1 Crear secuencia 48
5.1.3.2 Importar secuencias 51
5.1.3.3 Insertar secuencias 55
5.1.3.4 Reordenar las secuencias 57
5.1.3.5 Editar secuencias 58
5.1.3.6 Características 59
5.1.3.7 Calificadores 66
5.2 Informe de verificación 71
5.3 Calificadores de texto libre 73
5.3.1 IMPORTAR CALIFICADORES DE TEXTO LIBRE 73
5.3.2 EXPORTAR CALIFICADORES DE TEXTO LIBRE 76
5.4 Informe de importación 77
5.4.1 Cuadro de informe de importación 79
5.4.2 Cuadro de datos modificados 80
5.5 Visualización de lista de secuencias 81
5.6 Ayuda 84
5.7 Preferencias 84

6 Formatos de archivo 85

6.1 Formato ST.25 85

6.2 Formato de varias secuencias 85

6.3 Formato RAW 86

6.4 Formato FASTA 86

6.4.1 Archivo FASTA con una secuencia 86

6.4.2 Archivo FASTA con varias secuencias (multi-FASTA) 86

Índice de figuras

Figura 1. Página principal 9

Figura 2. Vista de datos de proyecto 10

Figura 3. Superposición 11

Figura 4. Cuadros 11

Figura 5. Edición de cuadro 12

Figura 6. Vista de panel 12

Figura 7. Panel de edición 13

Figura 8. Selector de fecha 14

Figura 9. Visualizador de PDF 15

Figura 10. Vista de proyectos 16

Figura 11. Vista de personas y organizaciones 17

Figura 12. Vista de organismos 17

Figura 13. Proyecto nuevo – a) 18

Figura 14. Proyecto nuevo – b) 18

Figura 15. Proyecto nuevo – c) 19

Figura 16. Importar proyecto 19

Figura 17. Cuadro de diálogo para importar proyecto 20
Figura 18. Selección de secuencias en la importación de proyecto 20
Figura 19. Mensaje relativo a la importación de proyecto 21
Figura 20. Importar lista de secuencias 21
Figura 21. Cuadro de diálogo para importar lista de secuencias 22
Figura 22. Selección de intervalo en la importación de lista de secuencias 22
Figura 23. Selección de información general en la importación de lista de secuencias 23
Figura 24. Datos modificados en la importación de lista de secuencias 24
Figura 25. Informe de importación generado en la importación de lista de secuencias 24
Figura 26. Informe de importación generado en la importación de una lista de secuencias en formato ST.26 25
Figura 27. Validar lista de secuencias 26
Figura 28. Cuadro de diálogo para validar la lista de secuencias 26
Figura 29. Mensaje de validación de la lista de secuencias realizada correctamente 27
Figura 30. Cuadro de errores de verificación en la validación de la lista de secuencias 27
Figura 31. Eliminar proyecto 28
Figura 32. Confirmación de eliminación de proyecto 28
Figura 33. Crear nueva persona u organización 29
Figura 34. Panel para crear nueva persona u organización 29
Figura 35. Crear nuevo organismo 30
Figura 36. Formulario para crear nuevo organismo 30
Figura 37. Exportar organismos personalizados 31
Figura 38. Cuadro de diálogo para exportar organismos personalizados 31
Figura 39. Ejemplo de archivo de organismo especializado 32
Figura 40. Importar organismos personalizados 32
Figura 41. Cuadro de diálogo para importar organismos personalizados 33
Figura 42. Resumen de las preferencias del sistema 34
Figura 43. Configuración de las preferencias del sistema 34

Figura 44. Cabecera de la página de proyecto 35
Figura 45. Sección de información básica 36
Figura 46. Imprimir proyecto 37
Figura 47. Sección de selección de información en el panel de imprimir proyecto 37
Figura 48. Importar otro proyecto 38
Figura 49. Selección de proyecto de destino en el panel para importar otro proyecto 38
Figura 50. Panel para importar otro proyecto 38
Figura 51. Selección de datos de información general en el panel para importar otro proyecto 39
Figura 52. Mensaje de importación de otro proyecto realizada correctamente 39
Figura 53. Validación de proyecto 40
Figura 54. Proyecto validado sin errores 40
Figura 55. Proyecto validado con errores y advertencias 40
Figura 56. Exportar proyecto 41
Figura 57. Mensaje de exportación de proyecto realizada correctamente 42
Figura 58. Generar lista de secuencias 42
Figura 59. Cuadro de diálogo para generar lista de secuencias 43
Figura 60. Generación de lista de secuencias fallida 43
Figura 61. Identificación de la solicitud 44
Figura 62. Panel de edición de identificación de la solicitud 45
Figura 63. Solicitud de prioridad más antigua 45
Figura 64. Panel de edición de solicitud de prioridad más antigua 46
Figura 65. Añadir solicitante/inventor existente 46
Figura 66. Añadir nuevo solicitante/inventor 47
Figura 67. Añadir título de la invención 47
Figura 68. Crear nueva secuencia 48
Figura 69. Panel de crear nueva secuencia 50
Figura 70. Visualización de la secuencia 51

Figura 71. Importar secuencia 52
Figura 72. Cuadro de diálogo para importar secuencias 52
Figura 73. Importar secuencias desde un archivo en formato ST.25 o ST.26 53
Figura 74. Importar secuencias desde un archivo en formato de varias secuencias 54
Figura 75. Importar secuencias desde un archivo en formato RAW 54
Figura 76. Insertar secuencia 55
Figura 77. Panel de inserción de secuencia 56
Figure 78. Secuencia insertada 56
Figura 79. Reordenar las secuencias 57
Figura 80. Panel de reordenación de las secuencias 57
Figura 81. Secuencias reordenadas 58
Figura 82. Editar secuencia 58
Figura 83. Edición y visualización de la secuencia 59
Figura 84. Añadir característica 60
Figura 85. Superposición para añadir característica 61
Figura 86. Enlace para la localización de la característica 62
Figura 87. Casilla de activación de la tramitación automática de traducción de la característica “CDS” 62
Figura 88. Activación de la tramitación automática de traducción de la característica “CDS” 63
Figura 89. Casilla de traducción automática activada donde la secuencia contiene un codón de terminación incorrecto 64
Figura 90. Secuencia con error de verificación por un codón de terminación incorrecto 64
Figura 91. Crear característica "CDS" 65
Figura 92. Característica "CDS" 65
Figura 93. Característica "CDS" creada y secuencia generada 66
Figura 94. Visualización de calificadores 67
Figura 95. Añadir/editar calificadores 67
Figura 96. Panel de calificadores 68
Figura 97. Actualizar característica 70

Figura 98. Vista/botón de verificación 71
Figura 99. Informe de verificación con errores 72
Figura 100. Informe de verificación sin errores 72
Figura 101. Vista de calificadores de texto libre 73
Figura 102. Ejemplo de archivo XLIFF válido 74
Figura 103. Validación del nombre del proyecto 74
Figura 104. Validación de la asociación de los calificadores 75
Figura 105. Validación del idioma de origen 75
Figura 106. Validación del idioma de destino 76
Figura 107. Informe de la importación del calificador de texto libre 76
Figura 108. Mensaje de importación no realizada en la vista de informe de importación 77
Figura 109. Informe de importación generado 79
Figura 110. Cuadro de datos modificados 80
Figura 111. Visualización de lista de secuencia: generada 81
Figura 112. Visualización de lista de secuencias: no generada 81
Figura 113. Visualización de lista de secuencias: archivo HTML 82
Figura 114: Visualización de la lista de secuencias: archivo TXT 83
Figura 115. Ayuda 84

1 INTRODUCCIÓN

1.1 DESCRIPCIÓN GENERAL

WIPO Sequence es una herramienta de escritorio que permite:

i) crear/editar una lista de secuencias en formato XML conforme a la Norma ST.26 de la OMPI;

ii) verificar la conformidad de una lista de secuencias en formato XML con los requisitos de la Norma ST.26 de la OMPI.

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

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

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

1.2 REQUISITOS DEL SISTEMA

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

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

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

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

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

- CPU: 1,6 GHz
- RAM: 4 GB
- Espacio libre en el disco duro: 1 GB (es posible que se requiera un disco duro adicional para almacenar la información relativa a las listas de secuencias)
- Resolución de pantalla: 1366 x 768

1.2.1 Instalación

1.2.1.1 Windows

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

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

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

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

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

1.2.1.2 Linux

WIPO Sequence se proporciona mediante un archivo AppImage (https://appimage.org/) que se ejecuta en la mayoría de las distribuciones de Linux, incluidas CentOS y Ubuntu. Para ejecutar la aplicación, se puede hacer doble clic en el archivo o utilizar la línea de comandos.

Antes de ejecutarse, aparecerá un mensaje en el que se pide seleccionar si debe crearse o no un acceso directo en el escritorio.

1.2.1.3 OS X (macOS)

WIPO Sequence se instala en el sistema operativo MacOS de 64 bits mediante un archivo de extensión dmg. Para ello, se deberá hacer doble clic en el archivo y seguir las instrucciones del asistente.

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

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

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

1.2.1.4 Instalación silenciosa

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

- */S*: para iniciar la instalación silenciosa

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

1.2.2 Desinstalar

1.2.2.1 Windows

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

Con el fin de eliminar todos los archivos de registro y los archivos utilizados para almacenar la información de los proyectos, es necesario borrar la siguiente carpeta:

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

1.2.2.2 Linux

La aplicación se desinstala de la computadora eliminando el archivo AppImage de Linux. Además, se puede quitar la entrada de menú correspondiente eliminando el archivo de extensión desktop que se encuentra en:

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

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

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

1.2.2.3 OS X (macOS)

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

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

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

1.2.3 Proceso de actualización automática

Una vez abierta, la herramienta comprobará si hay actualizaciones disponibles y, si encuentra una, nos informará para que descarguemos e instalemos la versión nueva.

Nota:

Para que el proceso de actualización automática pueda realizarse, la computadora debe estar conectada a Internet y deben estar habilitados los permisos de acceso HTTP de la herramienta al sitio web de la OMPI. Tenga presente que no se envía ningún tipo de información del usuario al servidor de actualización de la OMPI.

2 FUNCIONES DE LA HERRAMIENTA

En este capítulo se describen todas las funciones que incorpora la herramienta en su versión actual (1.0.0). A continuación figura una lista de las funciones enumeradas siguiendo el orden alfabético inglés.

id.	Función
1	Añadir un nombre de organismo personalizado y una descripción a la lista de nombres de organismos del sistema
2	Añadir un título de invención y su correspondiente código de idioma a un proyecto
3	Añadir información de la solicitud (ya sea la solicitud en curso o la previa) a un proyecto
4	Añadir información de una característica a una secuencia
5	Añadir la característica “source” y sus calificadores obligatorios a una secuencia
6	Añadir nuevos nombres de organismos a la lista de nombres de organismos almacenados en el sistema
7	Añadir información de los calificadores a una característica
8	Añadir datos de información general de la lista de secuencias a un proyecto
9	Añadir un nombre de secuencia a una secuencia seleccionada
10	Cambiar el orden de las secuencias en la lista de secuencias generada
11	Crear un espacio de trabajo en el que se guarden los datos relativos a una lista de secuencias
12	Crear una instancia de la estructura de datos 'secuencia' y establecer sus atributos con los valores obtenidos de un nodo XML de datos de secuencia en formato ST.26 recibido como entrada
13	Crear una secuencia e insertarla en la lista
14	Crear un calificador “translation” para una característica “CDS” seleccionada y su secuencia traducida asociada
15	Crear un nuevo nombre de persona u organización

16	Eliminar una secuencia
17	Visualizar la lista de secuencias generada
18	Visualizar los datos modificados tras la importación de una secuencia
19	Editar los atributos de una instancia de la estructura de datos 'calificador'
20	Editar los atributos de un proyecto
21	Editar los atributos de una secuencia
22	Editar los atributos de una instancia de la estructura de datos 'característica'
23	Activar o desactivar las normas de verificación seleccionadas
24	Exportar calificadores de texto libre, con fines de traducción en formato XLIFF
25	Exportar todos los datos almacenados en un proyecto para que se puedan importar posteriormente a la misma instancia o a una instancia diferente del sistema
26	Exportar la lista de nombres de organismos personalizados a un archivo que pueda importarse posteriormente a una instancia diferente del sistema
27	Exportar la lista de secuencias generada en formato legible por humanos (.html o .txt)
28	Generar una lista de secuencias
29	Importar una lista de nombres de organismos personalizados desde un archivo
30	Importar todos los datos almacenados en un archivo de proyecto
31	Importar datos de un archivo de listas de secuencias en formato ST.25 a un proyecto recién creado
32	Importar datos de un archivo de listas de secuencias en formato ST.26 a un proyecto recién creado
33	Importar datos de un archivo FASTA a un proyecto existente
34	Importar de una vez varias secuencias desde un archivo

35	Importar al proyecto en curso (proyecto de destino) los datos de otro proyecto (proyecto de origen)
36	Analizar una secuencia en formato de varias secuencias y revisarla para devolver sus cuatro partes (nombre de la secuencia, tipo de molécula, organismo y residuos)
37	Imprimir datos del proyecto o de la lista de secuencias generada en formato ST.26
38	Proporcionar información de localización para una característica seleccionada
39	Proporcionar al sistema una cadena de residuos que contenga símbolos no válidos e informar de los residuos incorrectos tras la validación
40	Registrar los datos que han sido modificados durante la importación, de modo que los datos originales y los modificados se visualicen después de la importación
41	Eliminar del proyecto todos los datos asociados a una secuencia y renumerar adecuadamente las secuencias restantes
42	Asignar al atributo “INSDQualifierMolType” de una secuencia uno de los valores predefinidos
43	Establecer y guardar las preferencias del sistema (número máximo de símbolos de residuos mostrados por línea, etc.)
44	Guardar en el sistema información sobre un solicitante o inventor (por ejemplo, el nombre, su correspondiente código de idioma y su traducción o transliteración a caracteres latinos (si procede), su dirección, etc.) para poder utilizarla posteriormente en otros proyectos
45	Traducir una secuencia de ácidos nucleicos de acuerdo con una tabla de código genético especificada
46	Verificar un archivo de listas de secuencias en formato ST.26 y enumerar los problemas en un informe de verificación que contenga mensajes de advertencia y error
47	Verificar los datos almacenados en un proyecto y enumerar los problemas en un informe de verificación que contenga mensajes de advertencia y error

3 DESCRIPCIÓN GENERAL DE LA HERRAMIENTA

3.1 ELEMENTOS PRINCIPALES DE LA HERRAMIENTA

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

3.1.1 Página

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

- La página principal
    - Vista de proyectos
    - Vista de personas y organizaciones
    - Vista de organismos personalizados
    - Vista de preferencias
- La página de proyecto (accesible desde la vista de proyectos)
    - Vista de datos de proyecto
    - Vista de informe de verificación
    - Vista de calificadores de texto libre
    - Vista de informe de importación
    - Vista de visualización de lista de secuencias

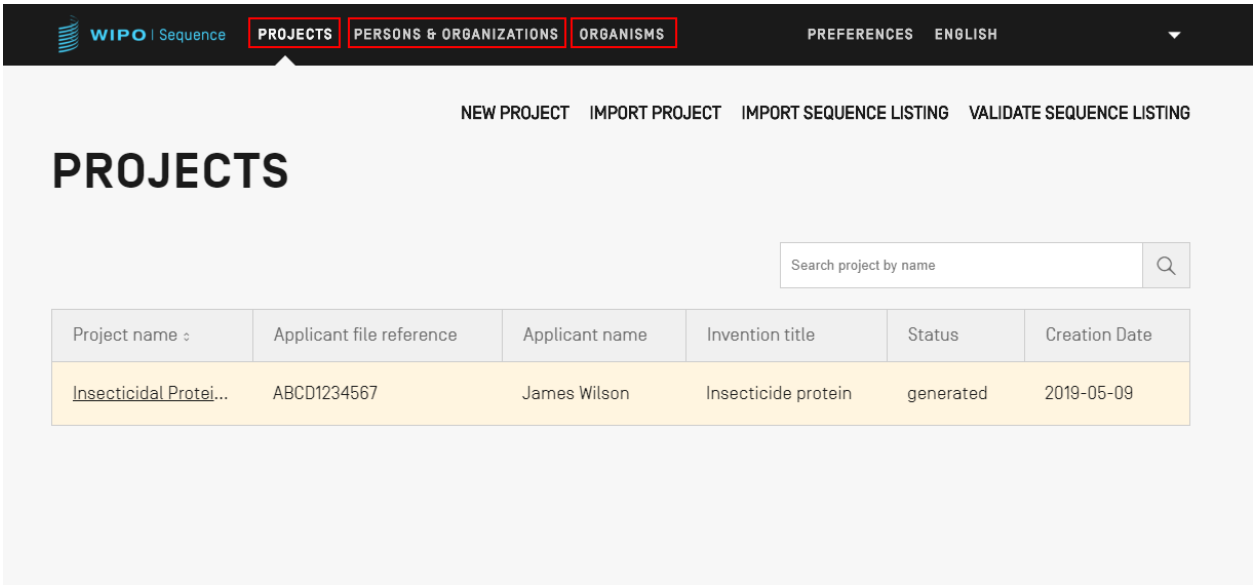


Figura 1. Página principal

3.1.2 Vistas

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

3.1.3 Secciones

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

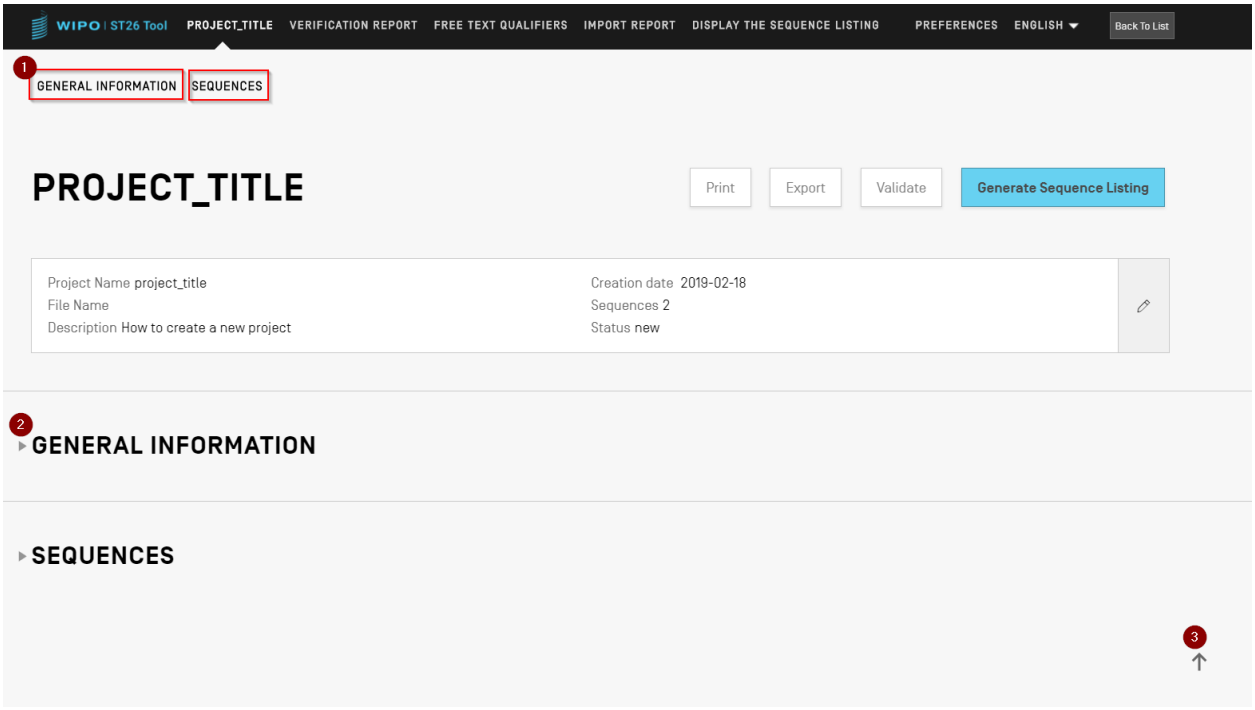


Figura 2. Vista de datos de proyecto

La vista de datos de proyecto, mostrada en la Figura 2, incluye dos secciones cuyo contenido puede ocultarse: Información general y Secuencias. En la parte superior de la vista de datos de proyecto, hay dos enlaces a través de los cuales se puede acceder a cada una de las secciones (1); el contenido de las secciones se puede ocultar (indicado con un pequeño triángulo a la izquierda) para facilitar la navegación (2); se puede hacer clic en el icono de la flecha para desplazarse a la parte superior de la vista de datos de proyecto (3).

3.1.4 Superposiciones

Cuando un panel requiere que se introduzca o modifique información, puede aparecer una superposición sobre la vista de panel, que pasa a estar inactiva, como se muestra en el ejemplo de la Figura 3.

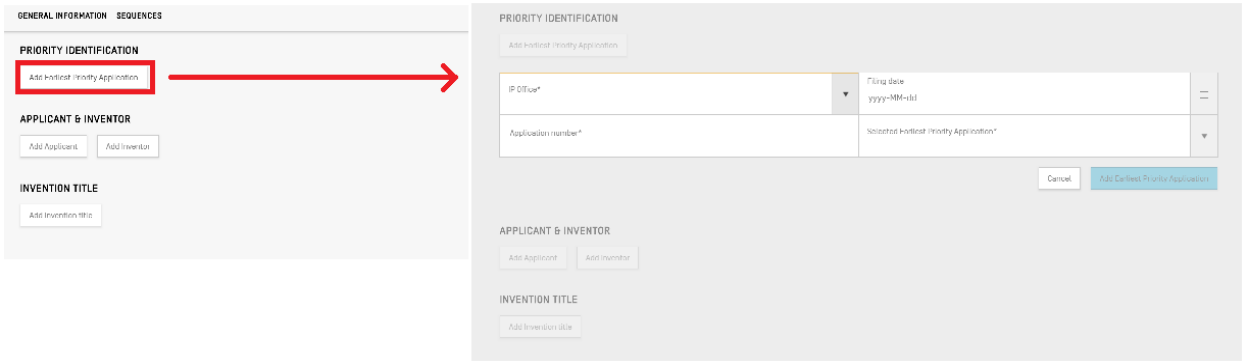


Figura 3. Superposición

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

3.1.5 Cuadros

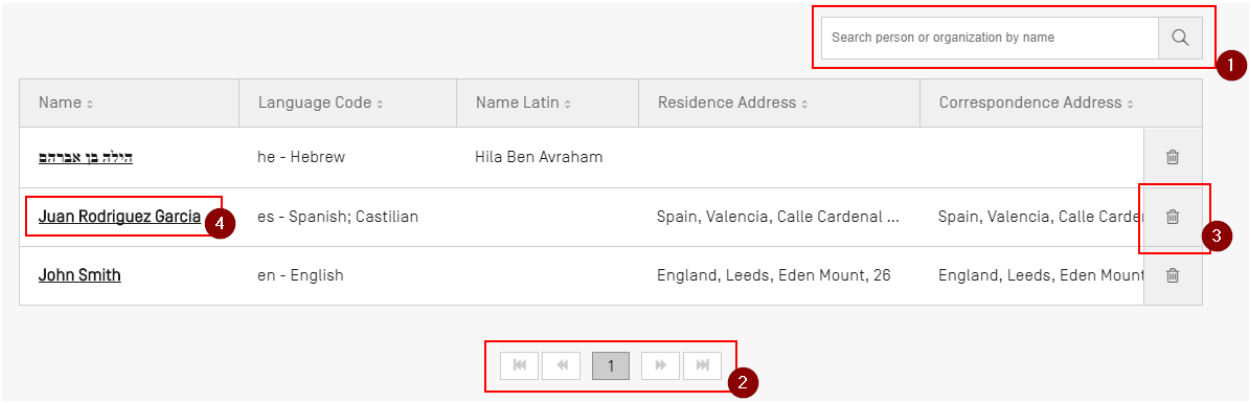


Figura 4. Cuadros

En la Figura 4 se muestra un ejemplo de cuadro. Cuando la función de búsqueda está activada dentro del cuadro, se pueden introducir datos relativos a lo que se busca y hacer clic en el icono de búsqueda situado a la derecha de la barra de búsqueda (1). Para que se vuelva a mostrar la lista completa de elementos del cuadro, hay que borrar los datos en la barra de búsqueda y hacer clic en el icono de búsqueda (1).

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

correspondiente (3). Para abrir la vista de edición de una entrada en un cuadro, se deberá hacer clic en el valor subrayado de la fila (el subrayado indica que el elemento se puede clicar) (4).

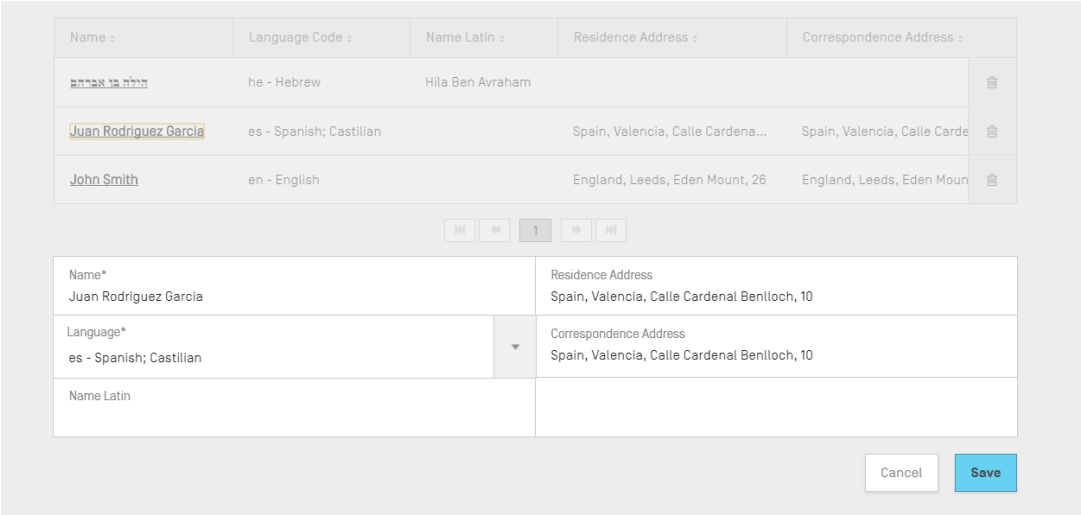


Figura 5. Edición de cuadro

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

3.1.6 Vistas de panel

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

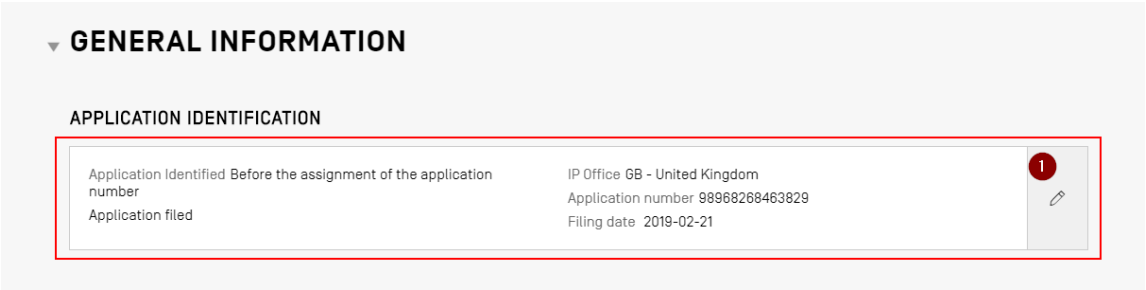


Figura 6. Vista de panel

Como se muestra en la Figura 6, cuando en una vista de panel se hace clic en el botón con el icono del lápiz (1), la vista de panel pasa a ser un panel de edición.

3.1.7 Paneles de edición

Cuando se abre un panel de edición, aparecen los campos que pueden modificarse. Una vez que se haya terminado de editar los valores de esos campos, se podrá guardar los cambios realizados o descartarlos haciendo clic en los botones “Save” (1) o “Cancel” (2), respectivamente (mostrados en la Figura 7).

Nota:

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

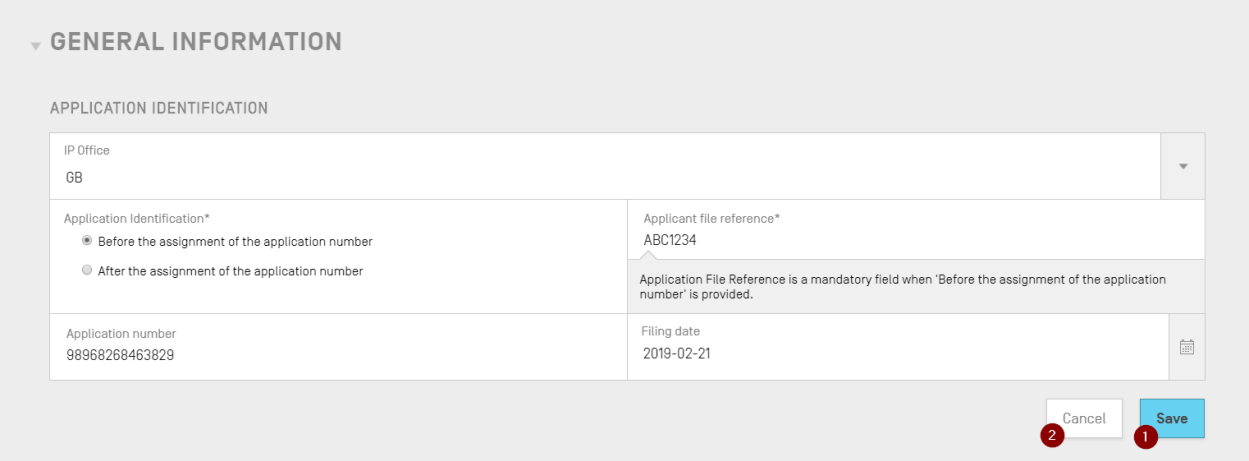


Figura 7. Panel de edición

3.1.8 Selectores de fecha

Siempre que se requiera introducir una fecha, podrá hacerse mediante un selector de fecha. Al hacer clic en el icono del calendario (1), se abrirá el selector de fecha (2), como se muestra en la Figura 8.

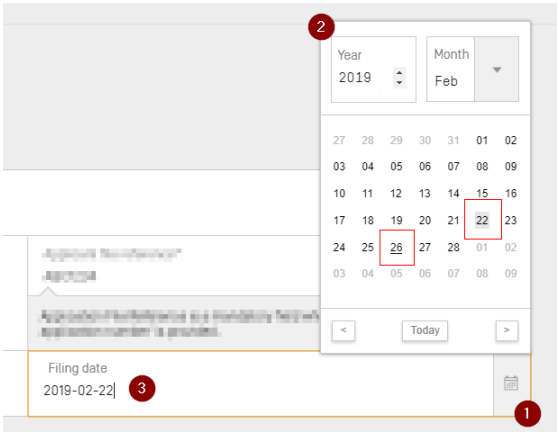


Figura 8. Selector de fecha

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

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

3.2 LECTOR DE PDF

Cuando se hace clic en el botón de impresión de un informe de verificación para una lista de secuencias concreta, de un informe de importación o de un conjunto de datos del proyecto, se genera un archivo PDF y se abre en un lector de PDF. Para descargar el archivo y guardarlo, se deberá hacer clic en el icono de descarga situado en la parte superior derecha del visualizador (1), mostrado en la Figura 9.

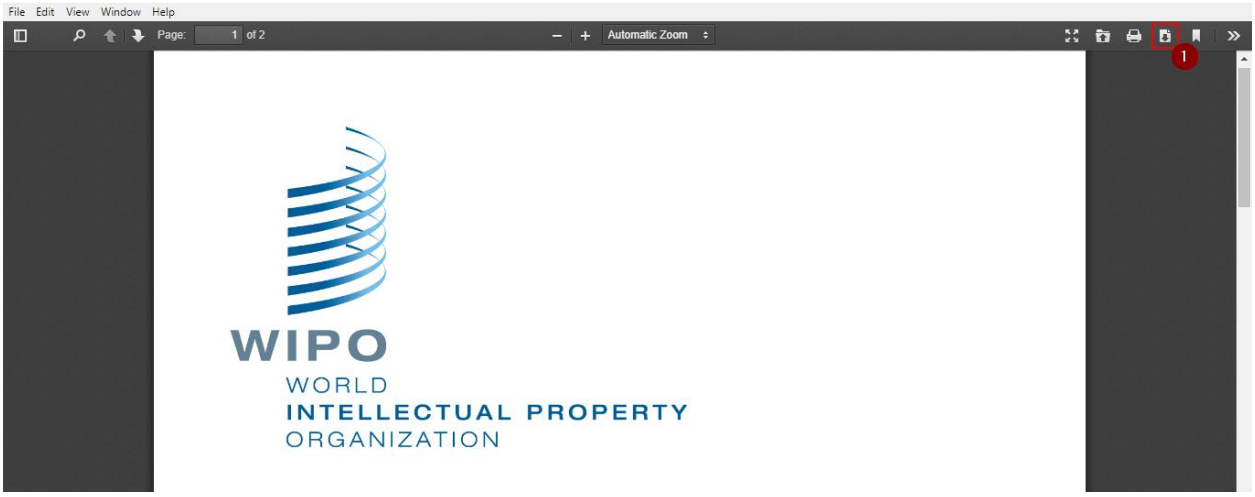


Figura 9. Visualizador de PDF

3.3 Navegación con el teclado

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

4 PÁGINA PRINCIPAL

La página principal de la herramienta consta de 3 vistas esenciales:

La vista de ***proyectos*** (Figura 10), la vista de ***personas y organizaciones*** (Figura 11) y la vista de ***organismos*** (Figura 12).

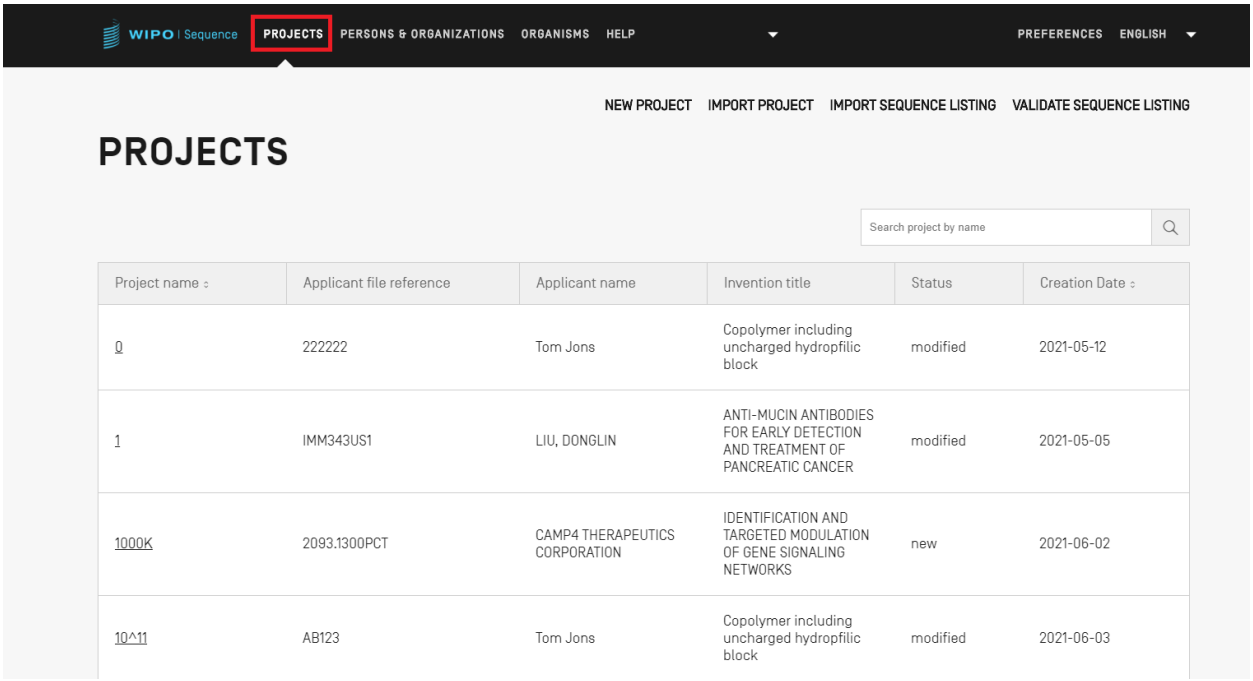


Figura 10. Vista de proyectos

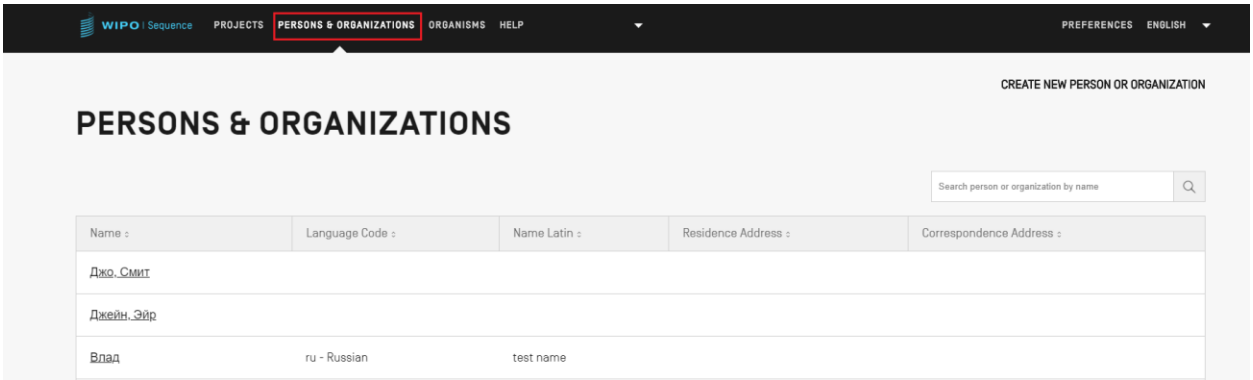


Figura 11. Vista de personas y organizaciones

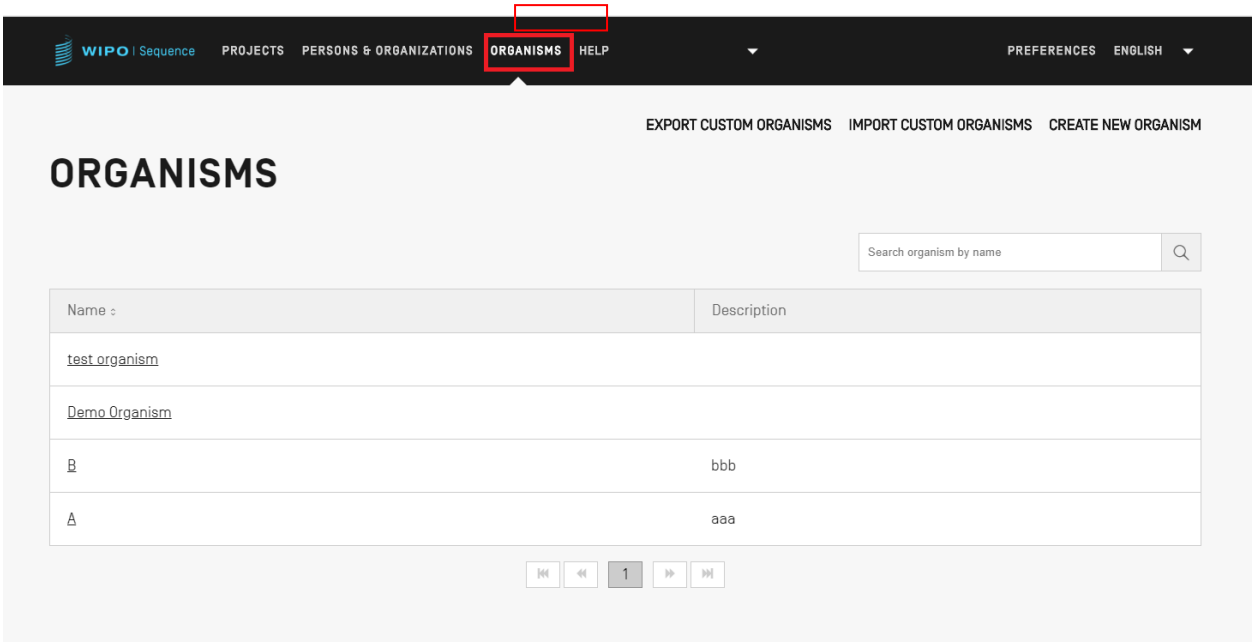


Figura 12. Vista de organismos

4.1 VISTA DE PROYECTOS

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

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

4.1.1 Crear proyecto

Para crear un proyecto nuevo, se deberá acceder a la lista de proyectos de la vista principal (véase la Figura 13).

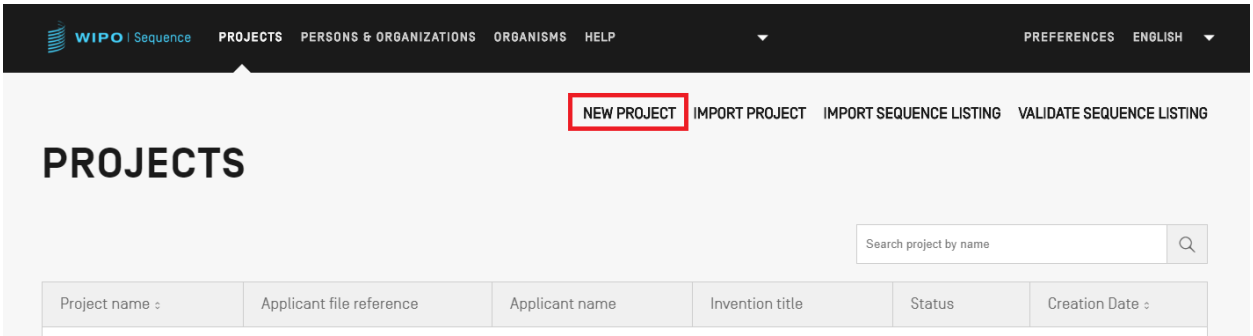


Figura 13. Proyecto nuevo – a)

1) Habrá que hacer clic en el enlace “NEW PROJECT” en la parte superior de la vista, marcado en la Figura 13. En la siguiente vista, la herramienta solicitará un nombre (obligatorio) y una descripción (opcional).

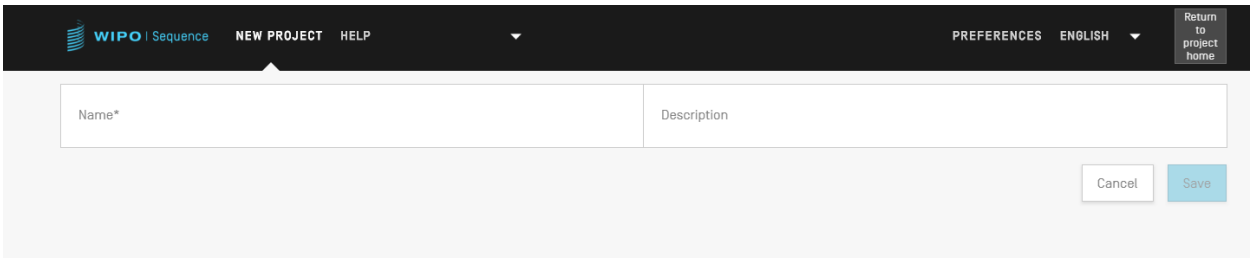


Figura 14. Proyecto nuevo – b)

2) Cuando se introduzca un valor en el campo del nombre, se activará el botón “Save” para poder guardar el proyecto nuevo. En la Figura 15 se muestra la lista de proyectos en la que se incluye el proyecto nuevo.

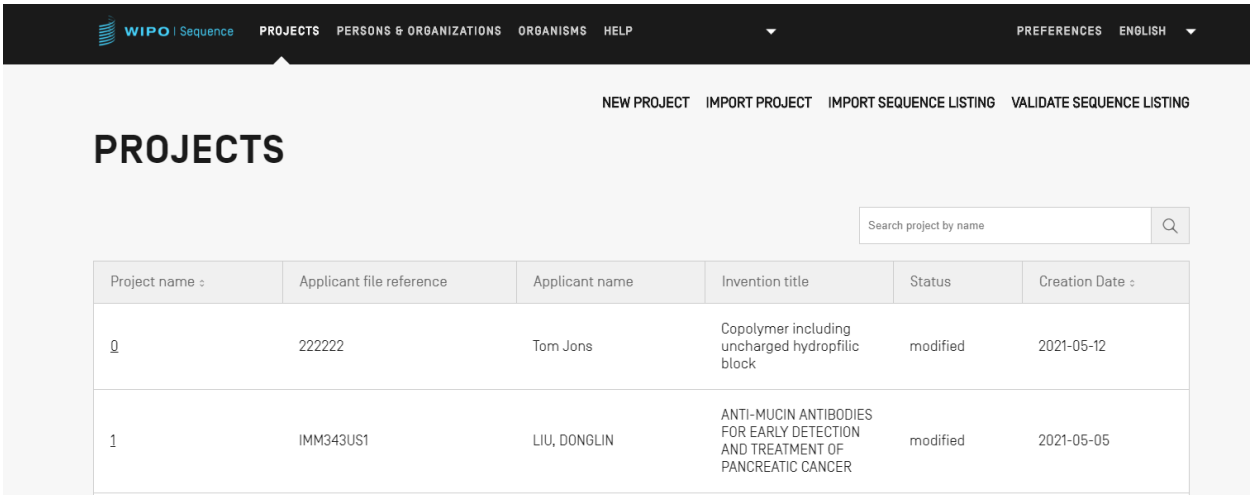


Figura 15. Proyecto nuevo – c)

4.1.2 Importar proyecto

Esta función permite importar a la herramienta un proyecto previamente exportado, según se describe en el apartado 5.1.1.4 Exportar proyecto. Para importar un archivo de proyecto, se deberá acceder a la vista de la lista de proyectos.

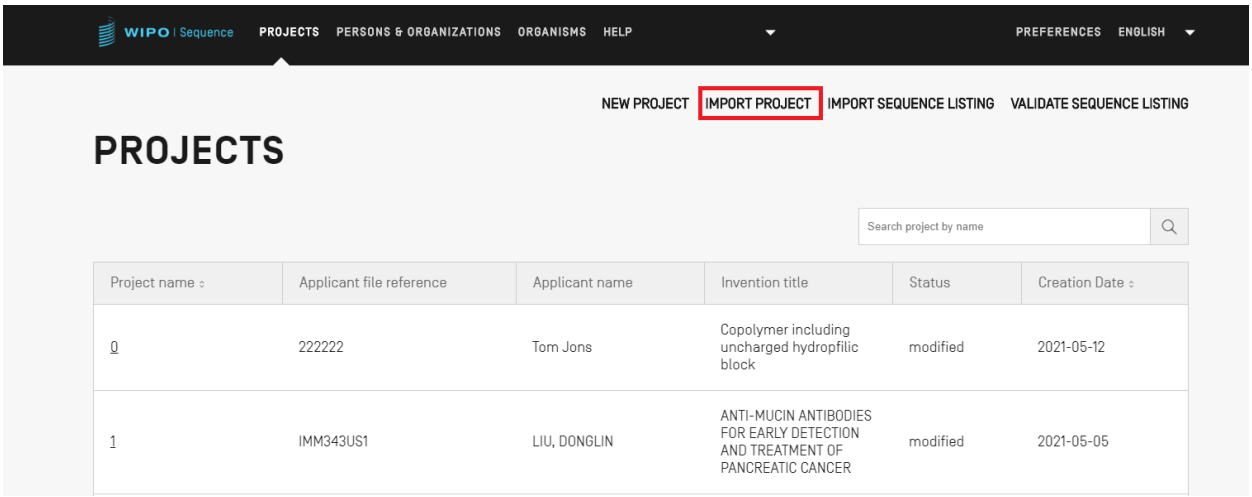


Figura 16. Importar proyecto

1) Habrá que hacer clic en el enlace “IMPORT PROJECT” situado en la parte superior de la vista, y marcado en la Figura 17.

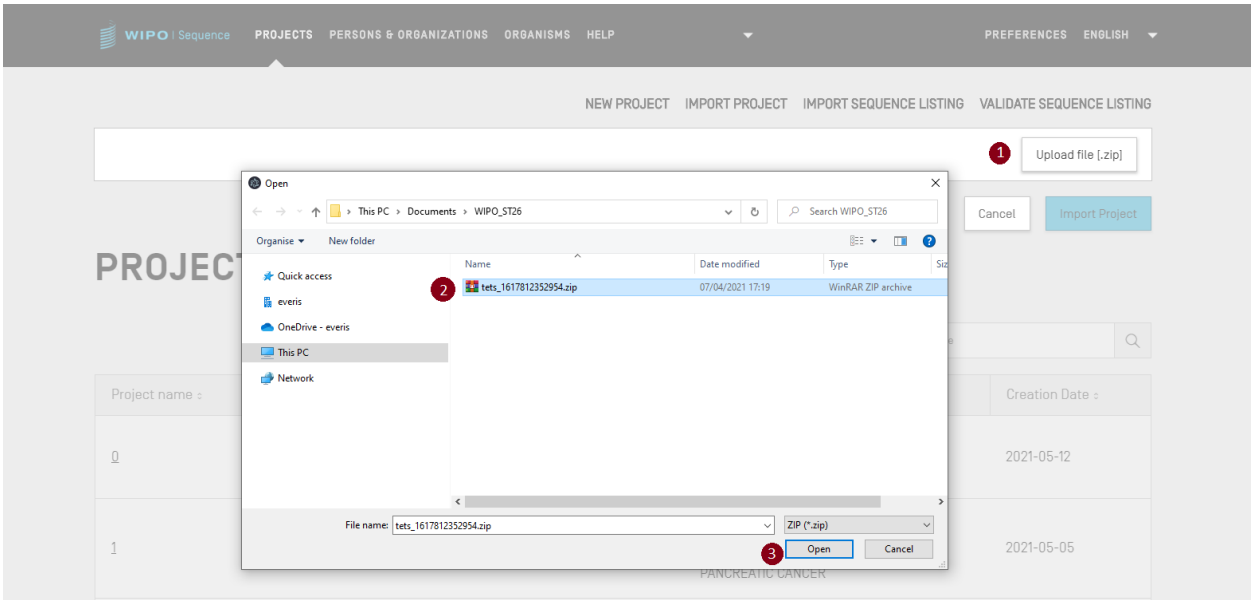


Figura 17. Cuadro de diálogo para importar proyecto

2) En la pantalla de superposición, mostrada en la Figura 17, se deberá hacer clic en el botón “Upload file [.zip]” (1).

3) En el cuadro de diálogo que se abre, mostrado en la Figura 18, se debe seleccionar el archivo de proyecto que se va a importar (2 y 3).

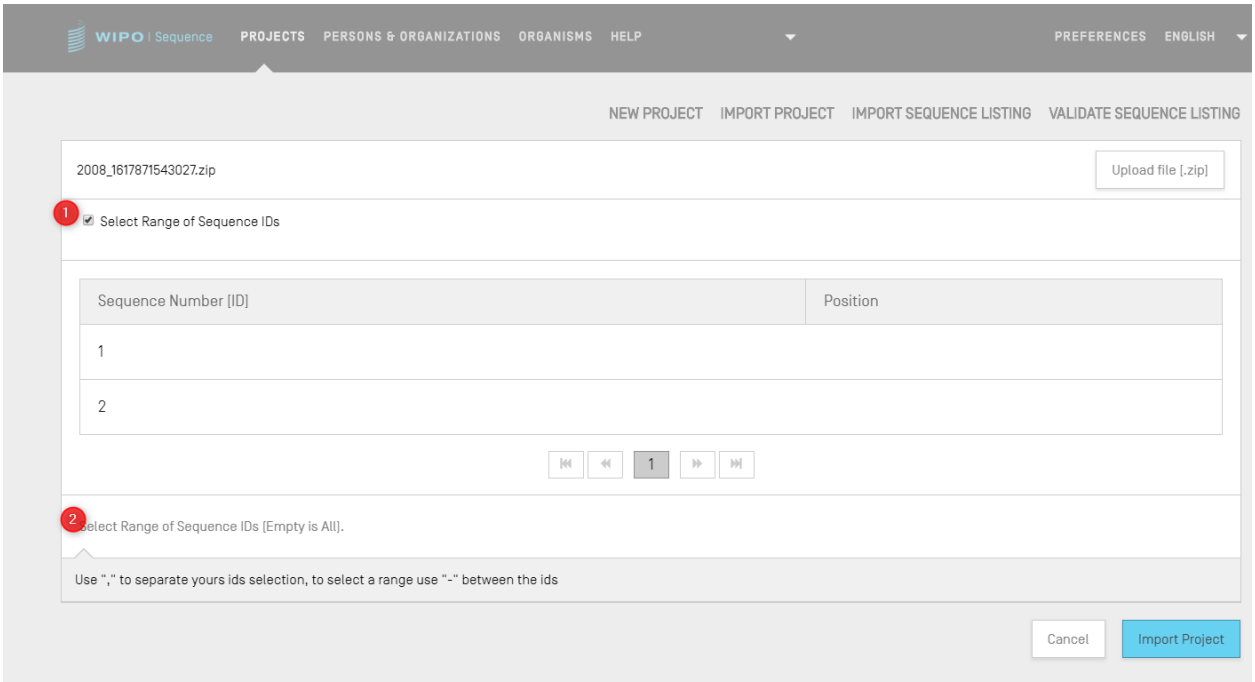


Figura 18. Selección de secuencias en la importación de proyecto

4) Si la casilla de verificación "Select Range Sequences" no está marcada, se importarán todas las secuencias. Para seleccionar las secuencias que se deseen importar al proyecto, se deberá marcar la casilla de verificación “Select Range Sequences” (1) e introducir los identificadores de dichas secuencias en el campo correspondiente (2) (véase la Figura 19). Se puede indicar una sola secuencia, una lista de secuencias mediante sus respectivos identificadores separados por comas o un intervalo de secuencias utilizando el formato x-y para introducir sus identificadores.

   Ejemplo: “1, 3, 7, 13-20, 30-50”.

5) Por último, se deberá hacer clic en el botón azul “Import Project” (3), que se muestra en la Figura 19.

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

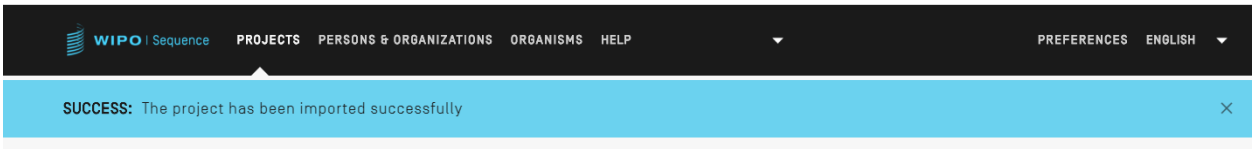


Figura 19. Mensaje relativo a la importación de proyecto

Error conocido: El sistema genera muchos errores no previstos al importar el proyecto: no está claro a qué se debe el error. Es posible que el código no contenga ningún error, pero este suele deberse con mayor frecuencia a que la herramienta se queda colgada. Se sugiere añadir un mensaje de tipo “Please try again” (“Inténtelo de nuevo”).

4.1.3 Importar lista de secuencias

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

1) En primer lugar, se deberá hacer clic en el enlace “IMPORT SEQUENCE LISTING” situado en la parte superior de la vista mostrada en la Figura 20.

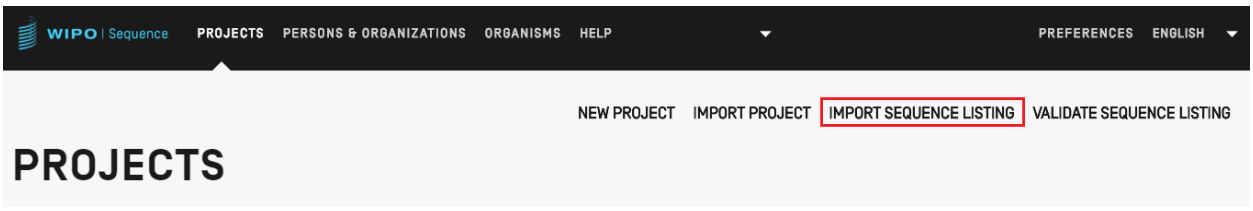


Figura 20. Importar lista de secuencias

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

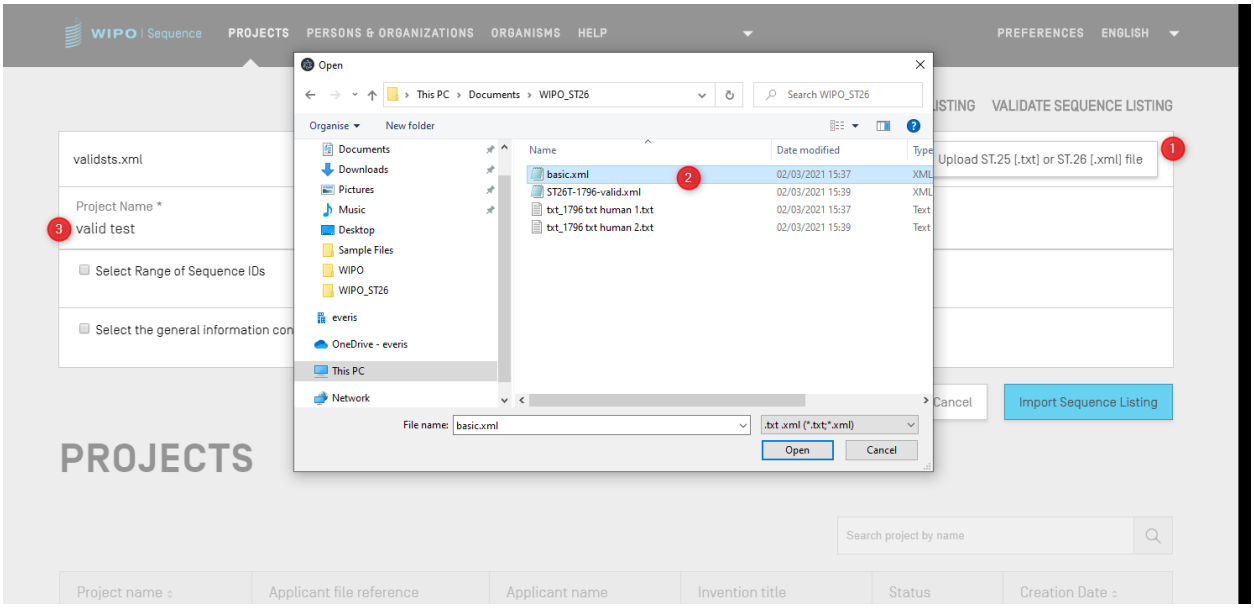


Figura 21. Cuadro de diálogo para importar lista de secuencias

En la Figura 22 se muestran las dos casillas de verificación que permitirán especificar las secciones que se importarán al proyecto nuevo: “Select Range Sequences” y “Select the general information contents to be imported”.

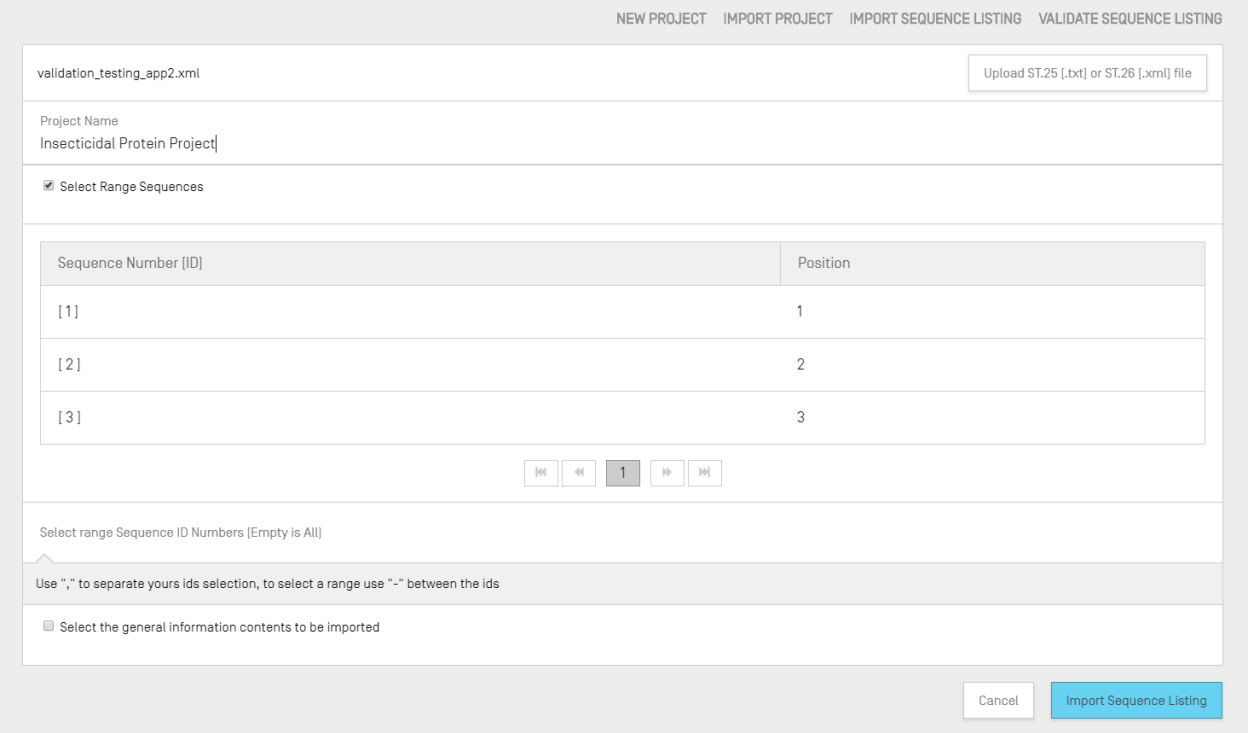


Figura 22. Selección de intervalo en la importación de lista de secuencias

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

Ejemplo: “1, 3, 7, 13-20, 30-50".

El cuadro mostrado en la Figura 22 tiene dos columnas, una correspondiente al identificador de secuencia y la otra a la posición en la que aparecerá cada secuencia en la lista de secuencias.

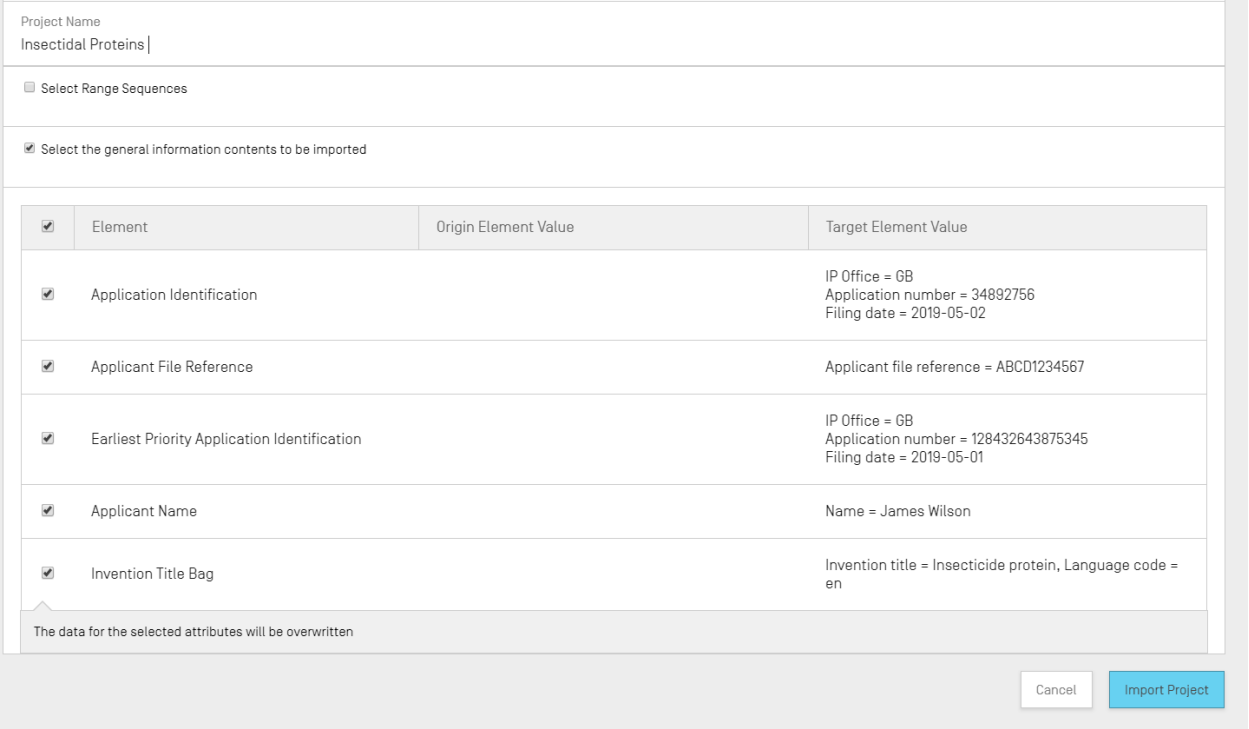


Figura 23. Selección de información general en la importación de lista de secuencias

Al marcar la segunda casilla de verificación se habilitará una lista de casillas de verificación que permitirán seleccionar los atributos que se deseen importar, como se muestra en la Figura 23.

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

Si la lista de secuencias se importó correctamente, aparecerá un cuadro de datos modificados, como el que se muestra en la Figura 24, en el que se informa de los cambios automáticos efectuados durante la importación en los datos de la lista de secuencias en formato ST.25, formato de varias secuencias o formato RAW, con el fin de ajustarlos a los requisitos de la Norma ST.26.

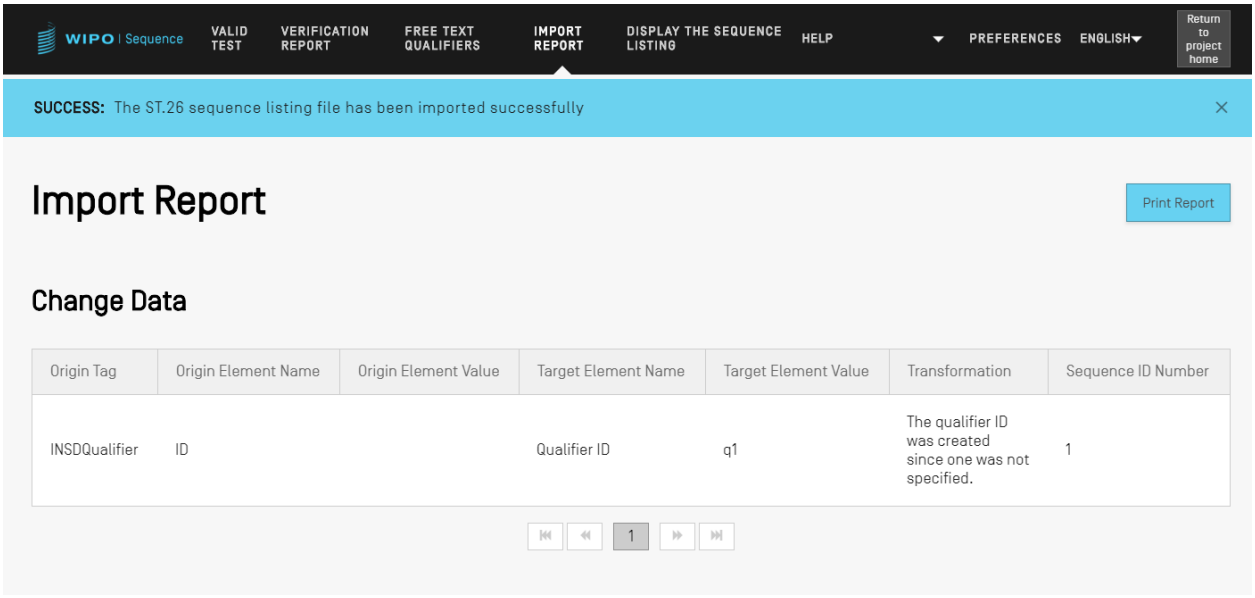


Figura 24. Datos modificados en la importación de lista de secuencias

Si el formato del archivo era ST.25, la vista de informe de importación incluirá un cuadro de informe de importación y un cuadro de datos modificados. En la Figura 24 se muestra un ejemplo de informe de datos modificados y en la Figura 25 un ejemplo de informe de importación.

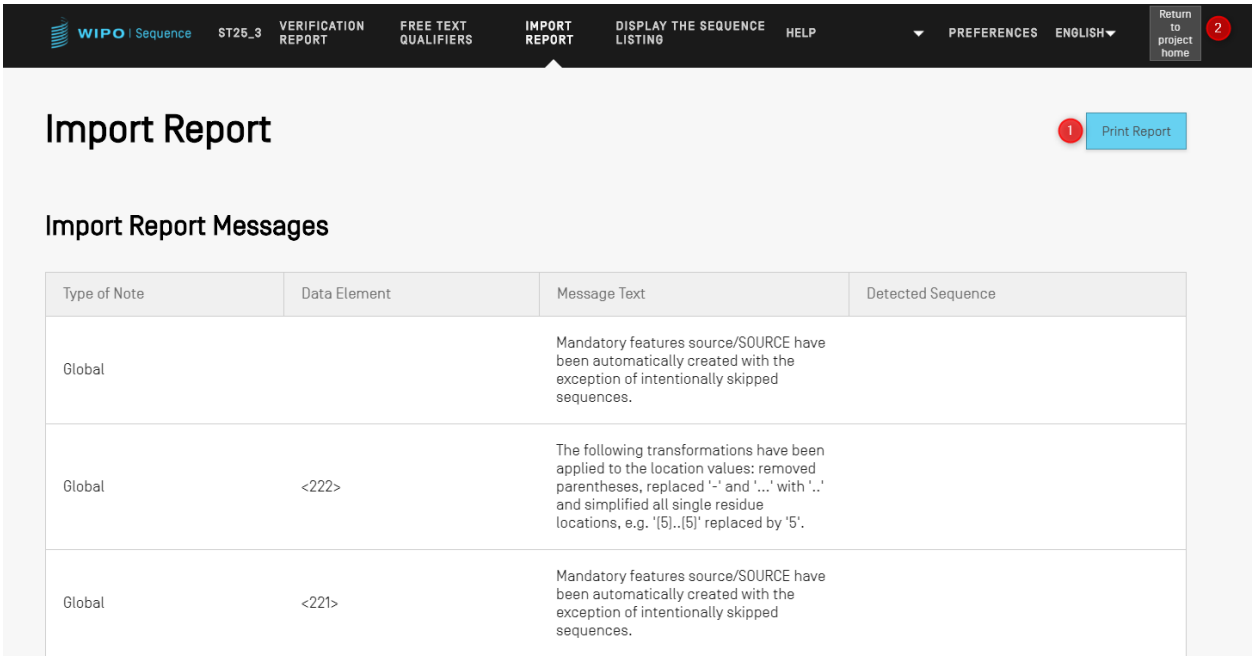


Figura 25. Informe de importación generado en la importación de lista de secuencias

Se podrá volver a la vista de proyectos (2) o imprimir un informe de los cambios en formato PDF (1), como se muestra en la Figura 25.

Para saber cómo se puede descargar el archivo PDF, véase la sección **2.2**.

El proceso de importación puede fallar si hay errores en el archivo de la lista de secuencias. En ese caso, tras el intento de importación, se notificará mediante un mensaje en fondo rojo que se ha producido un error durante la importación (véase la Figura 26).

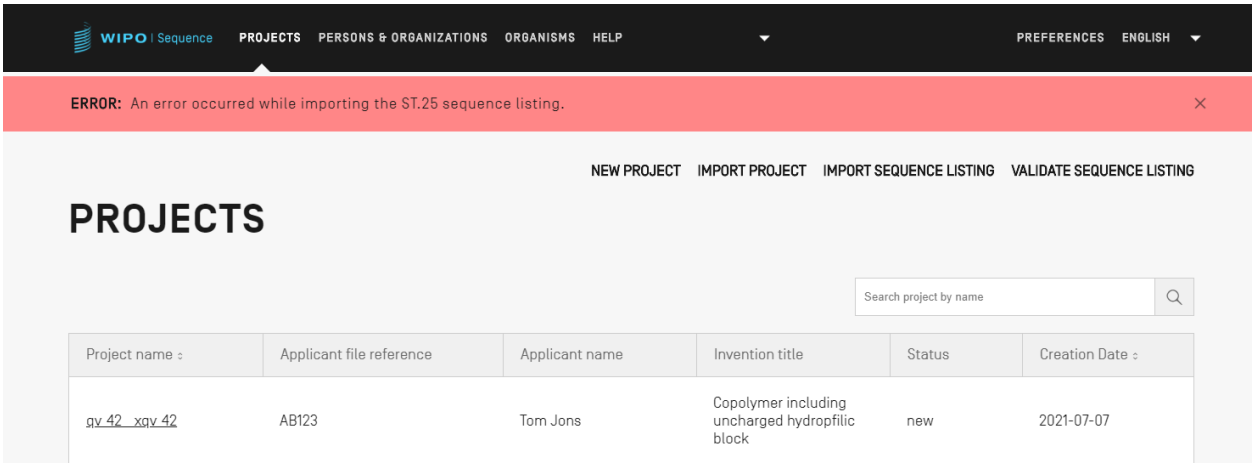


Figura 26. Informe de importación generado en la importación de una lista de secuencias en formato ST.26

Nota:
Para importar una lista de secuencias, el archivo en formato ST.26 ha de cumplir los siguientes requisitos:

- *Deberá estar codificado en formato UTF-8 y contener caracteres válidos de acuerdo con la especificación XML 1.0*[1]
- *Deberá contener una línea de declaración de tipo de documento (DOCTYPE) como la siguiente:*

```
<!DOCTYPE ST26SequenceListing PUBLIC "-//WIPO//DTD Sequence Listing 1.2//ES" "ST26SequenceListing_V1_3.dtd">
```

- *El atributo dtdVersion deberá ajustarse a la versión de la definición de tipo de documento (DTD):*

```
<ST26SEQUENCELISTING DTDVERSION="V1_3"…
```

- *Deberá ser compatible con el archivo ST26SequenceListing_V1_3.dtd.*

[1] Véase https://www.w3.org/TR/2006/REC-xml-20060816/Overview.html#charsets.

4.1.4 Validar la lista de secuencias

Se puede validar un archivo de listas de secuencias en formato ST.26 haciendo clic en el enlace “VALIDATE SEQUENCE LISTING” que aparece en la parte superior derecha de la vista de proyectos, como se muestra en la Figura 27.

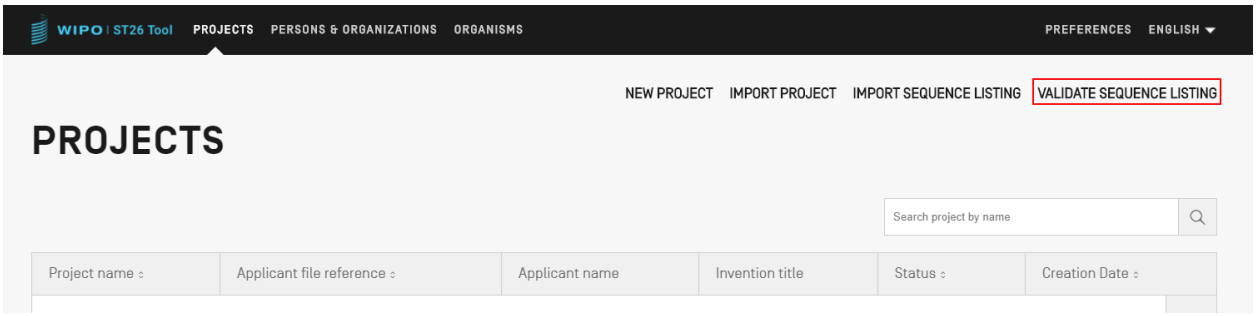


Figura 27. Validar lista de secuencias

A continuación, se deberá hacer clic en el botón “Upload file ST.26 [.xml]” (1), y luego seleccionar el archivo en el cuadro de diálogo (2).

Por último, habrá que hacer clic en el botón “Validate Sequence Listing” (3) (véase la Figura 28).

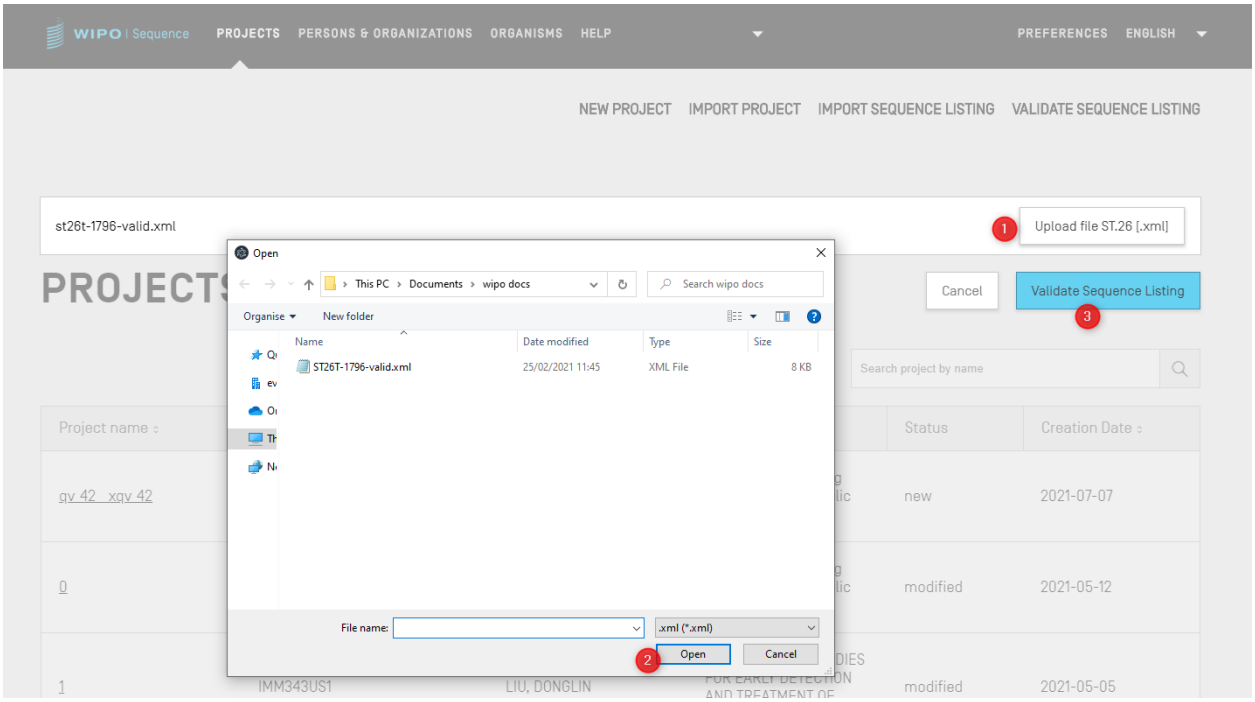


Figura 28. Cuadro de diálogo para validar la lista de secuencias

Si la lista de secuencias pasa la validación, aparecerá sobre fondo azul un mensaje como el que se muestra en la Figura 29:

Figura 29. Mensaje de validación de la lista de secuencias realizada correctamente

Si la lista de secuencias no supera la validación, se abrirá un informe de verificación en el navegador que incluirá un cuadro con los errores de validación, como se muestra en la Figura 30.

VERIFICATION REPORT

FILE INFORMATION

Production date	2019-07-17
Verification Report XML file path	C:\Users\bmcmulle\AppData\Roaming\ST26_authoring\Invalid_project.xml
Verification Report HTML file path	C:\Users\bmcmulle\AppData\Roaming\ST26_authoring\Invalid_project.html

VERIFICATION MESSAGES

Severity	Data Element	Message	Detected Value	Detected Sequence
WARNING	Qualifier Value	Verify that the value for the qualifier 'lab_host' contains the full binomial scientific name for the host organism.	source_free_text	1
ERROR	Qualifier Value	The mandatory qualifier value for qualifier EC_number is missing.		1
WARNING	Qualifier Value	Verify that the value for the qualifier 'EC_number' is in the format specified in WIPO ST.26 Annex I, Section 6, for this qualifier.	mat_peptide_free_text	1
WARNING	Feature Qualifiers	Verify that the 'note' qualifier describes the 'OTHER' value for the 'mod_base' qualifier.	modified_base_free_text	1
WARNING	Qualifier Value	Verify that the value for the qualifier 'frequency' is a fraction.	modified_base_free_text	1
WARNING	Feature Qualifiers	Verify that the 'note' qualifier describes the 'OTHER' or 'other' value for the "ncRNA_class', recombination_class', or 'regulatory_class' qualifiers.	ncRNA_free_text	1

Figura 30. Cuadro de errores de verificación en la validación de la lista de secuencias

La ubicación del archivo HTML se mostrará en la barra de navegación (1), lo que permite acceder al archivo y copiarlo en una ubicación diferente si así lo desea.

Se debe permitir que el archivo interno de comandos se ejecute en la máquina personal para que el formato se muestre correctamente (controles ActiveX en el navegador de Internet Explorer). Se debe hacer clic en "allow blocked content" para que el formato se cargue correctamente.

Nota:
Para validar una lista de secuencias, el archivo en formato ST.26 ha de cumplir los siguientes requisitos:

- *Deberá estar codificado en formato UTF-8 y contener caracteres válidos de acuerdo con la especificación XML 1.0*
- *Deberá contener una línea de DOCTYPE como la siguiente:*

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

- *El atributo dtdVersion deberá ajustarse a la versión de la DTD:*
- *Deberá ser compatible con el archivo ST26SequenceListing_V1_3.dtd.*

4.1.5 Eliminar proyectos

Para eliminar un proyecto, habrá que acceder a la vista de proyectos, mostrada en la Figura 31.

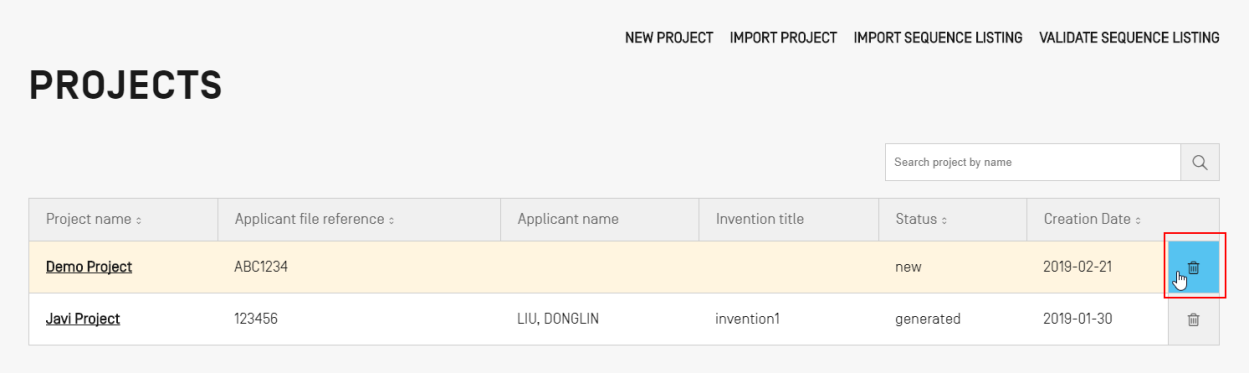


Figura 31. Eliminar proyecto

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

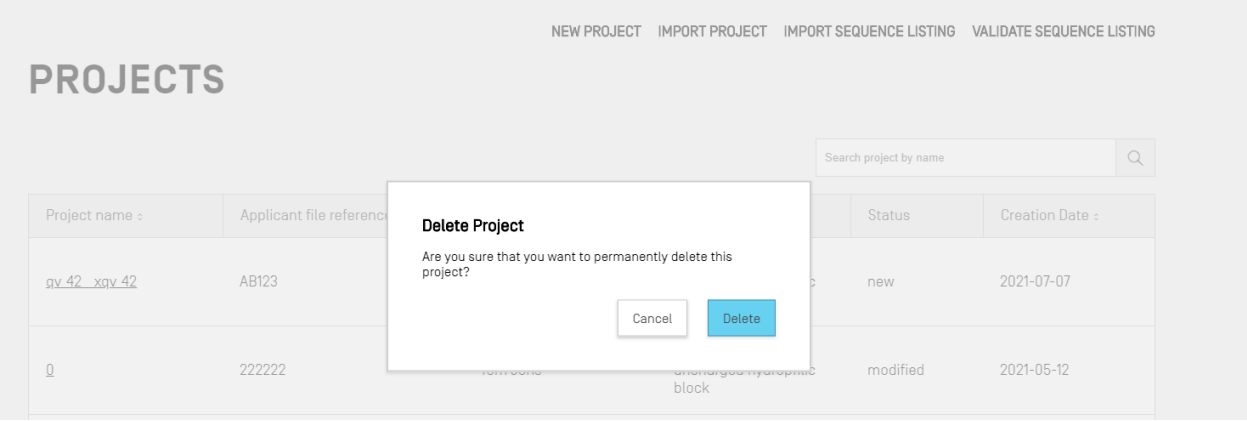


Figura 32. Confirmación de eliminación de proyecto

En la ventana emergente, habrá que hacer clic en “Delete” para confirmar que se desea eliminar el proyecto seleccionado.

4.2 PERSONAS Y ORGANIZACIONES

4.2.1 Crear

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

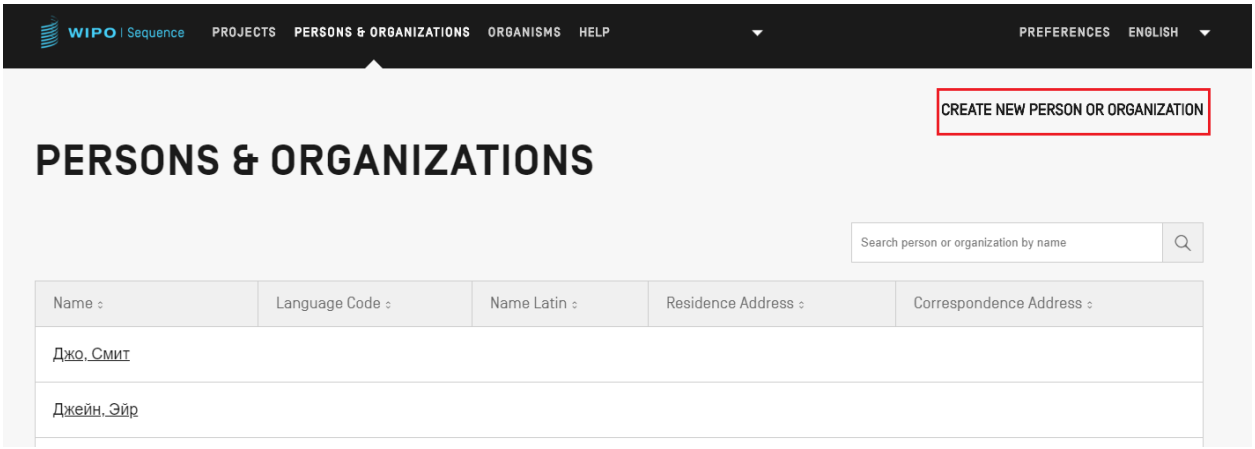


Figura 33. Crear nueva persona u organización

En primer lugar, se deberá hacer clic en el enlace “CREATE NEW PERSON OR ORGANIZATION” en la parte superior de la vista, mostrado en la Figura 34.

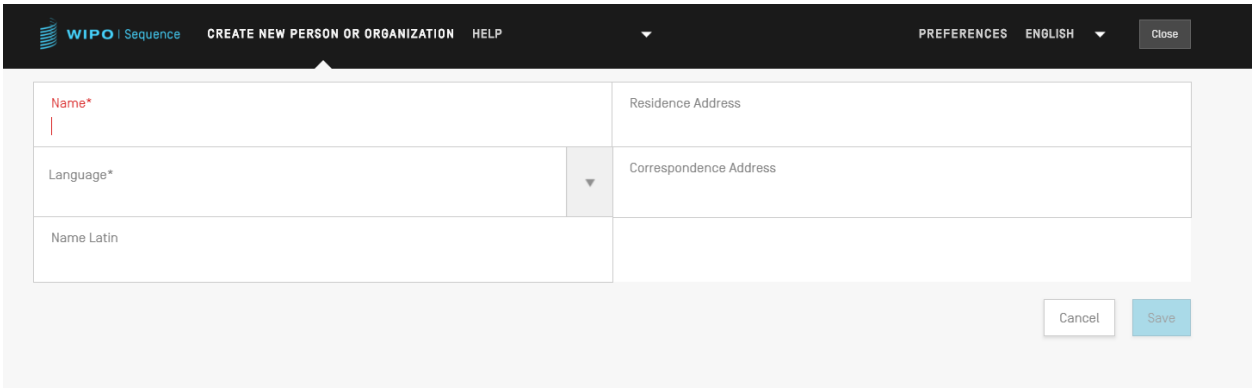


Figura 34. Panel para crear nueva persona u organización

En la vista siguiente, habrá que rellenar al menos los campos obligatorios (indicados con un ‘*’) correspondientes a los datos de la nueva persona u organización.

Si el nombre de la persona u organización no se escribe con caracteres latinos, deberá introducirse su versión latinizada en el campo “Name Latin”. Si no se proporciona ese dato, el proyecto no se validará cuando se genere la lista de secuencias en formato ST.26.

4.3 ORGANISMOS PERSONALIZADOS

Para crear, editar, importar, exportar o eliminar un organismo personalizado, habrá que acceder a la vista de organismos.

4.3.1 Crear organismos personalizados

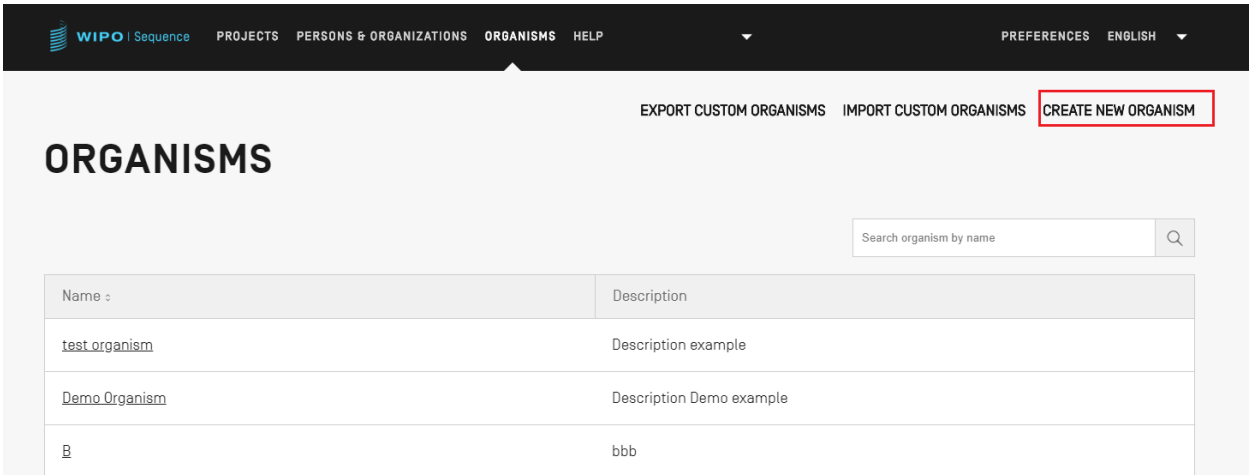


Figura 35. Crear nuevo organismo

Para introducir un nuevo organismo personalizado, hay que hacer clic en el enlace “CREATE NEW ORGANISM” situado en la parte superior de la vista, como se muestra en la Figura 35. En la siguiente ventana (Figura 36), se introducirá el nombre del nuevo organismo y se hará clic en “Save”.

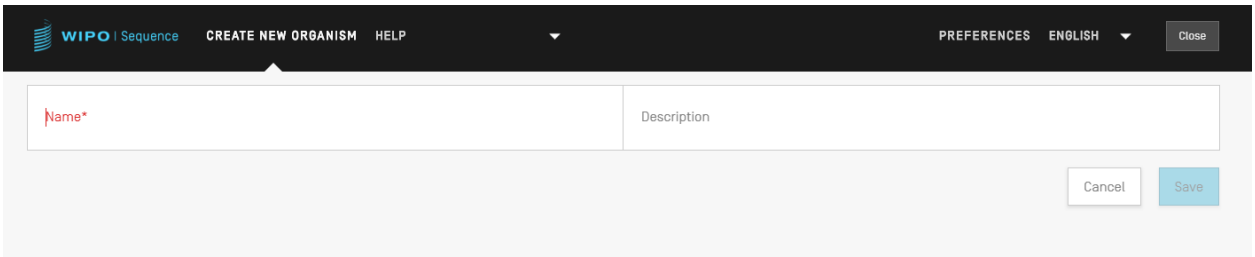


Figura 36. Formulario para crear nuevo organismo

4.3.2 Exportar organismos personalizados

Todos los organismos personalizados, y sus descripciones, que se encuentran almacenados en la herramienta pueden exportarse y guardarse en un archivo de texto de modo que la lista de organismos puede modificarse fuera de la herramienta o importarse posteriormente. Para exportar dicha lista, en primer lugar, hay que hacer clic en el enlace “EXPORT CUSTOM ORGANISMS”, que aparece marcado en la Figura 37:

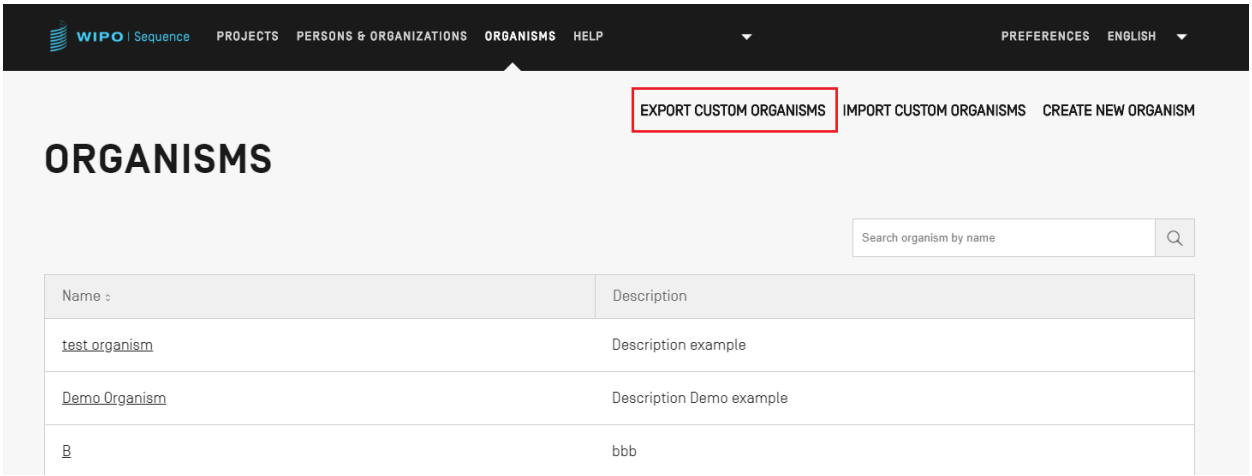


Figura 37. Exportar organismos personalizados

A continuación, se abrirá un cuadro de diálogo en el que se podrá asignar un nombre al archivo y elegir su ubicación (véase la Figura 38).

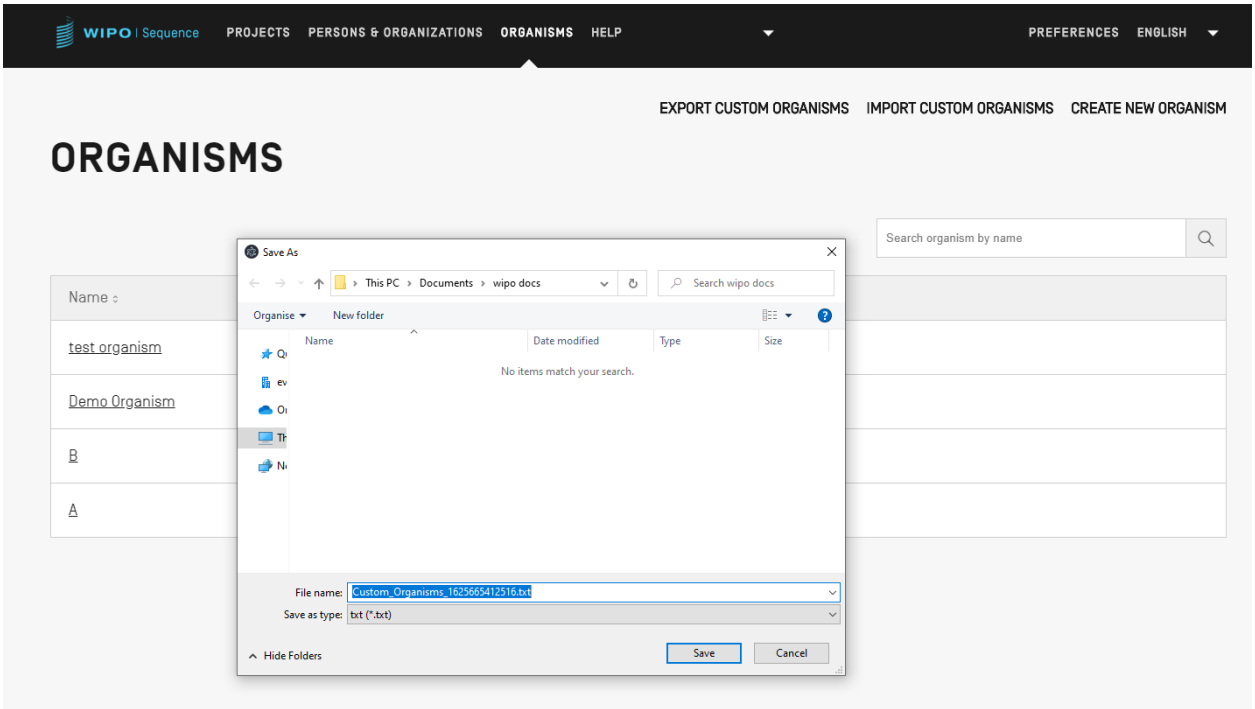


Figura 38. Cuadro de diálogo para exportar organismos personalizados

Para consultar un ejemplo de archivo que se exporta en formato .txt y donde se incluyen tanto el nombre como la descripción del organismo —los cuales pueden editarse e importarse a la herramienta— véase la Figura 39.

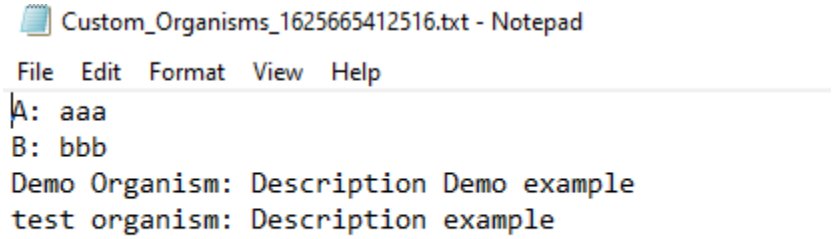


Figura 39. Ejemplo de archivo de organismo especializado

4.3.3 Importar organismos personalizados

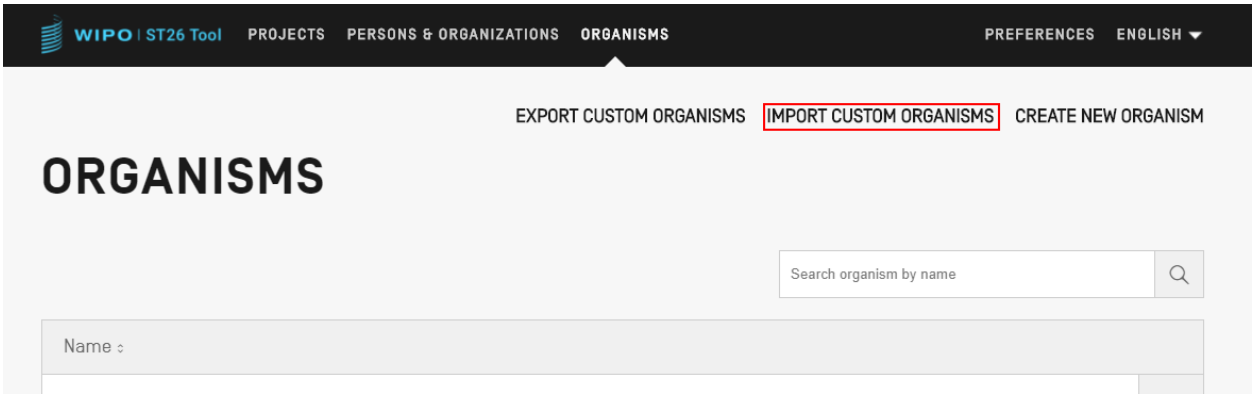


Figura 40. Importar organismos personalizados

Para importar la lista de organismos personalizados, en primer lugar, se hará clic en el enlace “IMPORT CUSTOM ORGANISMS” situado en la parte superior de la vista de organismos, como se muestra en la Figura 40. Aparecerá entonces una superposición debajo del cuadro de organismos, como se muestra en la Figura 41.

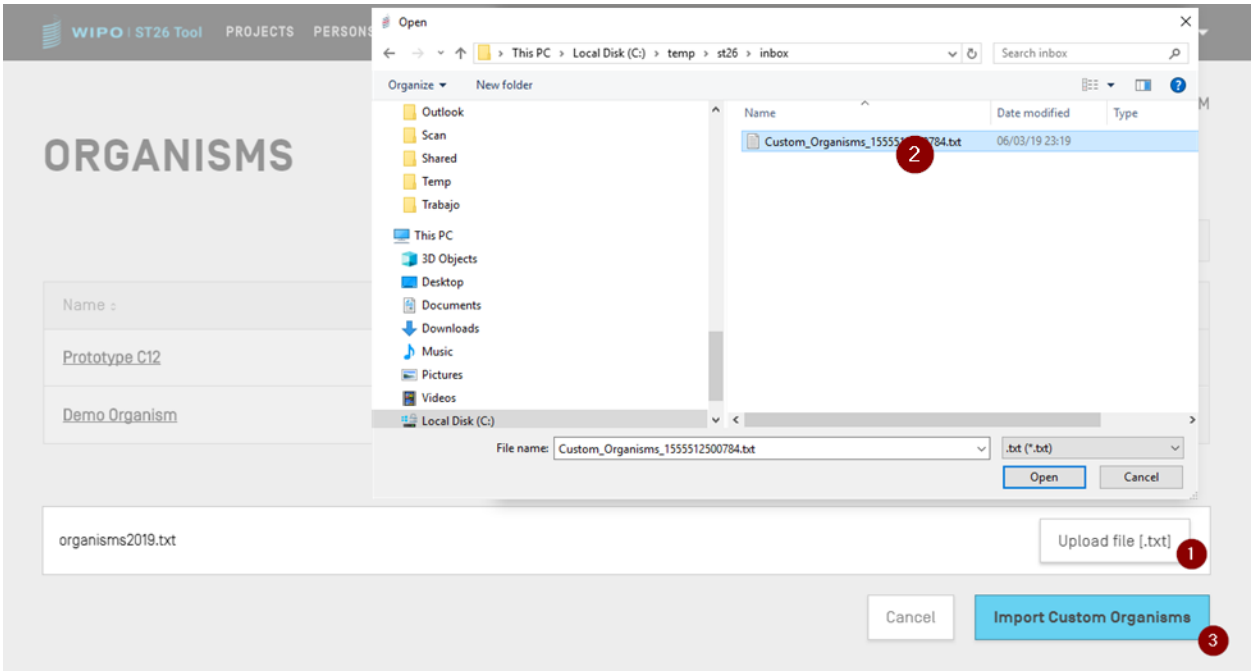


Figura 41. Cuadro de diálogo para importar organismos personalizados

1) Se deberá hacer clic en el botón “Upload file [.txt]” (1).

2) Se seleccionará en el cuadro de diálogo que se abre el archivo de los organismos personalizados (2).

3) Y, por último, se hará clic en el botón azul “Import Custom Organisms” (3).

Nota:

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

4.4 PREFERENCIAS DEL SISTEMA

La vista de preferencias del sistema permite modificar varios parámetros de configuración de WIPO Sequence. Los valores establecidos para dichos parámetros se aplicarán a todos los proyectos creados o editados con la herramienta (véase la Figura 42).

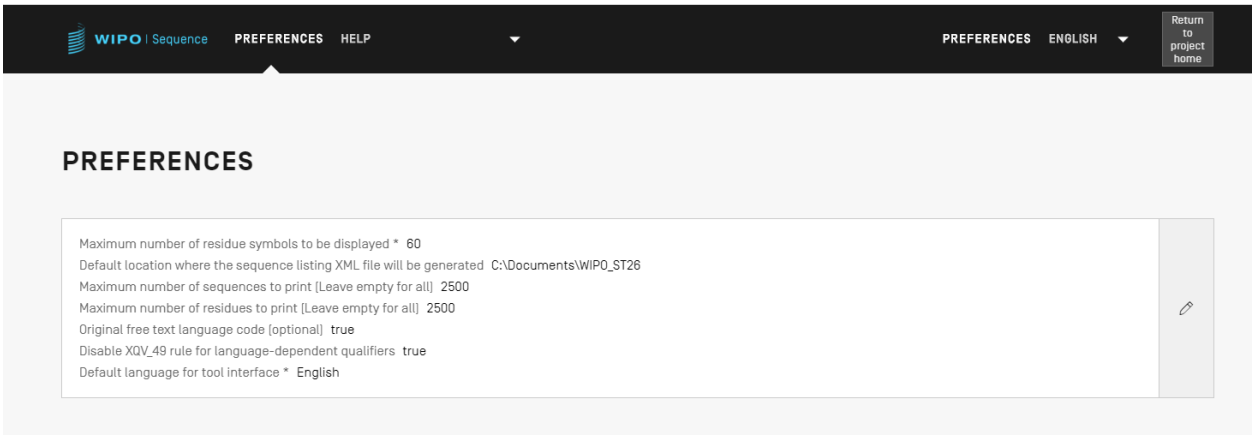


Figura 42. Resumen de las preferencias del sistema

Para modificar las preferencias del sistema, habrá que hacer clic en el icono del lápiz que aparece en la vista, lo que abrirá el panel de edición mostrado en la Figura 43:

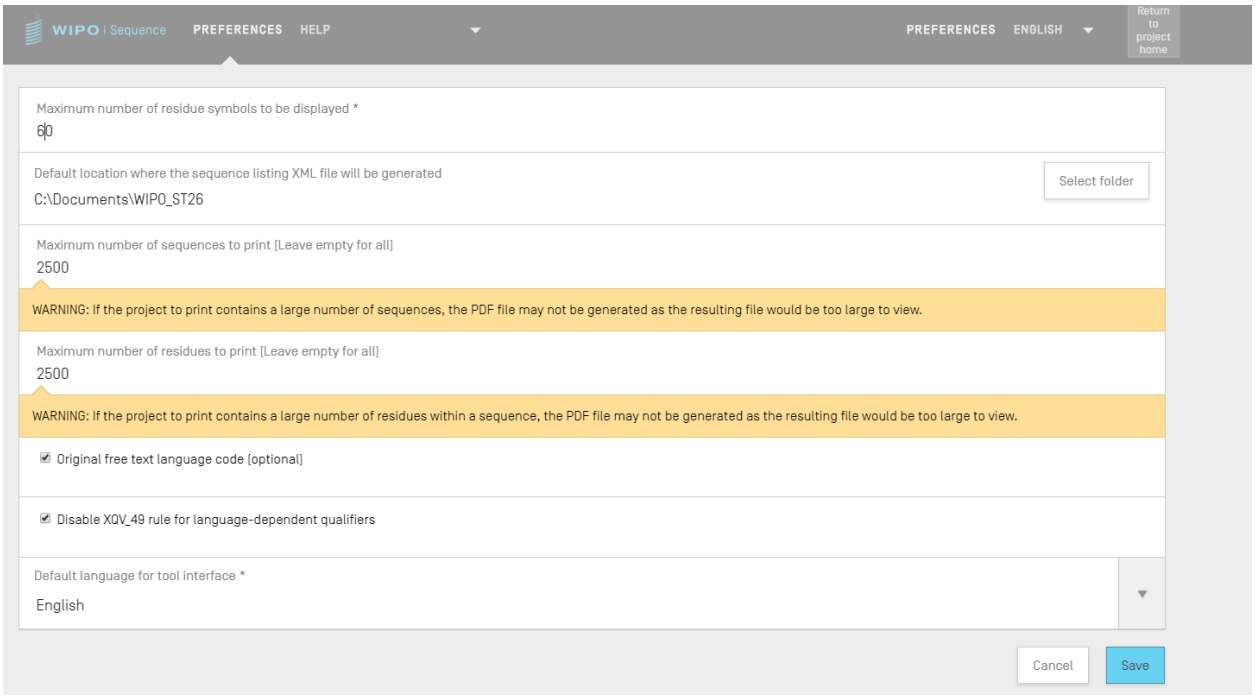


Figura 43. Configuración de las preferencias del sistema

Los parámetros de configuración que se pueden modificar en ese panel son:

- El número máximo de símbolos de residuos que se mostrarán. Este parámetro establece el número de residuos que se mostrarán por fila cuando se visualice una secuencia, y que, por defecto, es de 60 residuos;

- La ubicación predeterminada donde se generará el archivo XML de la lista de secuencias en formato ST.26;

- El número máximo de secuencias que se imprimirán. Para imprimirlas todas se debe dejar en blanco. El valor por defecto es de 1.000 secuencias;
- El número máximo de residuos que se imprimirán. Para imprimirlos todos se debe dejar en blanco. El valor por defecto es de 1.200 residuos.
- Código por defecto de idioma del texto libre original: activado
- Desactivar XQV_49: activado
- Idioma por defecto de la interfaz: inglés

Nota:

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

5 PÁGINA DEL PROYECTO

La página de proyecto se compone de seis vistas que permiten navegar entre las diferentes tareas (véase la Figura 44):

1. Vista de datos de proyecto (1) (se utiliza el nombre del proyecto en el enlace de acceso);
2. Vista de informe de verificación (2);
3. Vista de calificadores de texto libre (3);
4. Vista de informe de importación (4);
5. Vista de visualización de lista de secuencias (5);
6. Menú de ayuda; y
7. Vista de preferencias (6).

Figura 44. Cabecera de la página de proyecto

Se puede volver a la vista de proyectos (en la página principal) haciendo clic en el botón “Return to project home” (8) situado en el extremo derecho de la cabecera de la página de proyecto.

5.1 DATOS DEL PROYECTO

5.1.1 Información básica

En la parte superior de la vista de datos de proyecto aparece un cuadro con la información básica del proyecto, como se muestra en la Figura 45.

La información básica incluye:

- El nombre del proyecto
- La fecha de creación
- El estado del proyecto (posibles valores: nuevo, modificado, generado, no válido, válido, advertencia)
- El nombre del archivo importado (en caso de que el proyecto se haya importado)
- La descripción del proyecto
- El número de secuencias (calificado con la etiqueta ‘Sequences')
- El código del idioma de origen para los calificadores de texto libre
- El código de idioma para el texto libre distinto del inglés
- El código del idioma del texto libre de origen
- La posibilidad de añadir automáticamente un calificador de traducción cuando se crea una característica “CDS”

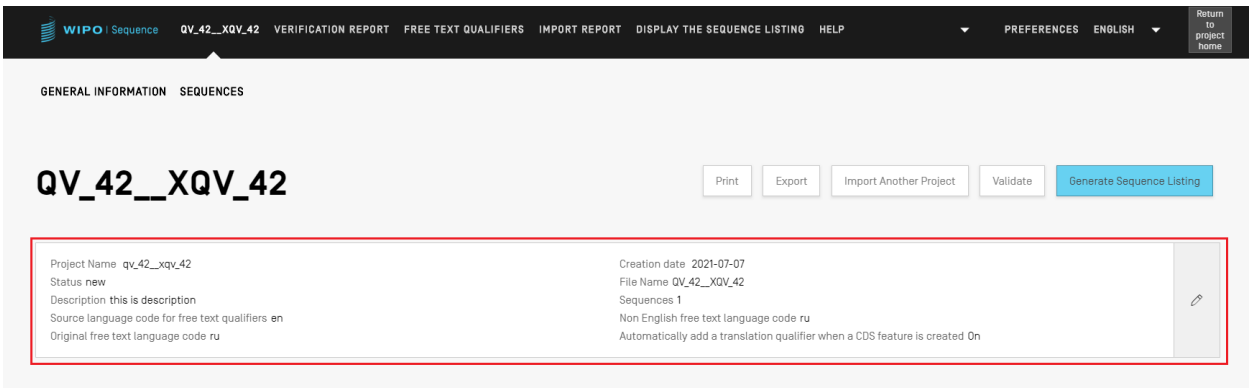


Figura 45. Sección de información básica

5.1.1.1 Imprimir proyecto

Se puede imprimir un proyecto específico entrando en la correspondiente vista de datos de proyecto y haciendo clic en el botón “Print” situado en la parte superior de dicha vista (véase la Figura 46).

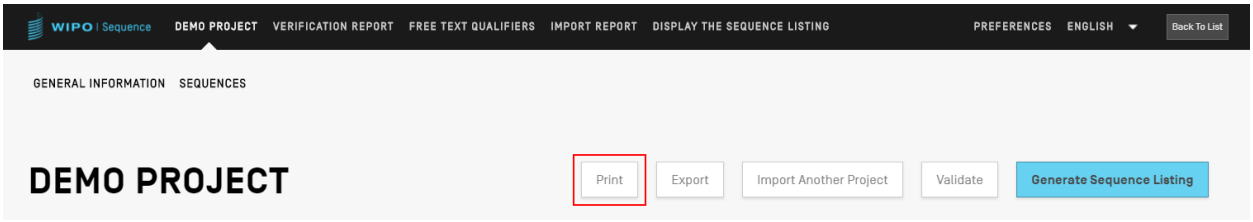


Figura 46. Imprimir proyecto

A continuación, aparecerán dos casillas de verificación para seleccionar la información que se desea imprimir del proyecto: información general y/o información de la secuencia (véase la Figura 47).

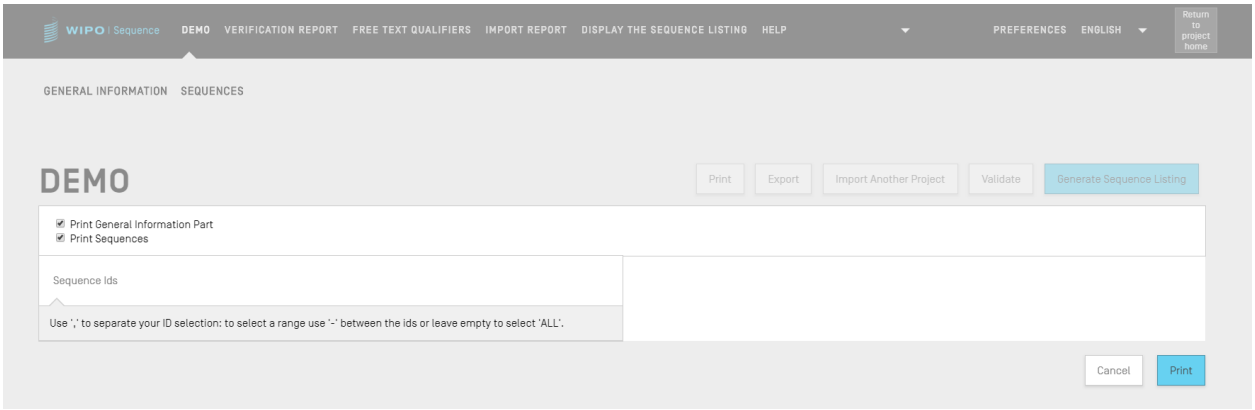


Figura 47. Sección de selección de información en el panel de imprimir proyecto

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

Tras hacer clic en el botón azul “Print”, si el archivo PDF se genera correctamente, la herramienta lo abrirá en un lector de PDF en el que se podrá revisar.

Para saber cómo se puede descargar el archivo PDF, véase la sección **3.2.**

5.1.1.2 Importar información de otro proyecto

Se podrá copiar en el proyecto que esté abierto información de otros proyectos almacenados en la herramienta. La información importada podrá proceder de la sección “General Information”, la sección “Sequences”, o de ambas.

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

En primer lugar, se deberá hacer clic en el botón “Import Another Project”, situado en la parte superior de la vista de datos de proyecto (véase la Figura 48).

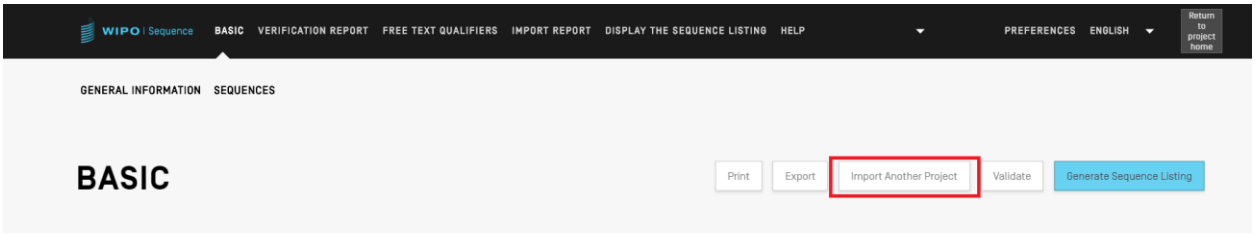


Figura 48. Importar otro proyecto

Se abrirá una superposición, como se muestra en la Figura 49. Habrá que seleccionar primero el proyecto del que se desea importar información.

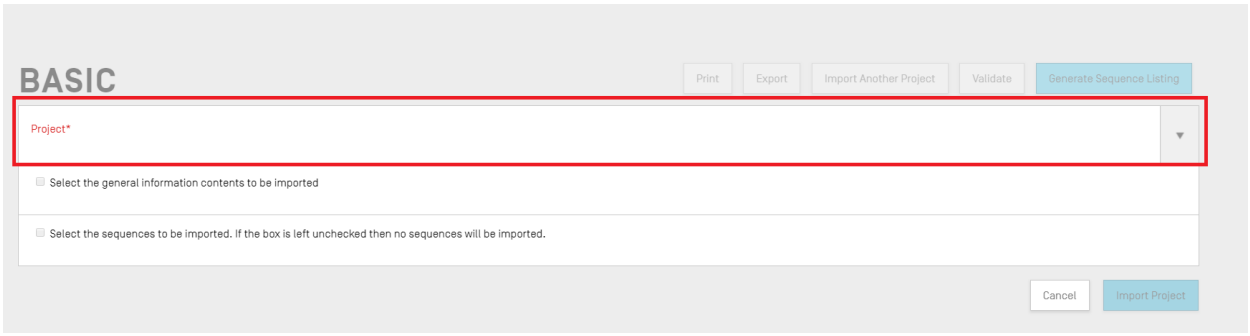


Figura 49. Selección de proyecto de destino en el panel para importar otro proyecto

A continuación, como se muestra en la Figura 50, se podrá marcar la casilla de verificación para incluir datos de la sección de información general (1) del proyecto y también introducir un intervalo de identificadores de secuencia (2) para especificar las secuencias que se desean importar al proyecto en curso.

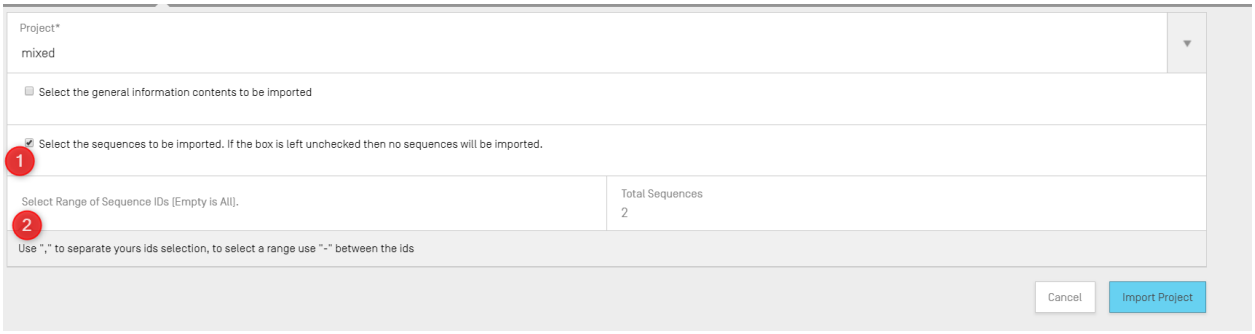


Figura 50. Panel para importar otro proyecto

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

Entonces habrá que seleccionar los datos de información general que serán reemplazados en el proyecto de destino por los correspondientes del proyecto de origen, como se muestra en la Figura 51.

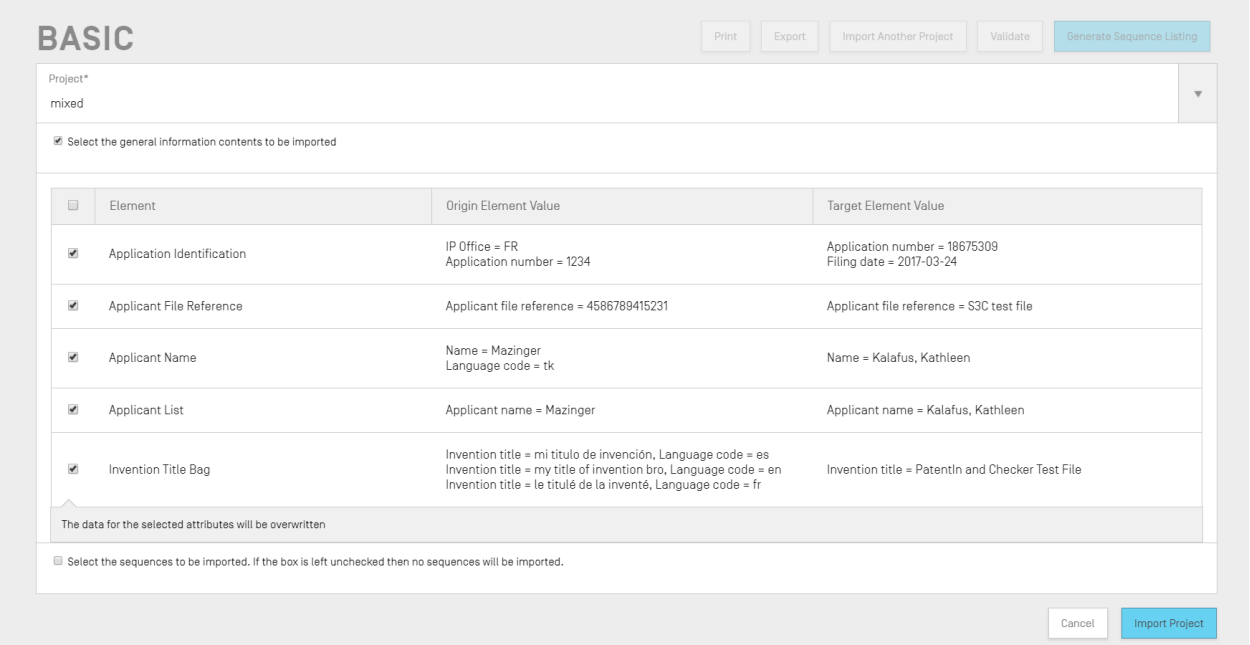


Figura 51. Selección de datos de información general en el panel para importar otro proyecto

Por último, una vez que se han seleccionado los datos de información general y las secuencias que se desean importar al proyecto, se deberá hacer clic en el botón azul “Import Project”, que se muestra en la parte inferior de la Figura 51.

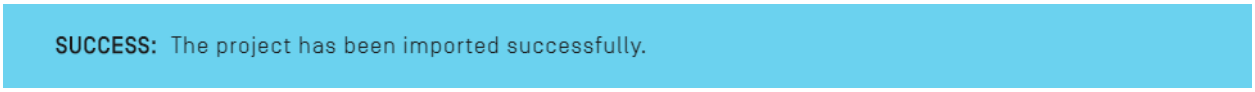


Figura 52. Mensaje de importación de otro proyecto realizada correctamente

Si la importación se lleva a cabo correctamente, aparecerá sobre fondo azul un mensaje como el que se muestra en la Figura 52.

5.1.1.3 Validar proyecto

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

Para validar un proyecto, se deberá hacer clic en el botón “Validate” situado en la parte superior de la vista de datos de proyecto, y marcado en la Figura 53.

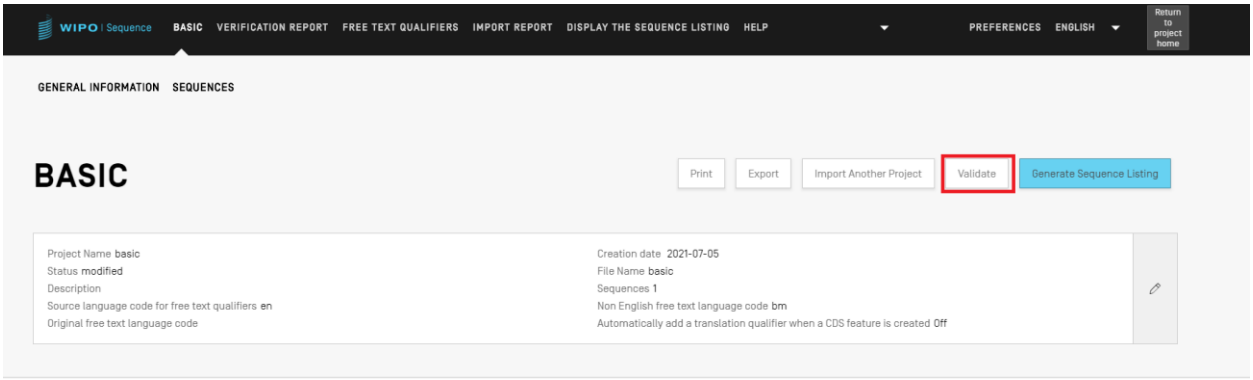


Figura 53. Validación de proyecto

Una vez finalizada la validación, aparecerá la vista de informe de verificación con los errores o advertencias de verificación que se hayan podido producir. En la Figura 54 se muestra el mensaje que aparecerá si el resultado de la validación es satisfactorio.

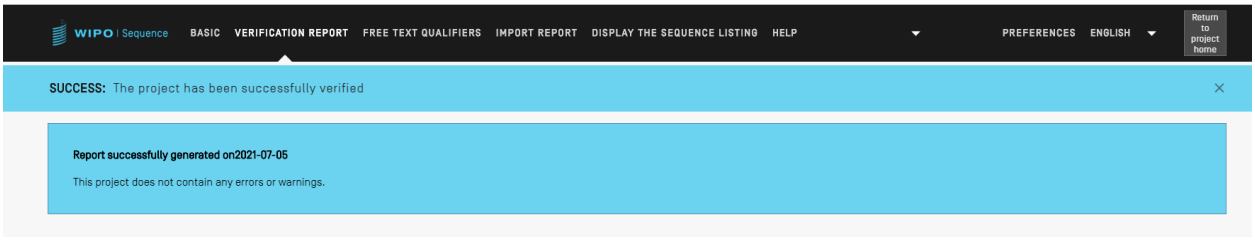


Figura 54. Proyecto validado sin errores

Si durante el proceso de validación se producen errores o advertencias, se generará un informe de verificación que incluirá un cuadro con las normas y directrices de verificación que se han incumplido. En la Figura 55 se muestra un ejemplo de informe de verificación. En cada fila del cuadro se indica si se trata de un error, que deberá resolverse, o de una advertencia, que podrá ser ignorada.

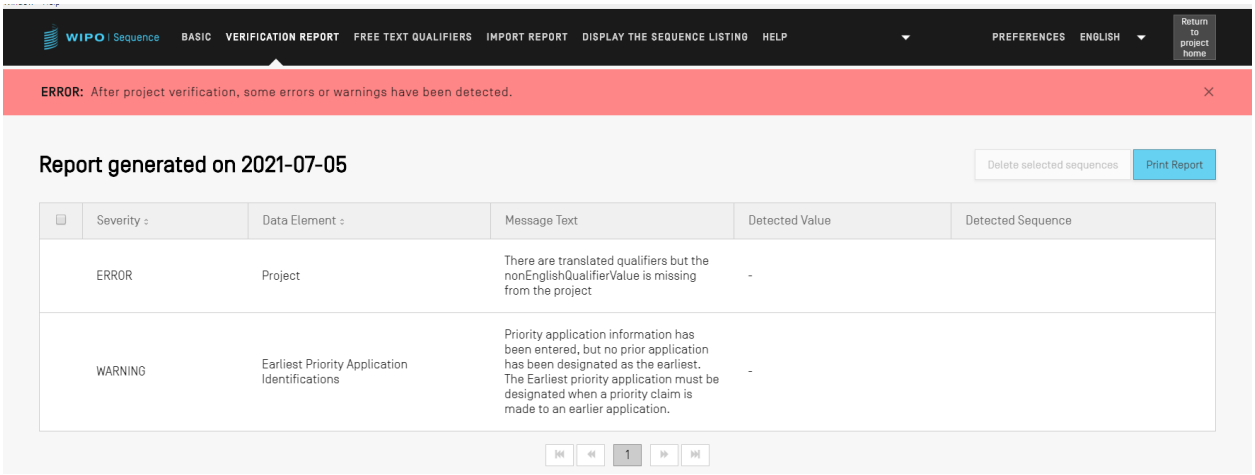


Figura 55. Proyecto validado con errores y advertencias

5.1.1.4 Exportar proyecto

Se podrá exportar cualquier proyecto a un archivo .zip para tener una copia de seguridad de los datos del proyecto o, si se desea, para importarlo desde otra computadora de escritorio que tenga instalado WIPO Sequence (véase la Figura 56).

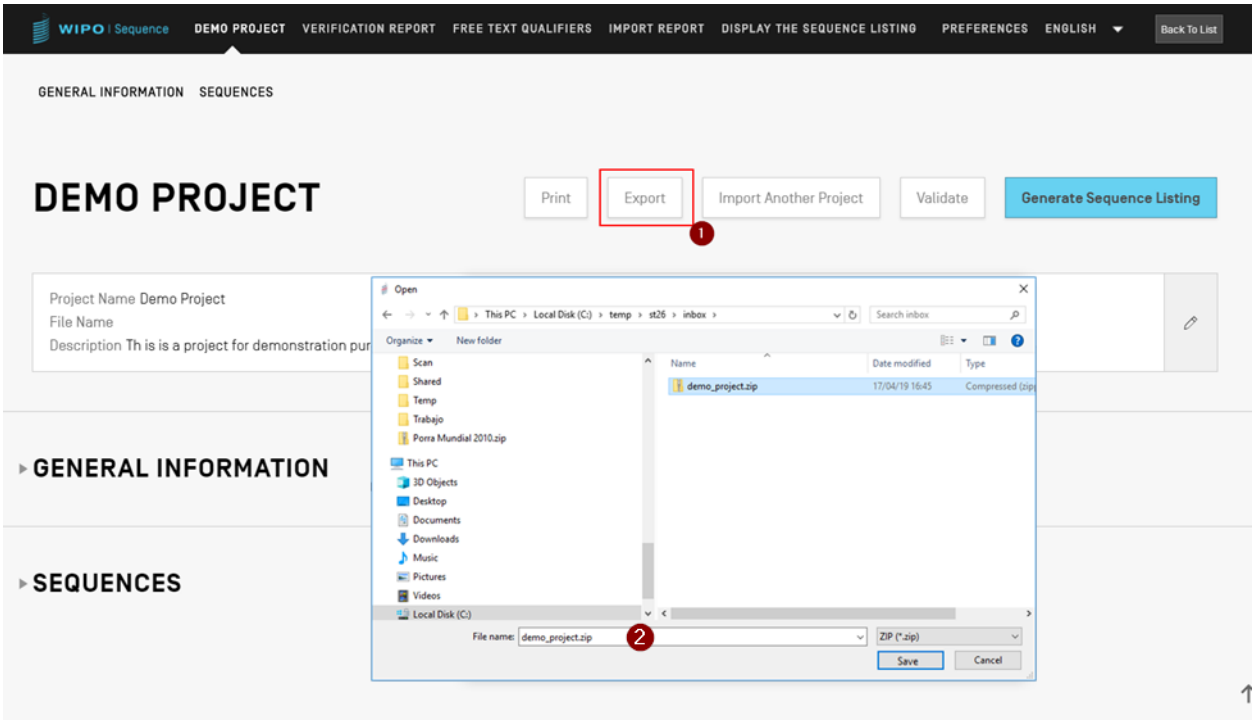


Figura 56. Exportar proyecto

1) Se deberá hacer clic en el botón “Export” situado en la parte superior de la vista de datos de proyecto.

2) En el cuadro de diálogo que aparece, se podrá asignar un nombre al archivo y elegir la ubicación en la que se desea guardar el proyecto.

Si el proyecto se exporta correctamente, en la parte superior de la vista aparecerá un mensaje sobre fondo azul que incluirá el nombre y la ubicación del proyecto, como se muestra en la Figura 57.

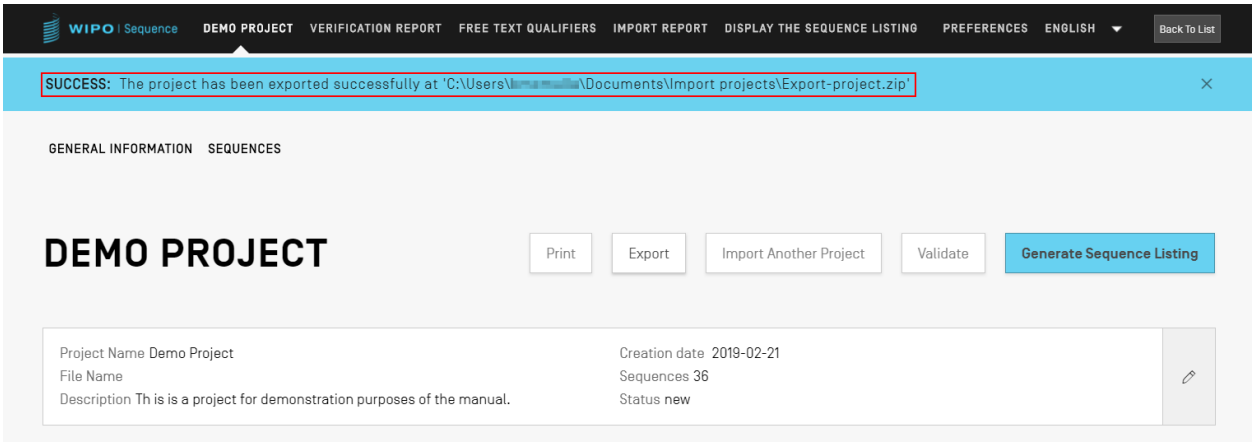


Figura 57. Mensaje de exportación de proyecto realizada correctamente

5.1.1.5 Generar la lista de secuencias

Una última acción, y quizás la más importante, que se puede realizar para un proyecto concreto consiste en generar la lista de secuencias. Para ello, se deberá hacer clic en el botón azul “Generate Sequence Listing”, situado en la parte superior de la vista de datos de proyecto y marcado en la Figura 58, lo que activará automáticamente el proceso de validación del proyecto que se realizará antes de generar la lista (véase el apartado **5.1.1.3**).

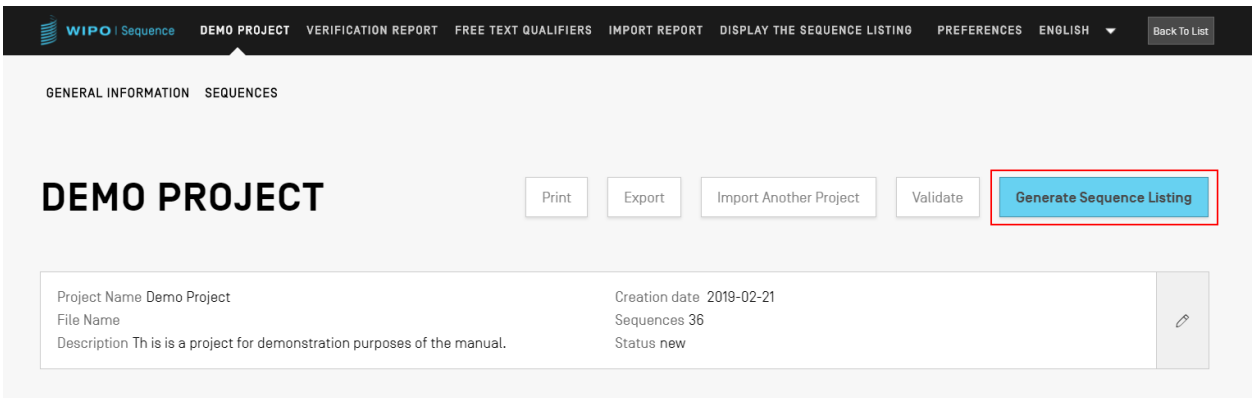


Figura 58. Generar lista de secuencias

Si el proyecto pasa la validación, se abrirá un cuadro de diálogo, marcado en la Figura 59, para seleccionar la ubicación en la que se desea guardar el archivo XML de la lista de secuencias generada de conformidad con la Norma ST.26.

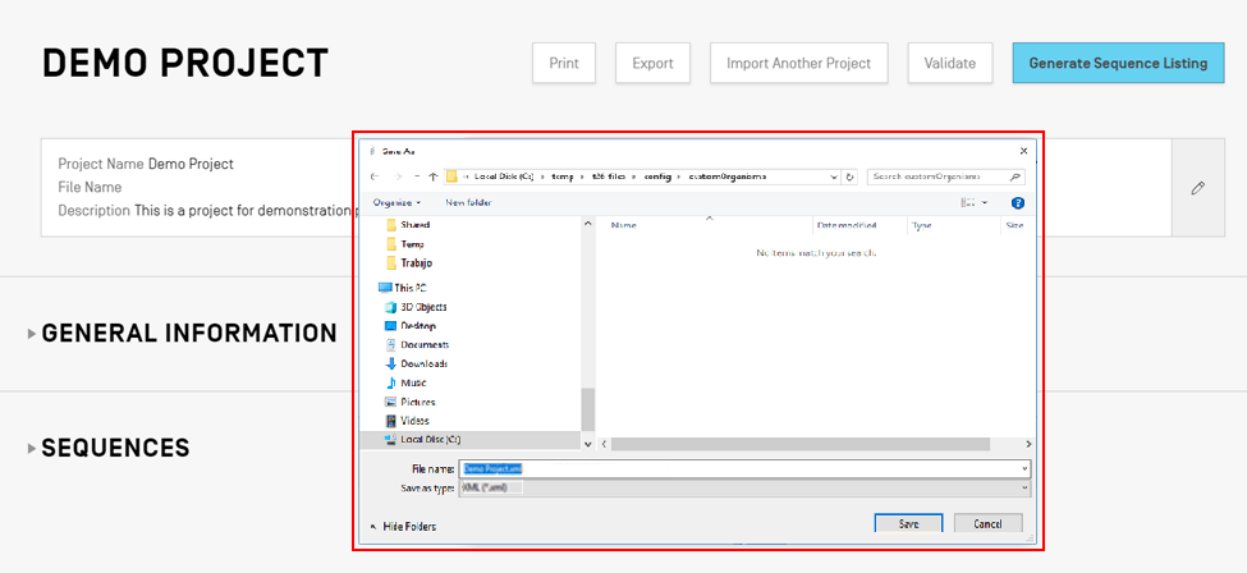


Figura 59. Cuadro de diálogo para generar lista de secuencias

Si el proyecto no supera la validación, se mostrará la vista de informe de verificación junto con un mensaje sobre fondo rojo como el de la Figura 60.

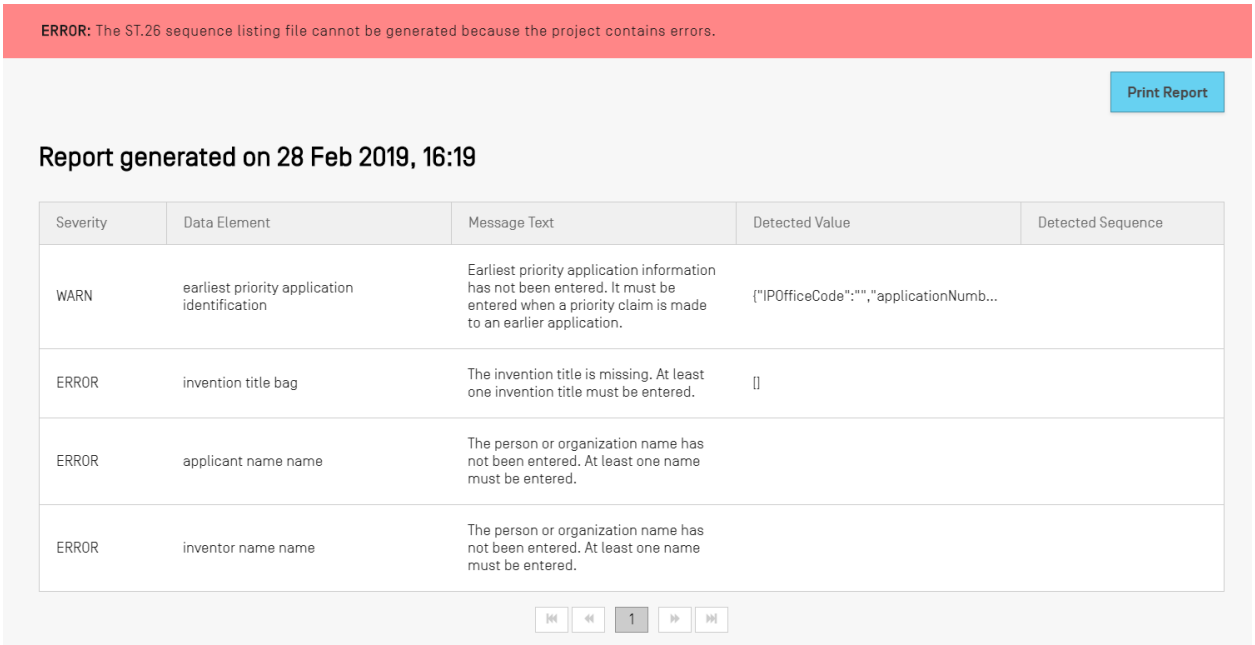


Figura 60. Generación de lista de secuencias fallida

5.1.2 Información general

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

5.1.2.1 Identificación de la solicitud

Dentro de la sección “General Information”, la subsección “Application Identification” contiene información sobre el estado de la solicitud de patente y sobre el proyecto seleccionado (véase la Figura 61).

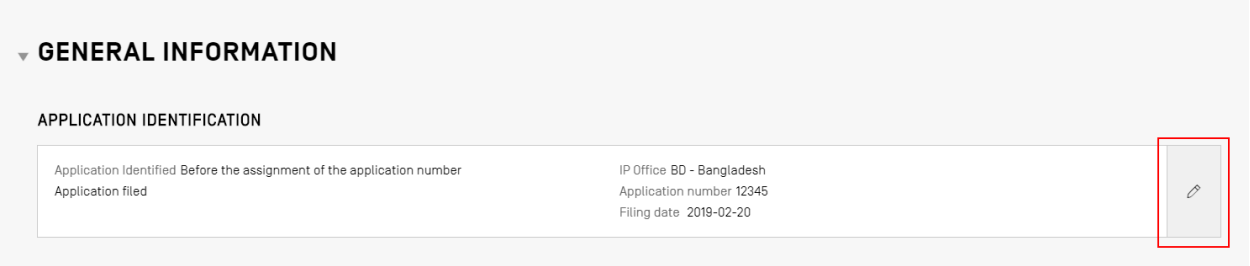


Figura 61. Identificación de la solicitud

Para editar la información dentro de la subsección “Application Identification”, hay que hacer clic en el icono del lápiz (marcado en la Figura), a la derecha del cuadro de la subsección. Luego, se deberá proporcionar la información que se indica a continuación (véase la Figura 62):

1) Si ya se ha asignado un número de solicitud, se deberá seleccionar el código de la Oficina de Propiedad Intelectual (oficina de PI) en la que se presentó la solicitud (código de la Norma ST.3 de la OMPI).

2) Habrá que indicar si ya ha sido notificado el número de solicitud o si se acaba de proporcionar dentro del expediente de la solicitud, marcando el botón de opción correspondiente.

3) En el caso de no disponer del número de solicitud, se DEBERÍA proporcionar la referencia del expediente del solicitante en este campo.

4) Si ya se ha asignado un número a la solicitud de patente, deberá facilitarse.

5) La fecha de presentación de la solicitud, si se ha fijado una, se seleccionará con el selector de fechas.

6) Por último, se hará clic en el botón azul “Save”.

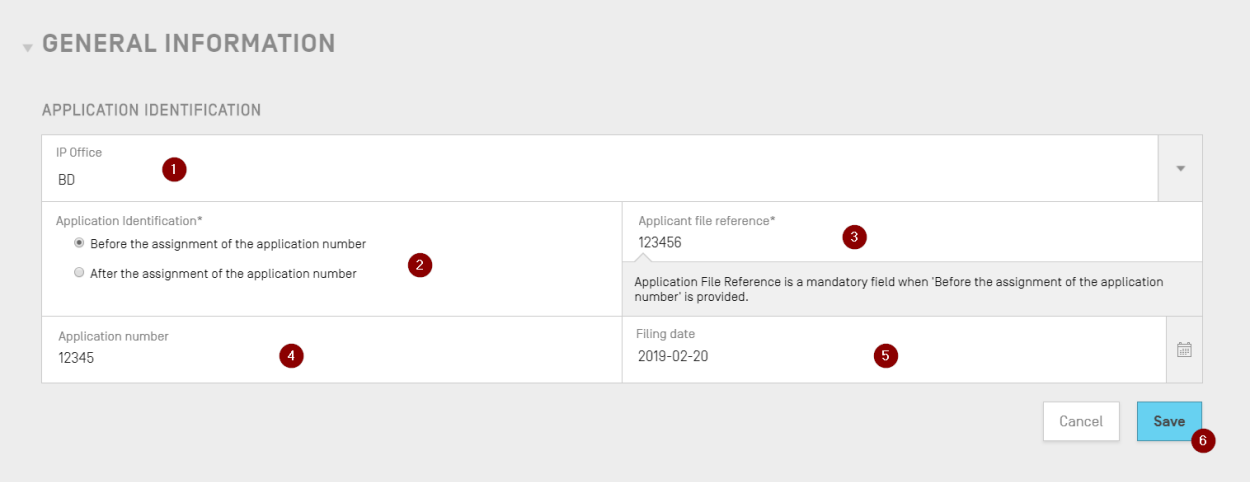


Figura 62. Panel de edición de identificación de la solicitud

5.1.2.2 Identificación de las solicitudes de prioridad

Para añadir una solicitud de prioridad al proyecto, se deberá hacer clic en el botón “Add Earliest Priority Identification” en la sección “General Information” de la vista de datos de proyecto, que se marca en la Figura 63.

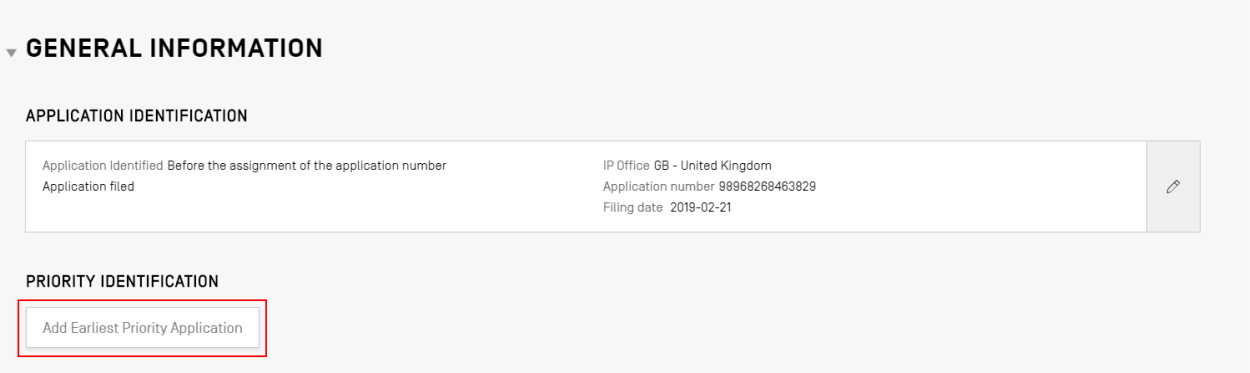


Figura 63. Solicitud de prioridad más antigua

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

Para terminar, hay que hacer clic en el botón azul “Add Earliest Priority Application” en la superposición que se muestra en la Figura 64.

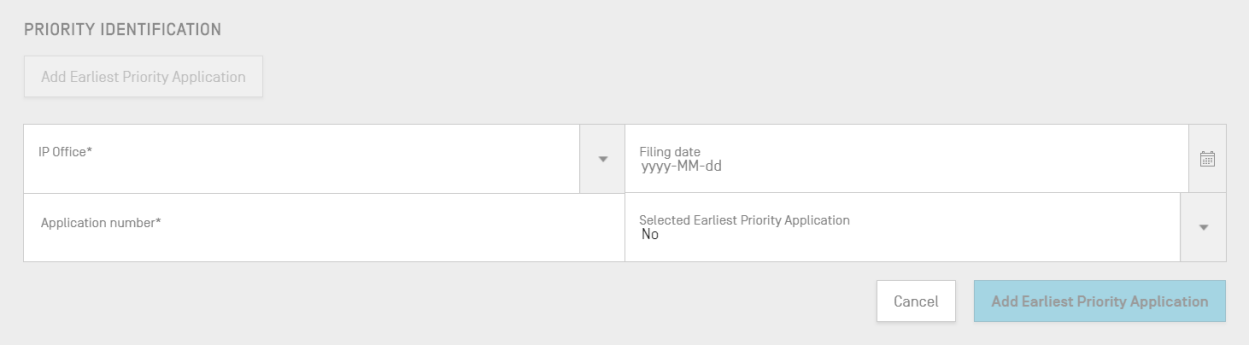


Figura 64. Panel de edición de solicitud de prioridad más antigua

5.1.2.3 Solicitante e inventor

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

Se abrirá la superposición con dos botones de opción mostrada en la Figura 65. Si se selecciona “Existing applicant/inventor”, se podrá elegir en el menú desplegable entre las personas y organizaciones guardadas en el equipo en el que esté instalada la herramienta de escritorio. En la Figura 65 se muestra una lista de tres solicitantes existentes, incluido “John Smith”.

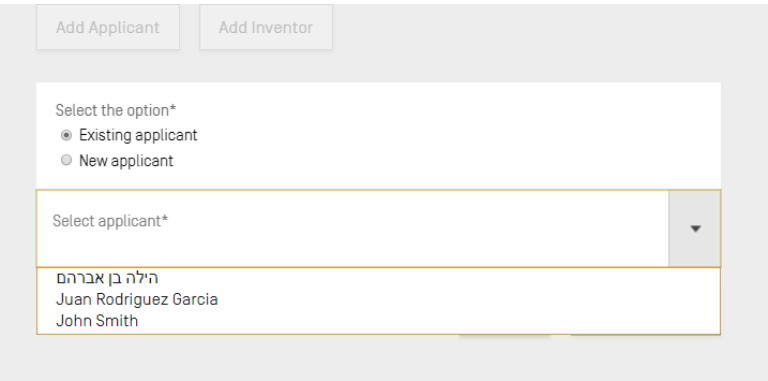


Figura 65. Añadir solicitante/inventor existente

Si se selecciona “New applicant/inventor”, habrá que rellenar el panel de edición de la misma manera que cuando se introduce una nueva persona/organización (véase la subsección **4.2.1** y la Figura 66).

Finalmente, una vez introducida la información, habrá que hacer clic en el botón “Add Applicant/Inventor” que se muestra en la Figura 66.

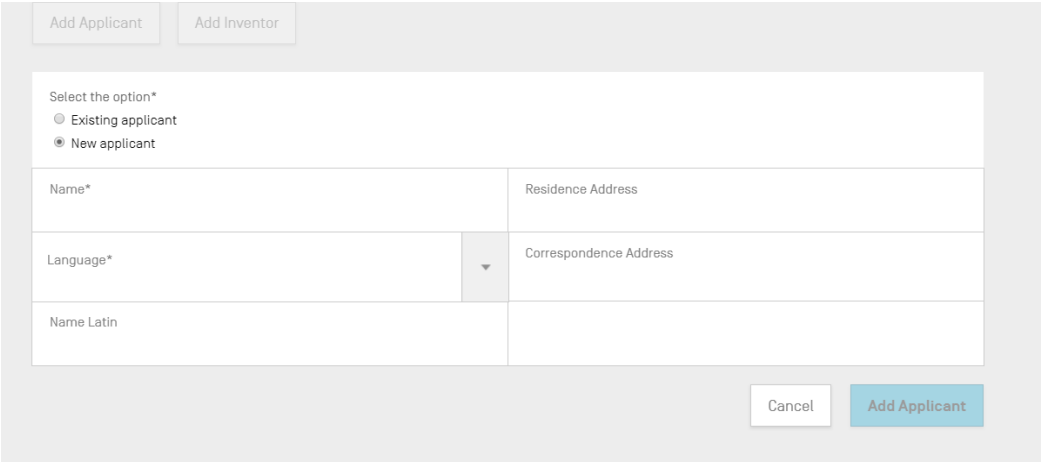


Figura 66. Añadir nuevo solicitante/inventor

5.1.2.4 Título de la invención

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

1) Para añadir un nuevo título de la invención, se deberá hacer clic en el botón “Add Invention title”, que se muestra en la Figura 67.

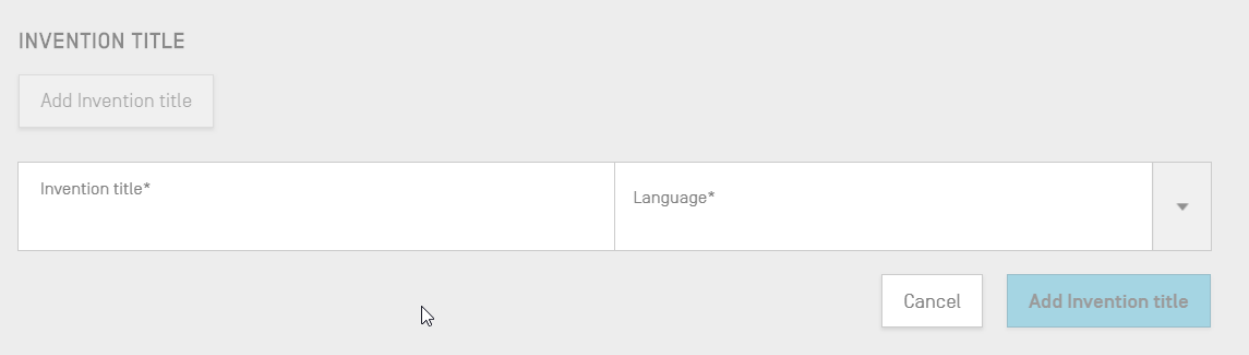


Figura 67. Añadir título de la invención

2) En esa superposición, habrá que introducir el título de la invención e indicar el idioma en el que se proporciona.

3) Por último, se deberá hacer clic en el botón azul “Add Invention title”.

De acuerdo con la Norma ST.26 de la OMPI, el título de la invención debe proporcionarse obligatoriamente en el idioma de presentación de la solicitud. No obstante, se puede incluir el título de la invención en el proyecto en más de un idioma siguiendo los pasos anteriores en cada caso.

5.1.3 Secuencias

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

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

5.1.3.1 Crear secuencia

1) Se deberá hacer clic en el botón “Create new sequence”, marcado en la Figura 68.

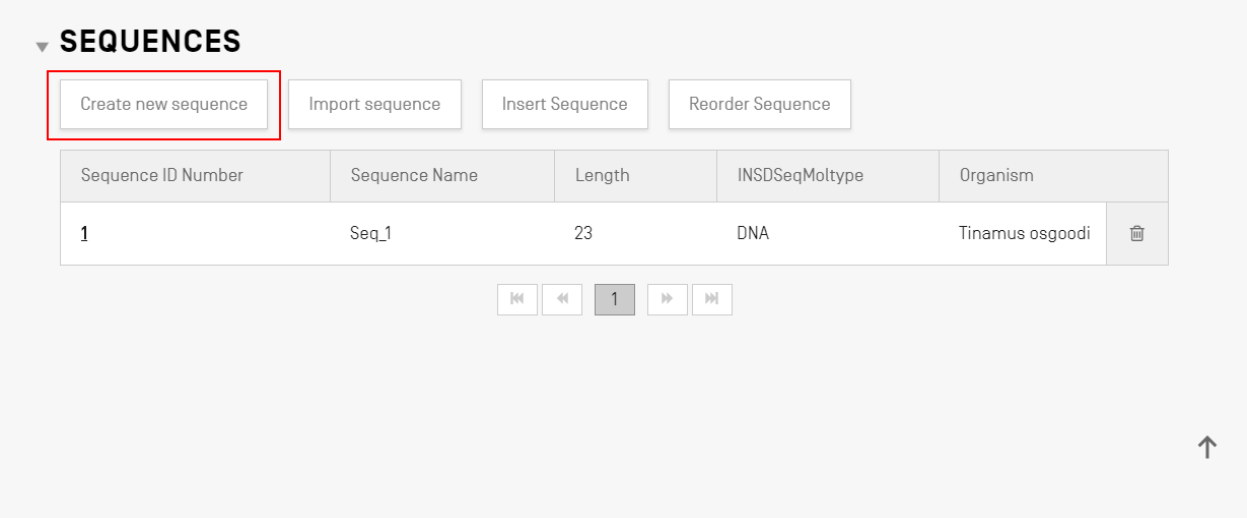


Figura 68. Crear nueva secuencia

El resto de los pasos se muestran en la Figura 69:

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

   Se deberá seleccionar uno de los tres tipos de molécula permitidos según la Norma ST.26 y proporcionados en el menú desplegable ('ADN', 'ARN' y 'AA') (2). Habrá que introducir

la secuencia en el campo de texto “Residues”[2] (3). Y, si desea crear una secuencia con segmentos de ADN y ARN, se deberá seleccionar 'ADN' como tipo principal de molécula.

Asimismo, se deberá rellenar obligatoriamente el campo 'Organism name' correspondiente a la secuencia que se está creando. Se podrá seleccionar uno de los organismos predefinidos en la base de datos de la herramienta de escritorio o uno de los organismos personalizados que se hayan creado y guardado localmente. Para ello, se deberá seleccionar el botón de opción “Existing organism” (4).

También existe la opción de introducir un nuevo nombre de organismo (personalizado) seleccionando el botón de opción “New organism” (4).

Además, se puede clasificar el organismo seleccionando un calificador del tipo de molécula[3] entre los valores proporcionados en el menú desplegable (5), que varían en función del tipo de molécula previamente seleccionado.

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

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

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

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

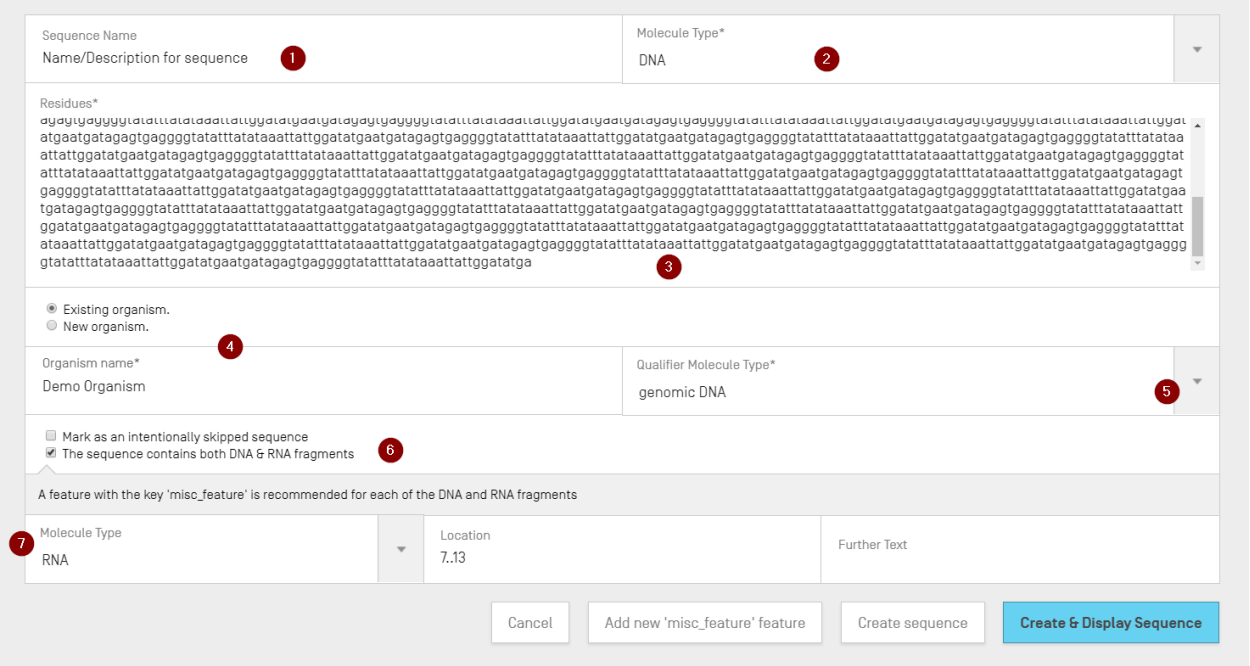


Figura 69. Panel de crear nueva secuencia

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

   Si se hace clic en el botón azul “Create & Display sequence”, después de crearse la secuencia se mostrará, debajo de la sección “Sequences” de la vista de datos de proyecto, una subsección cuyo contenido puede ocultarse en la que se podrán revisar los valores de la secuencia creada.

La secuencia recién creada aparecerá en la última posición de la lista de secuencias, y se le asignará el siguiente número de identificador de secuencia disponible.

Para saber cómo reordenar la lista de secuencias, véase el apartado **5.1.3.4**.

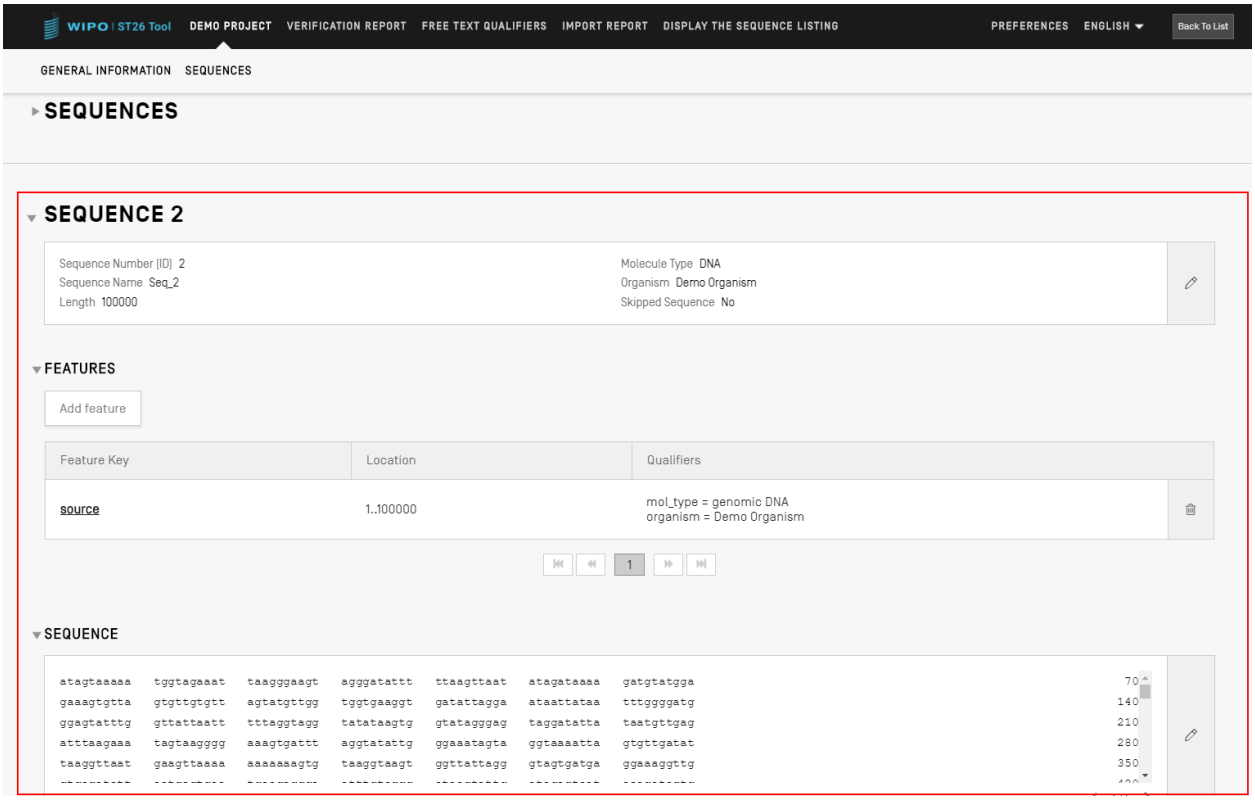


Figura 70. Visualización de la secuencia

5.1.3.2 Importar secuencias

Las secuencias también pueden ser importadas al proyecto desde un archivo. Los formatos de archivo aceptados[4] son **el formato RAW, el formato de varias secuencias, el formato FASTA, el formato ST.26 y el formato ST.25.** Cuando se seleccione un archivo, la herramienta de escritorio detectará automáticamente su formato.

[4] Véase el capítulo de formatos de archivo de este documento (capítulo 6).

1) Se deberá hacer clic en el botón “Import sequence”, marcado en la Figura 71.

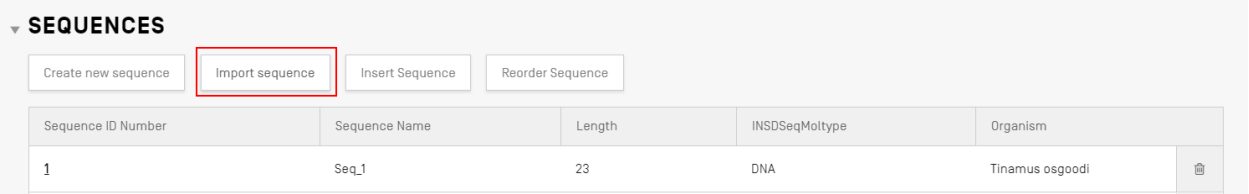


Figura 71. Importar secuencia

2) A continuación, habrá que hacer clic en el botón “Upload file [.txt, .xml]”, que se muestra en la Figura 72.

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

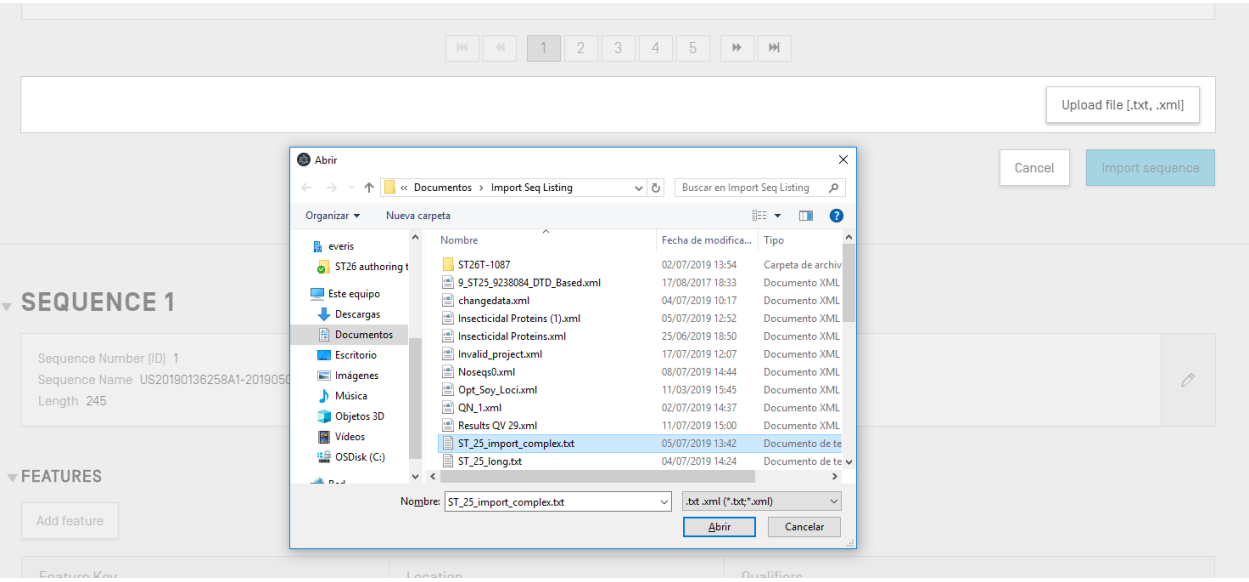


Figura 72. Cuadro de diálogo para importar secuencias

Hay cinco formatos aceptados por la herramienta para la importación de secuencias: formato RAW, formato de varias secuencias, formato FASTA, formato ST.26 y formato ST.25. En el capítulo 6 del presente documento se describen estos formatos de archivo.

En caso de que se seleccione un archivo que esté en formato ST.25 o ST.26 (véase la Figura 73), se verá en primer lugar la casilla de verificación “Select Range Sequences” (1). Al marcarla, se abrirá un cuadro (2) con los identificadores de las secuencias contenidas en el archivo y el orden en que estas serán añadidas a la lista de secuencias del proyecto.

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

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

Por ejemplo: “1, 3, 7, 13-20, 30-50”.

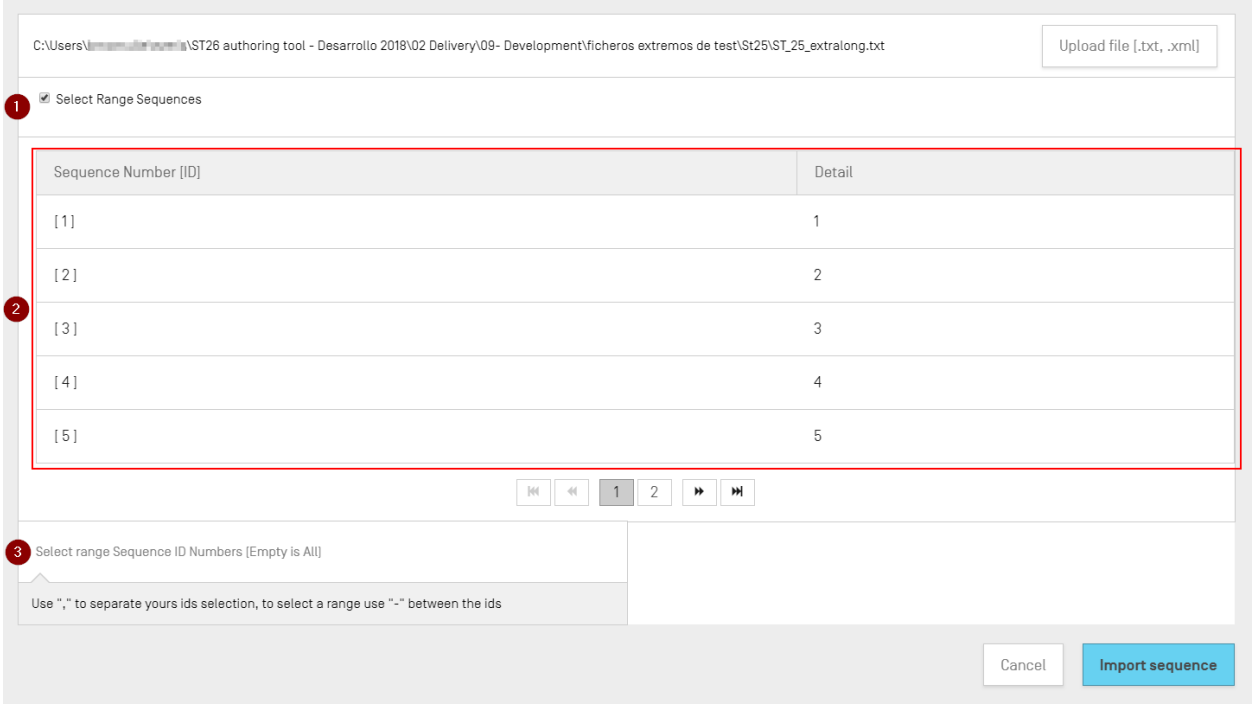


Figura 73. Importar secuencias desde un archivo en formato ST.25 o ST.26

Cuando se importe un archivo en formato de varias secuencias (véase la sección **6.1** para saber más sobre este formato y la Figura 74), aparecerá la casilla de verificación “Select Range Sequences” (1), y, al marcarla, un cuadro con los identificadores de las secuencias contenidas en el archivo, así como con datos de cada secuencia en la columna “Detail” (2), incluidos el nombre de la secuencia, el tipo de molécula y el nombre del organismo.

Se deberán seleccionar los identificadores de las secuencias que se deseen importar a la lista de secuencias del proyecto (3).

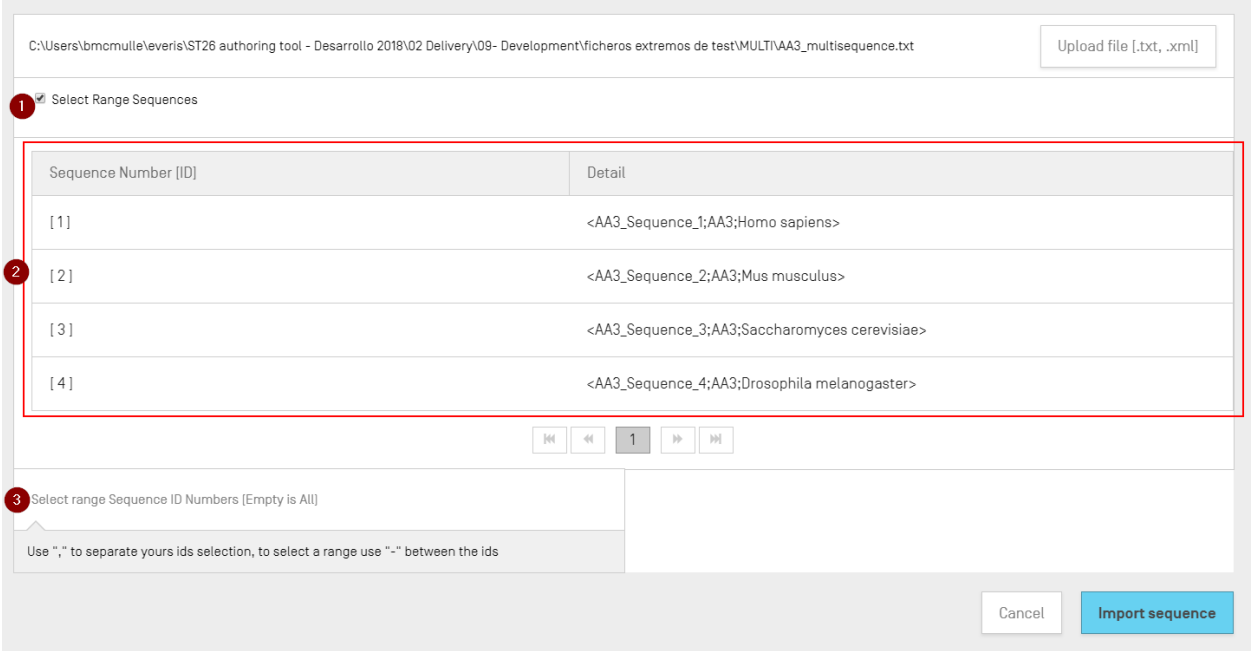


Figura 74. Importar secuencias desde un archivo en formato de varias secuencias

El último tipo de formato de archivo admitido en la importación de secuencias es el formato RAW (véase la sección **6.3**). Con este formato solo se puede definir una única secuencia por archivo. Cuando se seleccione un archivo RAW para su importación, la herramienta abrirá el panel de edición que se muestra en la Figura 75, en el que el único campo que hay que rellenar obligatoriamente es el del tipo de molécula de la secuencia.

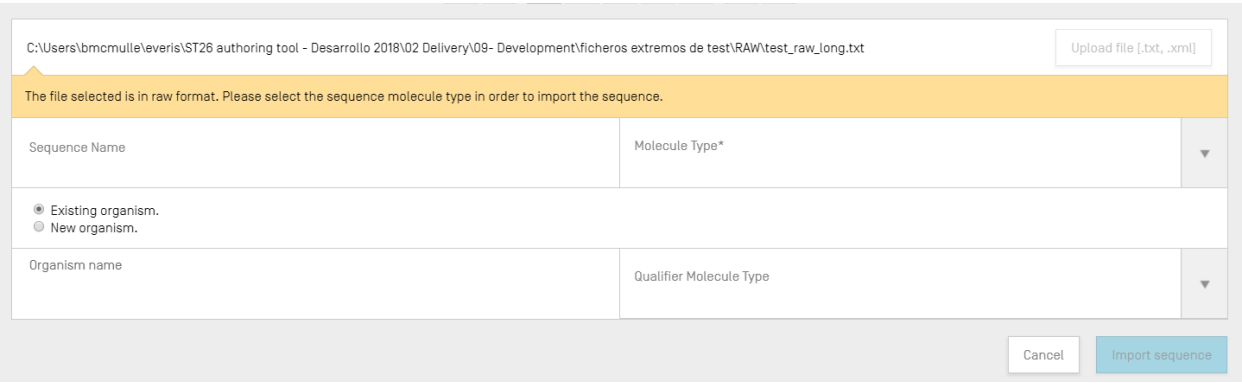


Figura 75. Importar secuencias desde un archivo en formato RAW

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

Después de la importación, se accederá a la vista de informe de importación que se describe en la sección **5.4**

5.1.3.3 Insertar secuencias

Para insertar una secuencia en una posición específica de la lista de secuencias, se deberá hacer clic en el botón “Insert Sequence” situado en la parte superior de la sección “Sequences” (marcado en la Figura 76).

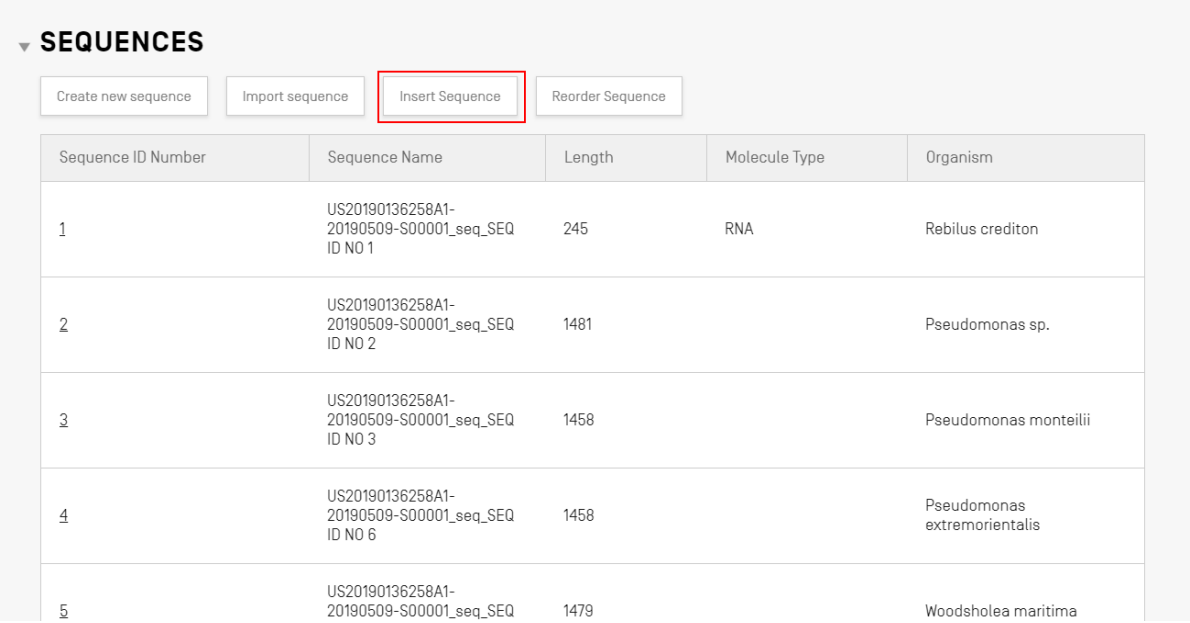


Figura 76. Insertar secuencia

Aparecerá una superposición con un panel de edición (véase la Figura 77). Se deberá introducir toda la información requerida cuando se crea una secuencia (véase el apartado 5.1.3.1) así como, en la parte superior izquierda del panel, la posición en la que se desea que aparezca la secuencia en la lista de secuencias (véase el campo marcado en la Figura 77).

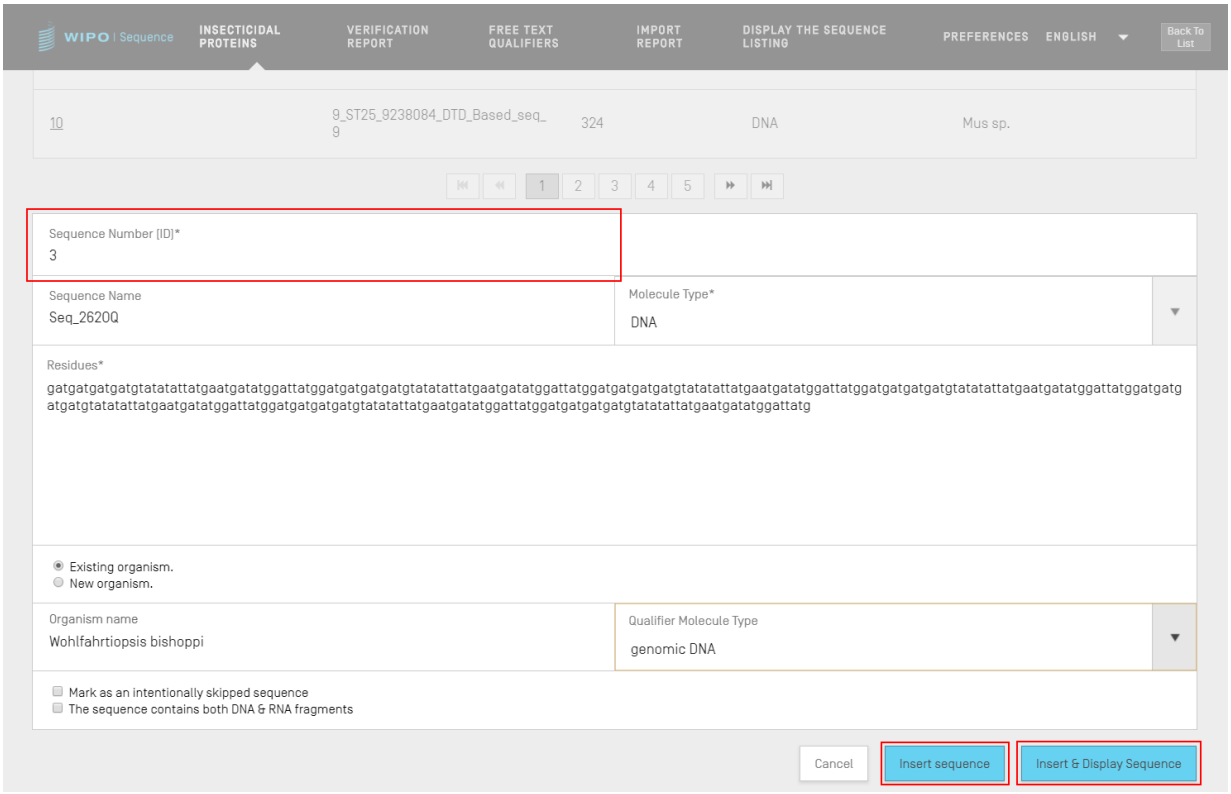


Figura 77. Panel de inserción de secuencia

Por último, se podrá hacer clic en los botones “Insert sequence” o “Insert & Display Sequence”, también marcados en la Figura 77.

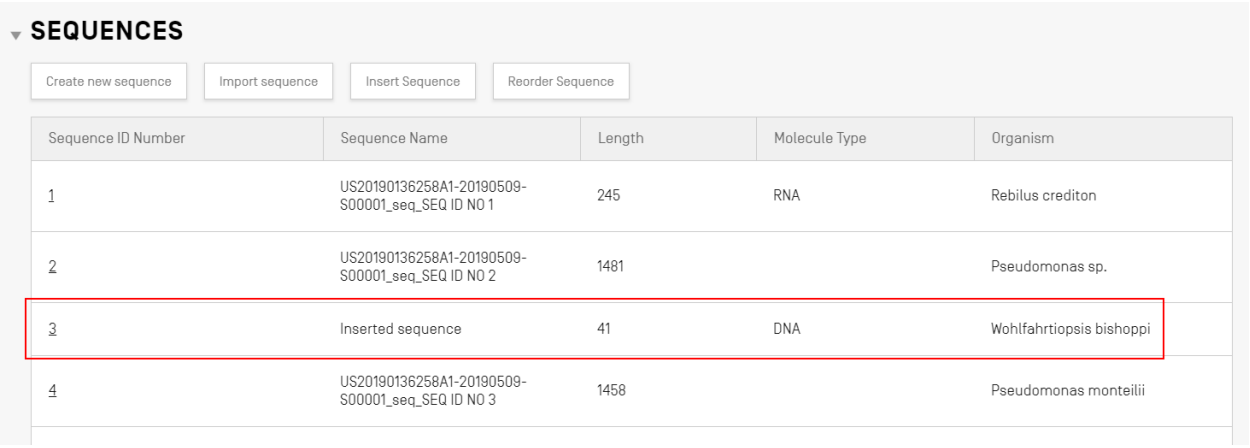


Figure 78. Secuencia insertada

Si se hace clic en el botón azul “Insert & Display sequence”, tras crearse la secuencia se abrirá un cuadro de la secuencia cuyo contenido puede ocultarse, debajo de la lista de secuencias que figura en la vista de datos de proyecto y que se muestra en la Figure 78.

5.1.3.4 Reordenar las secuencias

Se puede cambiar el orden de aparición de las secuencias dentro de la lista de secuencias de un proyecto según los pasos que se indican a continuación (el proceso de modificación del orden de las secuencias se muestra en las Figura 79 (estado inicial) a Figura 81 (estado final).

1) Se deberá hacer clic en el botón “Reorder Sequence”, marcado en la Figura 79.

Figura 79. Reordenar las secuencias

2) Habrá que seleccionar la secuencia cuya posición se desea cambiar, así como la nueva posición que ocupará en la lista de secuencias, como se indica en la Figura 80.

Figura 80. Panel de reordenación de las secuencias

3) La secuencia seleccionada aparecerá en la segunda posición (véase la Figura 81).

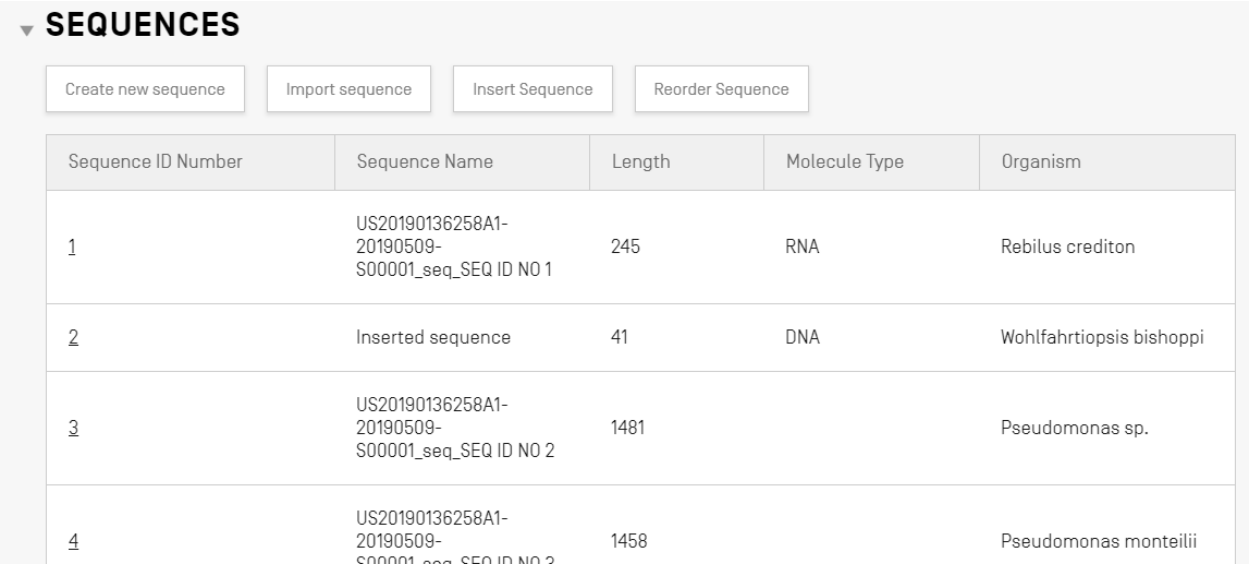


Figura 81. Secuencias reordenadas

5.1.3.5 Editar secuencias

Para editar una secuencia, se deberá hacer clic en su identificador, como se indica en la Figura 82 (identificador de secuencia '1').

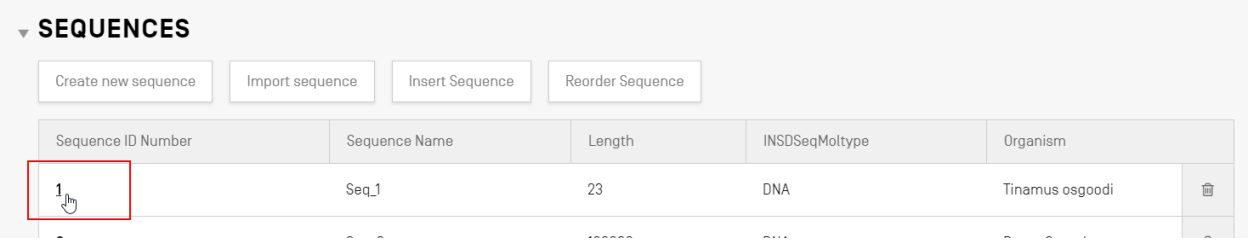


Figura 82. Editar secuencia

Se abrirá una subsección en la vista de datos de proyecto debajo de la sección “Sequences”, como se muestra en la Figura 83.

Dicha subsección se compone de un panel de edición de información básica (1), un cuadro de características (2) y un panel de edición de residuos de la secuencia (3).

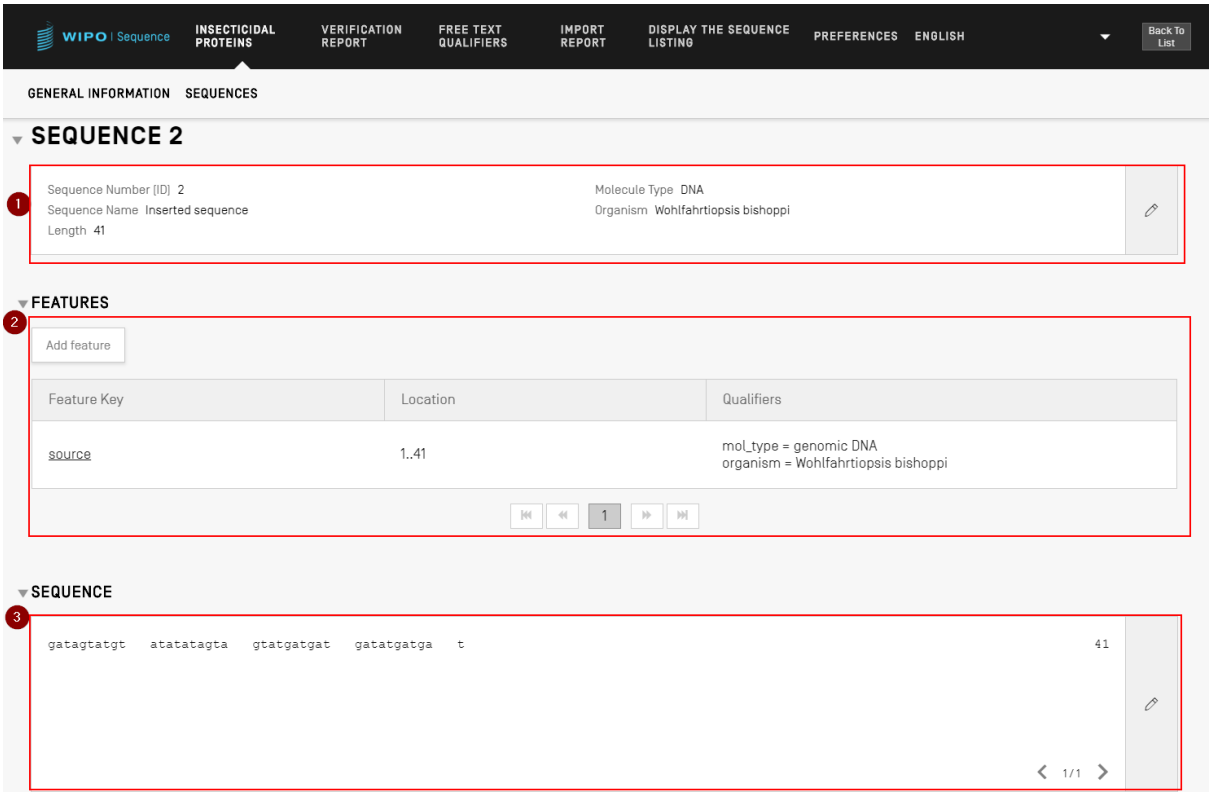


Figura 83. Edición y visualización de la secuencia

5.1.3.6 Características

De acuerdo con la Norma ST.26 de la OMPI, toda secuencia DEBERÁ tener asociada al menos una característica “source” o “SOURCE”, según el tipo de molécula.

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

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

- Número único de residuo: *x*
- Números de residuos que limitan un tramo de secuencia: *x..y*
- Residuos antes del primero, o después del último, residuo especificado: *<x, >x, <x..y, x..>y, <x..>y*
- Un sitio entre dos números de residuo adyacentes: *x^y*

- Números de residuo unidos por un enlace cruzado entre cadenas: *x..y*

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

- "**join** (location, location, … location)": Las localizaciones indicadas están unidas (colocadas extremo con extremo) para formar una secuencia contigua.

- "**order** (location, location, … location)": Los elementos se encuentran en el orden especificado pero ninguna información permite determinar si la unión de esos elementos es razonable.

- "**complement** (location)": Indica que la característica está localizada en la cadena complementaria al tramo de la secuencia especificado por el descriptor de localización, cuando se lee en el sentido de 5' a 3' o en el sentido que imite el sentido de 5' a 3'.

Para añadir una nueva característica a la secuencia, hay que hacer clic en el botón "Add feature" en la sección "Features" de la secuencia seleccionada, como se marca en la Figura 84.

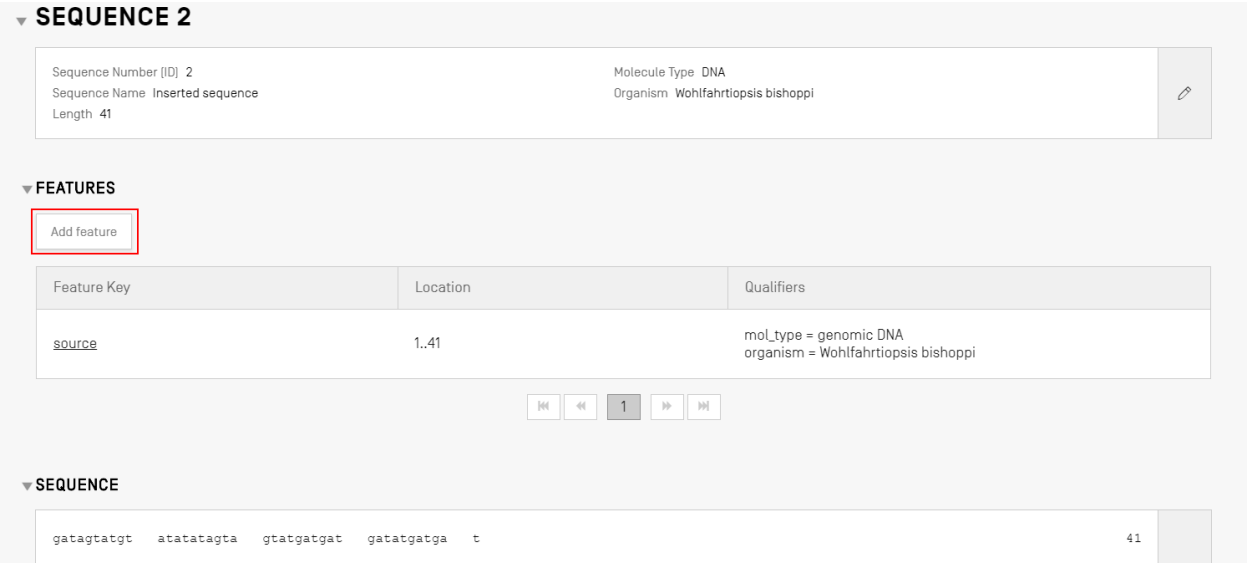


Figura 84. Añadir característica

A continuación, en la superposición que aparece (mostrada en la Figura 85) hay que seleccionar una clave de caracterización[5] del menú desplegable y especificar la localización de la característica dentro de la secuencia.

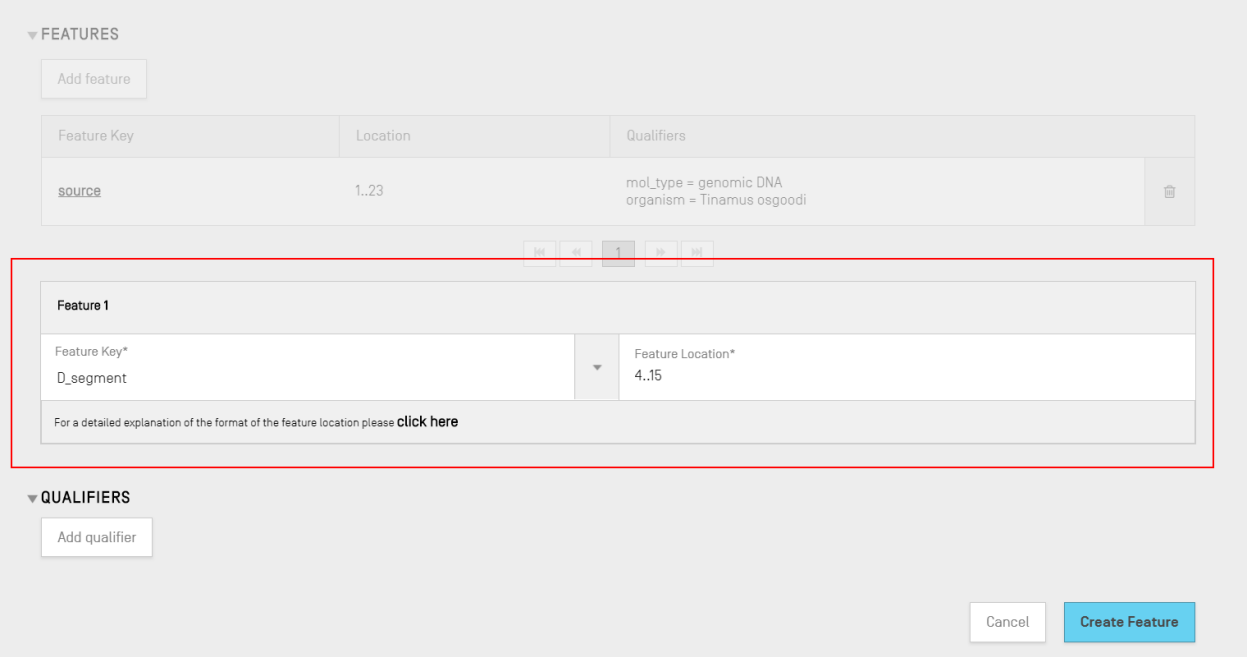
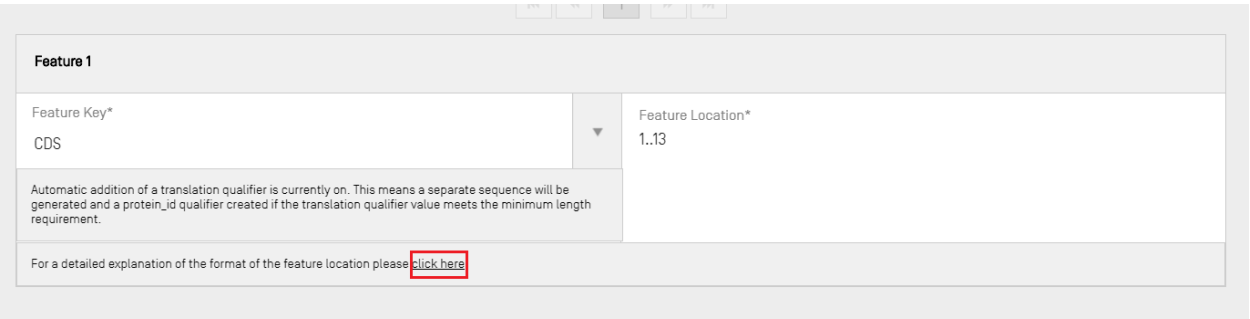


Figura 85. Superposición para añadir característica

También se pueden añadir calificadores a la característica dentro de la sección “Sequences”, como se describirá en el siguiente apartado (**5.1.3.7**).



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

Se ha añadido un enlace para contar con una explicación detallada del formato de la localización de la característica. El formato se encuentra al final de la oración ‘click here’. El enlace se ha subrayado, como en la Figura 86 para que sea más fácil identificarlo.

Figura 86. Enlace para la localización de la característica

Por último, hay que hacer clic en el botón azul “Create Feature”, que se muestra en la Figura 85.

5.1.3.6.1 Características "CDS"

Las características “CDS” se utilizan para convertir un segmento de la secuencia a la que pertenecen en una secuencia de aminoácidos asociada independiente en la lista de secuencias del proyecto. Dentro de la característica “CDS” de la secuencia original, debe incluirse el calificador “protein_id” con el identificador de la secuencia de aminoácidos traducida como valor.

Cuando se crea una característica “CDS” para una secuencia, se puede añadir automáticamente a la característica el calificador “translation” (con la utilización del código estándar (1 – Standard Code) como código genético) para traducir un trozo de residuo de la secuencia, marcando la casilla respectiva de información básica (véanse la Figura 87 y la Figura 88). No obstante, este calificador no es obligatorio y puede eliminarse después de la generación. También podrá crearse manualmente un calificador “protein_id” propio que tenga como valor el identificador de la secuencia traducida asociada.

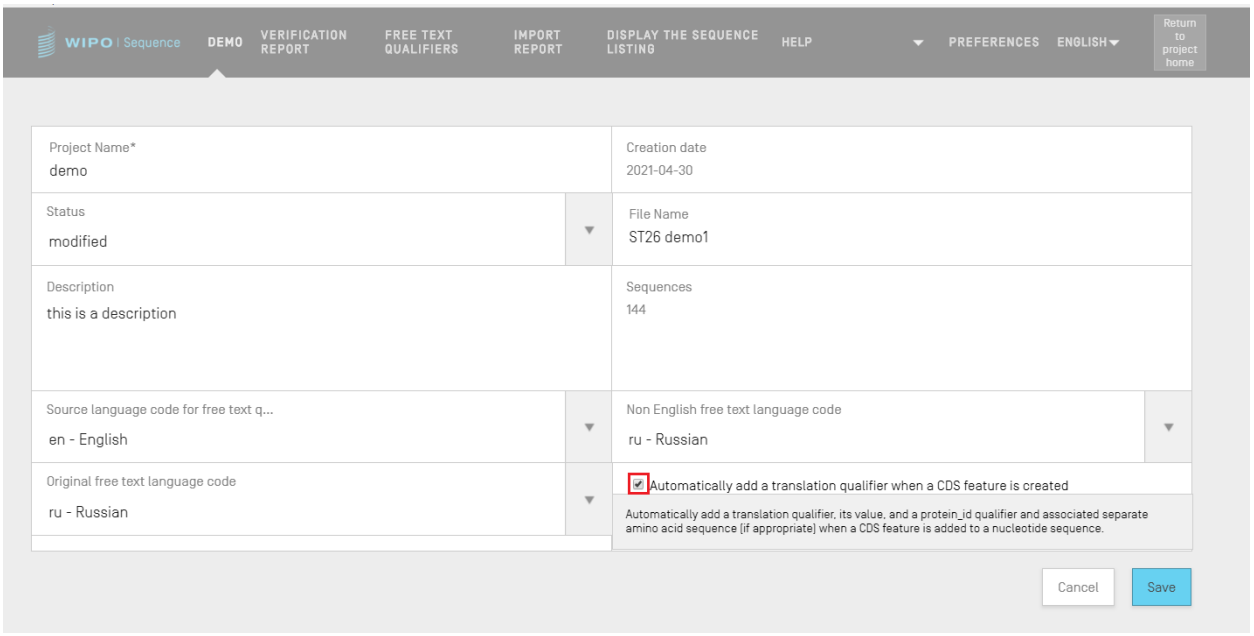


Figura 87. Casilla de activación de la tramitación automática de traducción de la característica “CDS”

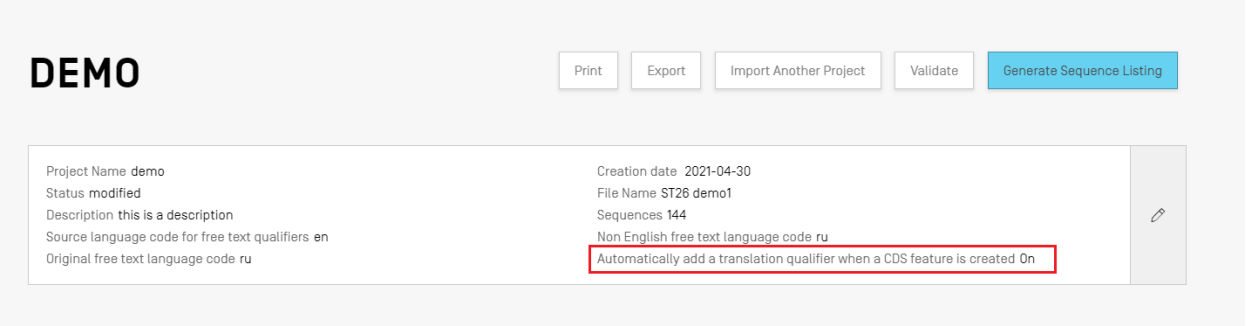


Figura 88. Activación de la tramitación automática de traducción de la característica “CDS”

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

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

***Nota**:*

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

Consejos sobre el uso del codón de terminación:

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

Si se encuentra un codón de terminación en medio de una característica “CDS”, y no hay un calificador "transl_except" que indique que dicho codón debe ser traducido en un aminoácido en particular, como se muestra en la Figura 89, entonces la herramienta debería detener la traducción en ese punto y mostrar un mensaje sobre fondo rojo en el que se notifique que no se generará ninguna traducción.

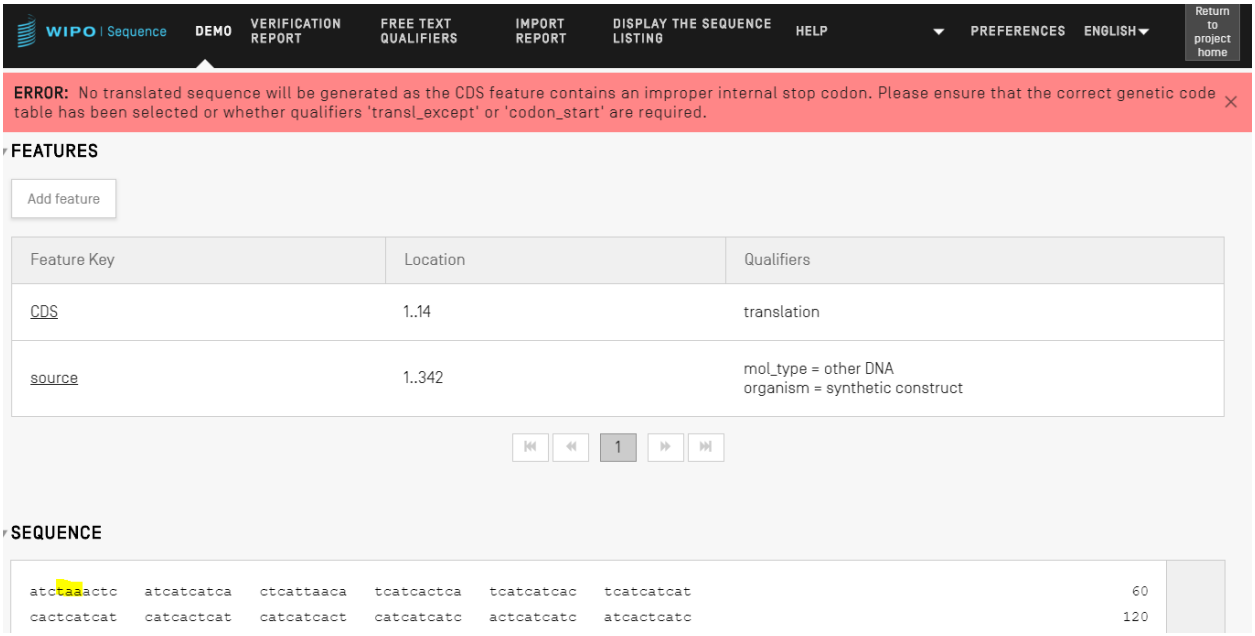


Figura 89. Casilla de traducción automática activada donde la secuencia contiene un codón de terminación incorrecto

Asimismo, debería aparecer un error en el informe de validación, para advertir de que hay un problema con la secuencia codificadora, como se muestra en la Figura 90.

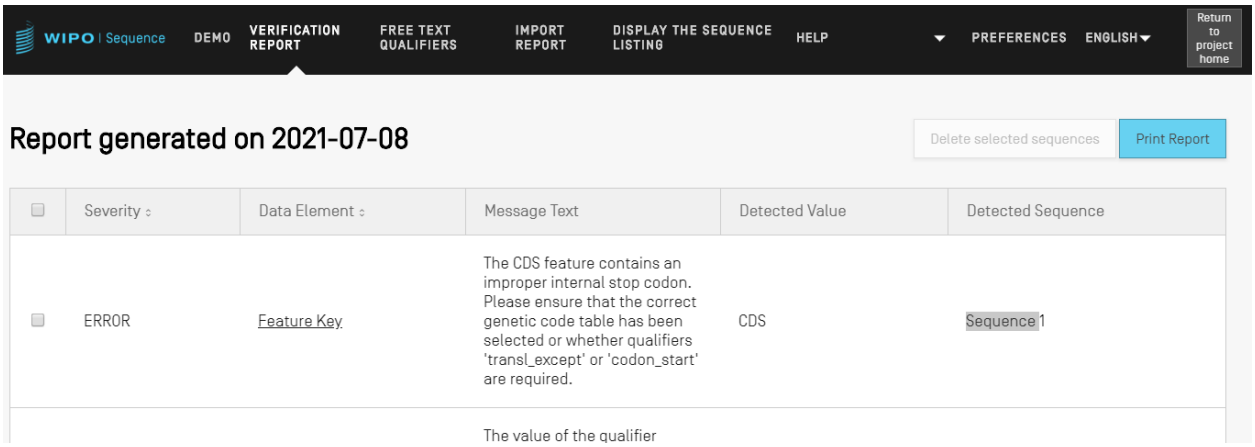


Figura 90. Secuencia con error de verificación por un codón de terminación incorrecto

Creación automática de características “CDS”

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

1) En la sección de la secuencia en cuestión, hay que hacer clic en el botón “Add feature” y seleccionar “CDS” como clave de caracterización, lo que creará un calificador "translation". Si se marca la casilla "automatically add a translation qualifier" en la información básica, se añadirá automáticamente un calificador "translation", su valor, y un

calificador "protein_id" y su secuencia de aminoácidos conexa aparte (si procede) cuando se añada una característica “CDS” a una secuencia de nucleótidos.

2) También existe la opción de crear manualmente un calificador “translation”.

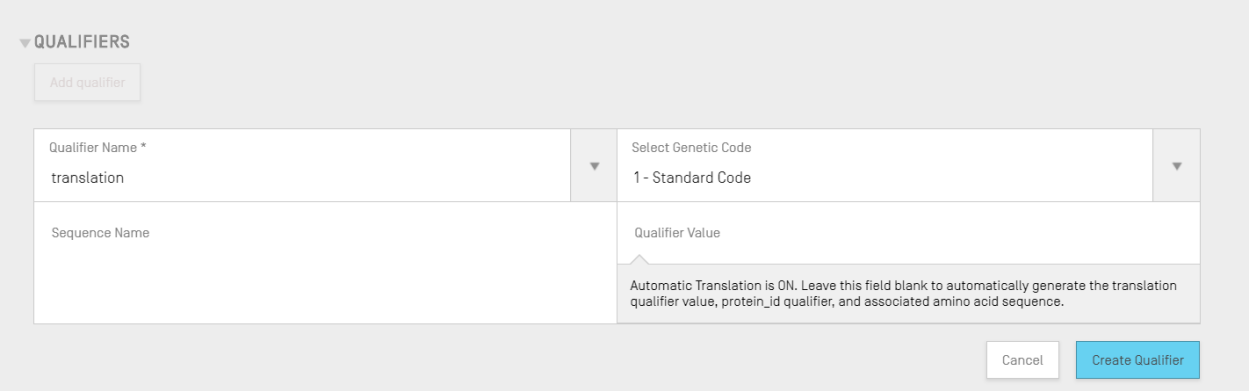


Figura 91. Crear característica "CDS"

3) Cuando se termine de editar la característica y sus calificadores asociados, se deberá hacer clic en el botón “Create Feature” para guardarla. En la Figura 92 se muestra una característica “CDS” creada.

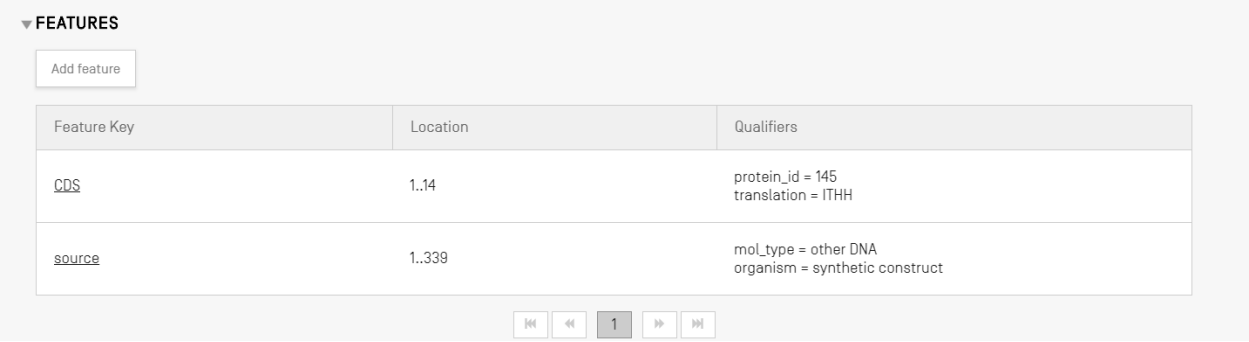


Figura 92. Característica "CDS"

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

- **Identificador de secuencia** = el siguiente número disponible para identificar la secuencia.
- **Longitud** = longitud de la secuencia traducida.
- **Nombre de la secuencia** = el valor indicado en el campo “Sequence Name” del calificador “translation” (véase la Figura 91). Si no se proporciona ningún nombre, se asignará a la secuencia un nombre por defecto ('Seq_#').
- **Tipo de molécula** = “AA”.
- **Nombre del organismo** = el mismo valor proporcionado para la secuencia original.
- **Calificador del tipo de molécula** = “protein”.

- **Residuos de la secuencia** = valores traducidos de la secuencia original.

En la Figura 93 se muestra un ejemplo del resultado de este proceso.

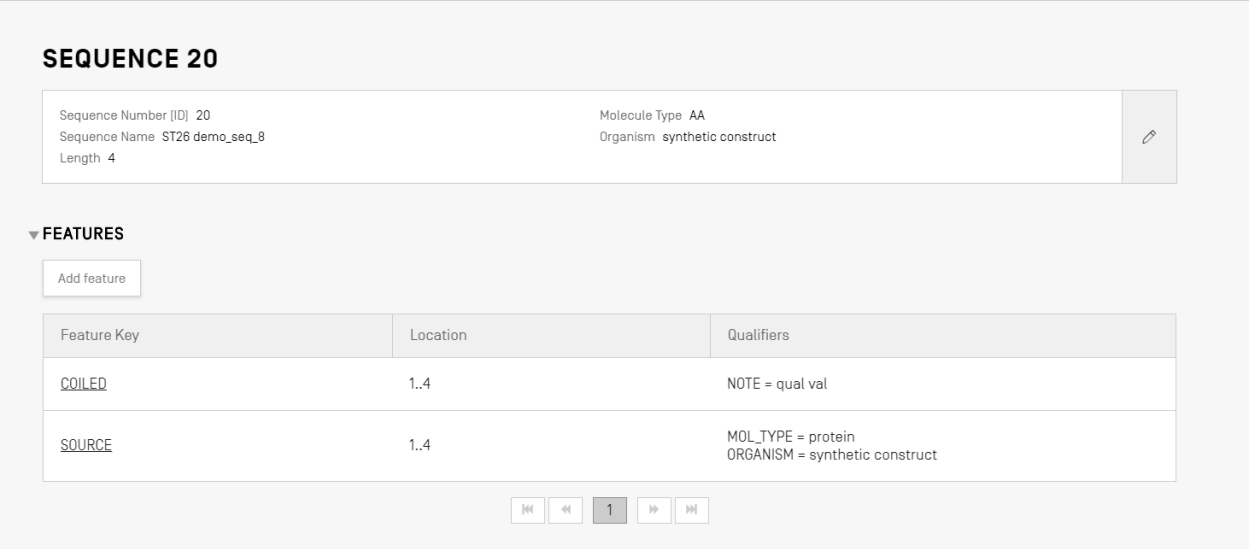


Figura 93. Característica "CDS" creada y secuencia generada

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

La secuencia traducida se crea solo si su longitud es de al menos 4 caracteres, sin contar los caracteres "X" (es decir, AXTG es una secuencia de 3 caracteres).

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

5.1.3.7 Calificadores

Para ver los calificadores de una característica, se deberá seleccionar la característica correspondiente en el cuadro de características de la secuencia en cuestión. En el ejemplo mostrado en la Figura 94 se ha marcado la característica "source".

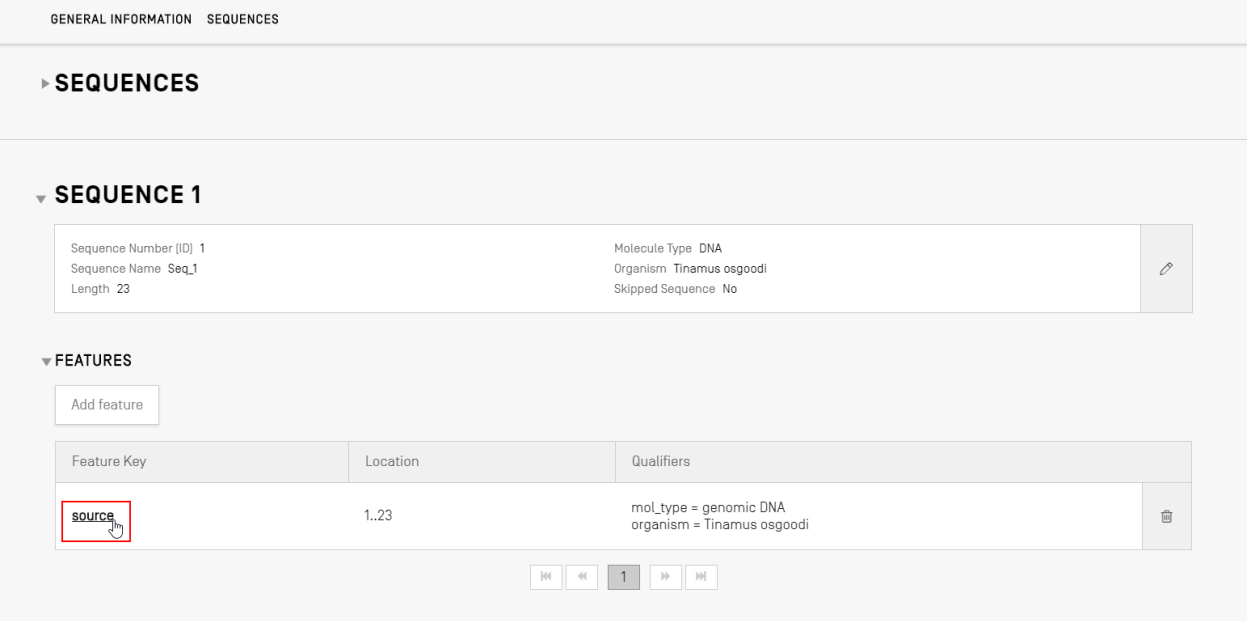


Figura 94. Visualización de calificadores

Al hacer clic en una clave de caracterización se abrirá una superposición de características, como se muestra en la Figura 95.

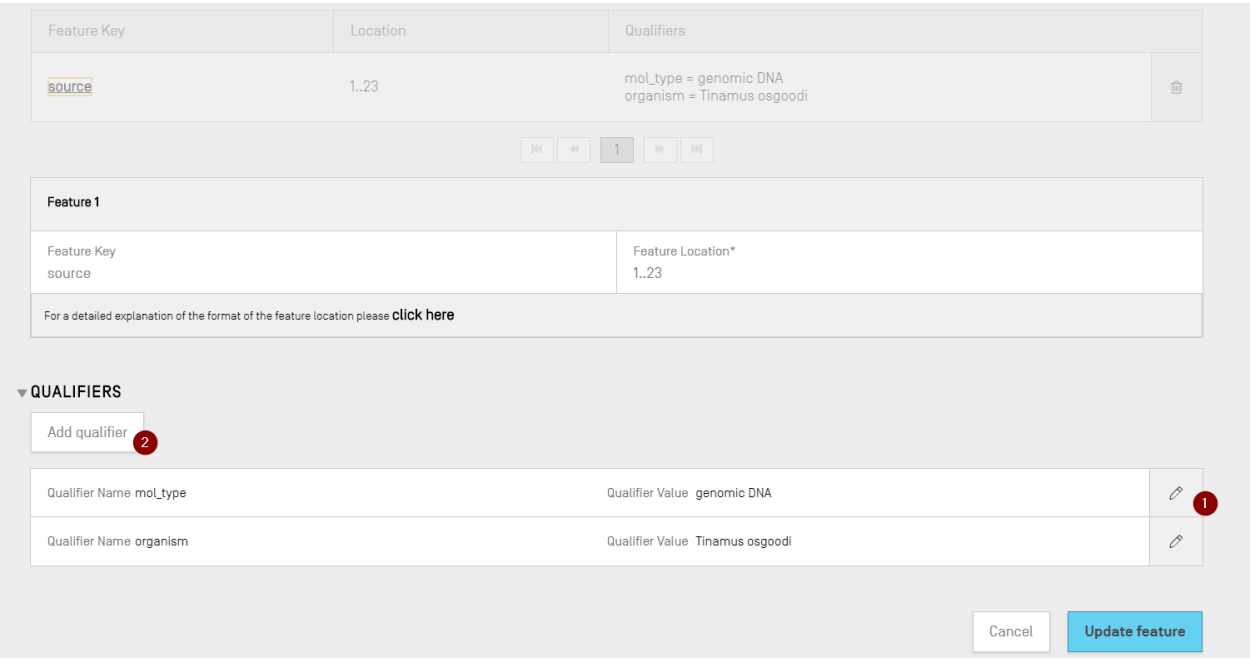


Figura 95. Añadir/editar calificadores

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

Cuando se edita o se añade un calificador, se muestran los dos campos que aparecen en la Figura 96: el “Qualifier name”[6] (que debe seleccionarse en el menú desplegable) y el “Qualifier value”.

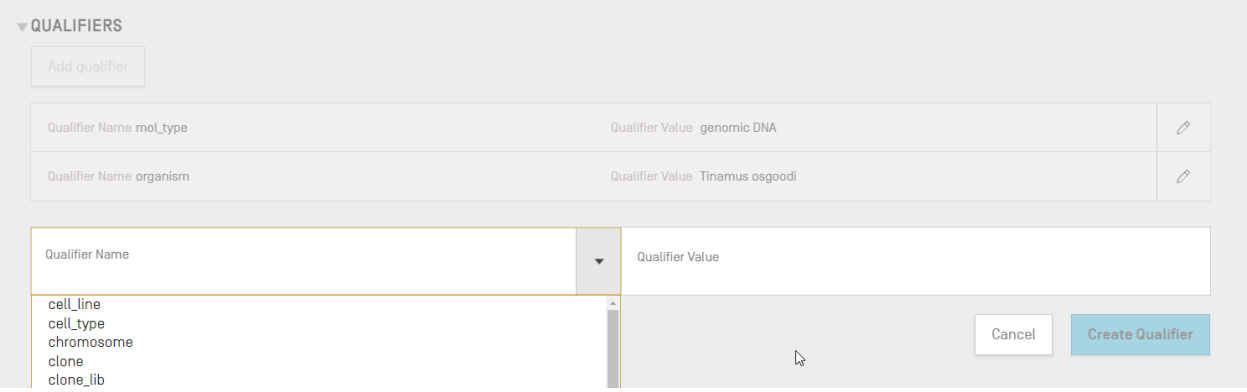
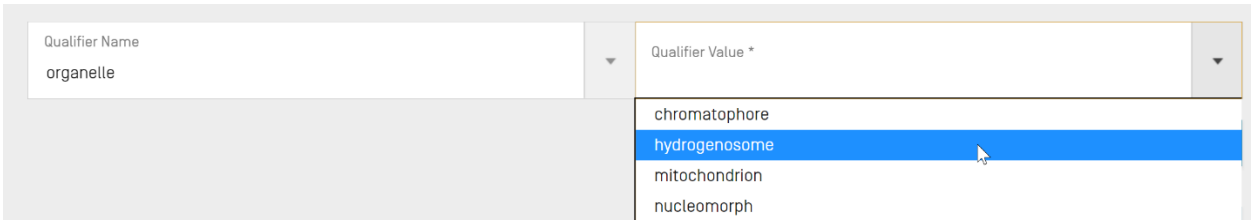


Figura 96. Panel de calificadores

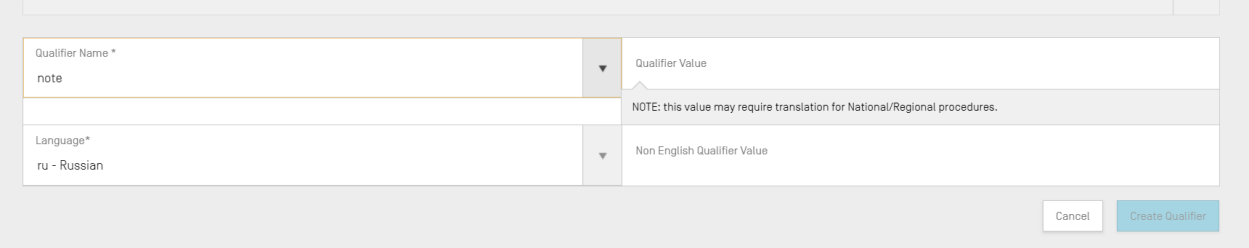
El campo “Qualifier value” se mostrará de forma diferente en función del tipo de calificador:

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



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

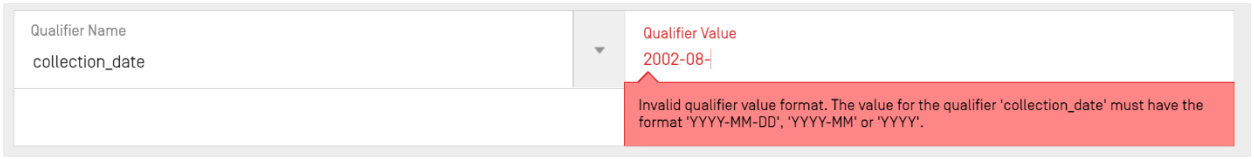
[6] Véase *la Norma ST.26 de la OMPI, Anexo I, secciones 6 y 8*, a fin de consultar todos los posibles calificadores para secuencias de nucleótidos y aminoácidos.



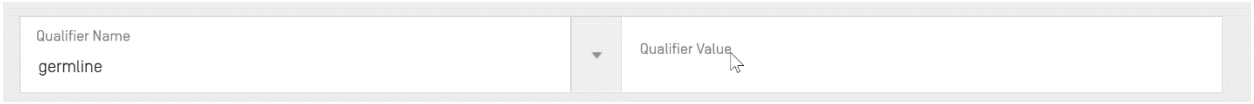
Al campo del código de idioma se le asigna el mismo valor que al de "Non English Free text language code" que se incluye en los datos del proyecto.

Se puede proporcionar una serie de valores en idioma distinto del inglés respecto de cada idioma seleccionado, ya sea introduciéndolos manualmente o importando el idioma apropiado desde un archivo XLIFF (véase la sección **5.1.3.2** para más detalles sobre la importación).

- **Calificadores con formato predefinido**. El valor del campo tiene formato de texto libre, pero se valida para garantizar que se ajusta a las normas pertinentes establecidas en la Sección 6 del Anexo I de la Norma ST.26 de la OMPI.[7] A continuación se muestra un ejemplo en el que la fecha no se ha introducido en el formato adecuado:



- **Calificadores sin valor permitido**. El campo “Qualifier value” no es editable, como se muestra en el siguiente ejemplo:



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

Por último, una vez añadido o modificado el calificador, habrá que hacer clic en el botón “Update feature”, situado en la parte inferior de la superposición de características, como se muestra en la Figura 97, para proceder.

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

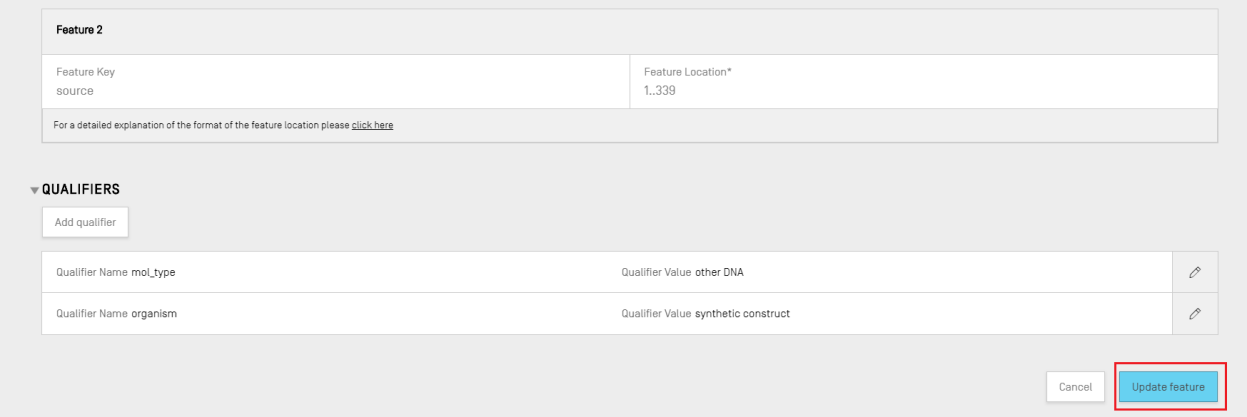


Figura 97. Actualizar característica

5.2 INFORME DE VERIFICACIÓN

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

Se puede obtener más información sobre cómo generar el informe de verificación en el apartado **5.1.1.3.**

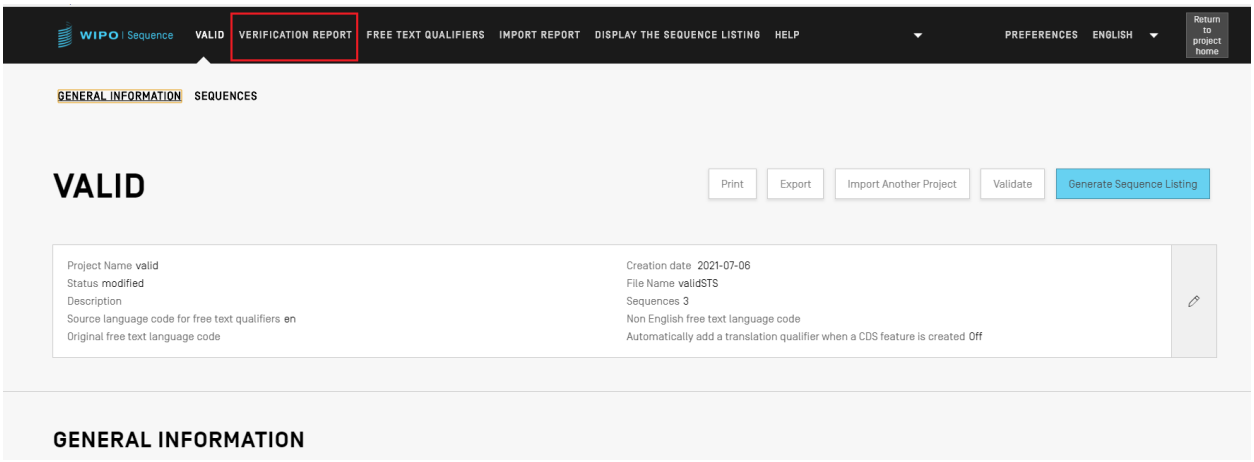


Figura 98. Vista/botón de verificación

Dependiendo de si la lista de secuencias del proyecto es válida o no, aparecerá el cuadro mostrado en la Figura 99, con los errores y las advertencias que se han producido, o el mensaje mostrado en la Figura 100, con el que se informa de que la validación se ha realizado correctamente.

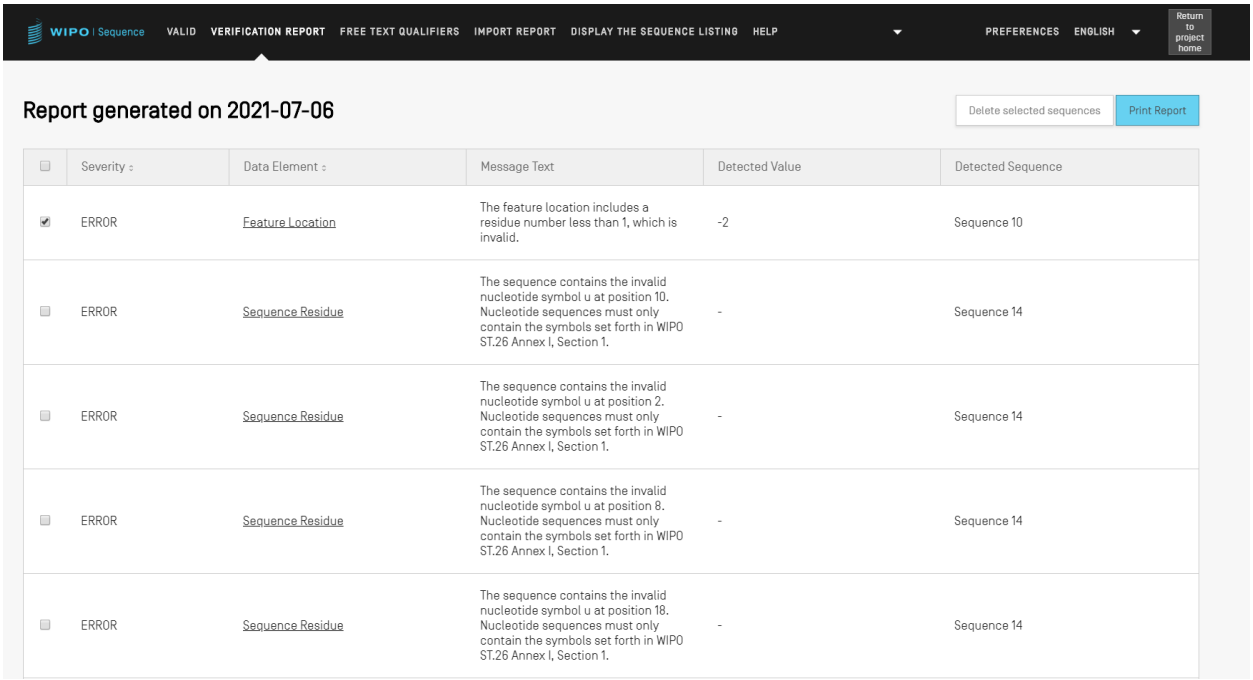


Figura 99. Informe de verificación con errores

Es posible eliminar de una vez múltiples secuencias marcando la casilla de la primera columna y haciendo clic en el botón "delete selected sequences" (véase la **Error! Reference source not found.**).

Se puede exportar el informe de verificación en formato PDF haciendo clic en el botón “Print Report”, que aparece en la esquina superior derecha de la Figura 99. El informe generado se mostrará en el visualizador de PDF, como se explica en la sección **3.2.**

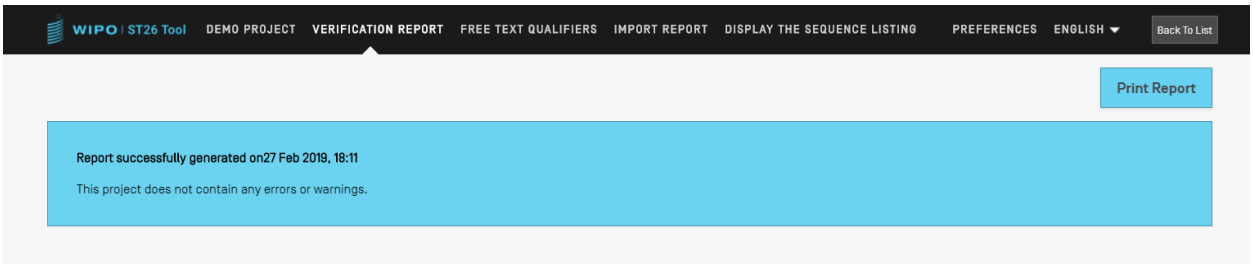


Figura 100. Informe de verificación sin errores

5.3 CALIFICADORES DE TEXTO LIBRE

Los calificadores que permiten valores de texto libre en un proyecto aparecerán descritos en la vista de calificadores de texto libre de la página de proyecto a la que se accede a través del enlace “FREE TEXT QUALIFIERS”.

Cualquier calificador de texto libre que se añada al proyecto en curso aparecerá en dicha vista, como se muestra en la Figura 101.

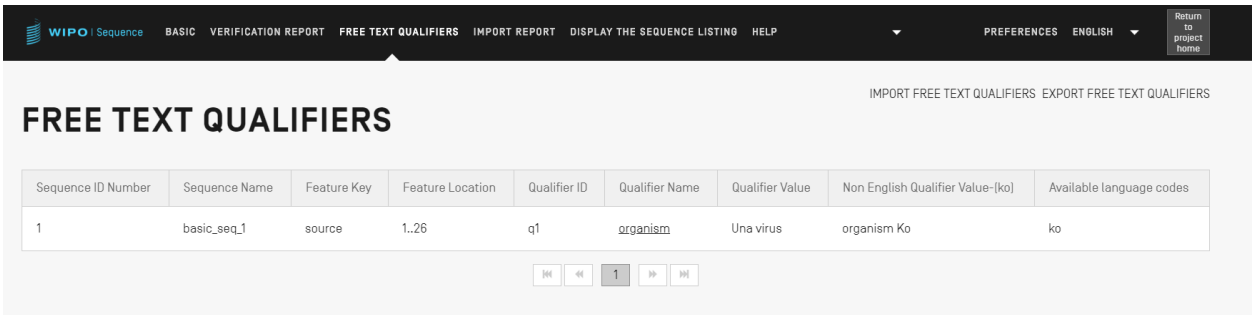


Figura 101. Vista de calificadores de texto libre

Se podrá modificar el valor de texto libre traducido asociado a un calificador haciendo clic en el valor del nombre del calificador, como se muestra en la Figura 101 (1), lo que abrirá una superposición con un panel de edición.

5.3.1 IMPORTAR CALIFICADORES DE TEXTO LIBRE

Si se hace clic en el botón “IMPORT FREE TEXT QUALIFIERS”, la herramienta abrirá el explorador de archivos y se podrá navegar por las carpetas hasta encontrar y seleccionar el archivo (.XLIFF) que se desee importar, y se mostrará un paso de validación múltiple para garantizar que se realizan las asociaciones correctas.

El archivo seleccionado debe contener los siguientes datos:

- Nombre del proyecto
- El código de idioma de destino
- El código de idioma de origen
- Respecto de cada elemento de la unidad XLIFF:

El identificador único del calificador (con el siguiente formato: un número precedido de la letra "q")

El valor del calificador en la etiqueta del idioma de origen

El valor del calificador en la etiqueta del idioma de destino

Figura 102. Ejemplo de archivo XLIFF válido

Una vez que se haya seleccionado el archivo que se desea importar, la herramienta instará a que se verifique si realmente se quiere continuar confirmando las etapas de verificación (véanse las Figura 103 a Figura 107).

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

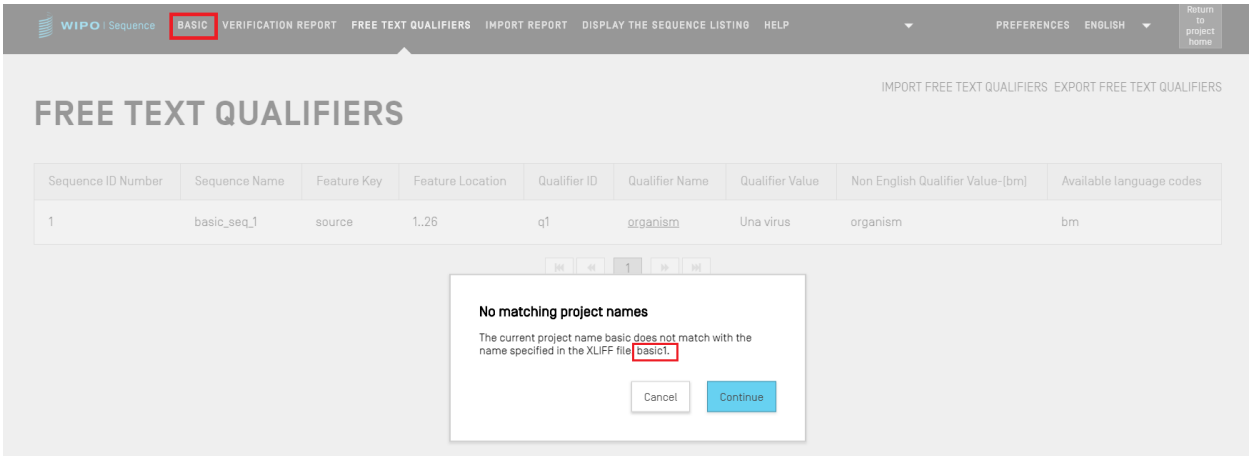


Figura 103. Validación del nombre del proyecto

- El sistema notificará si no se ha podido asociar algún calificador:

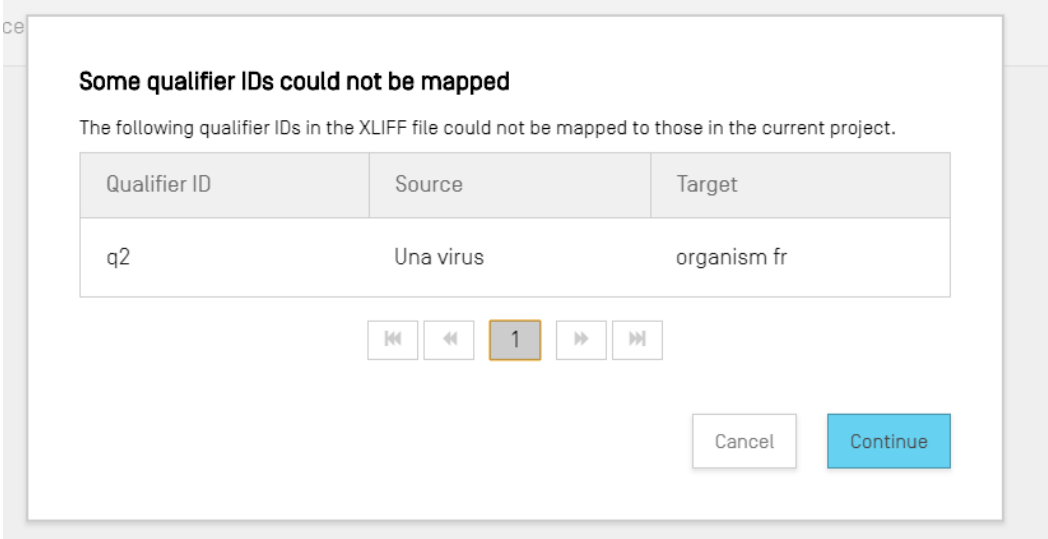


Figura 104. Validación de la asociación de los calificadores

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

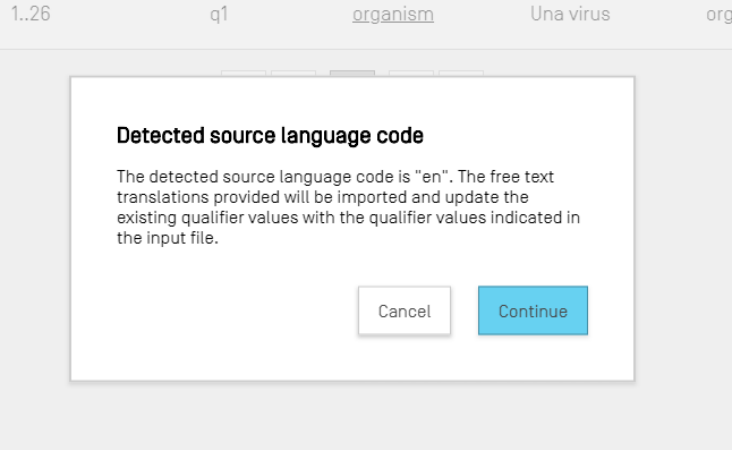


Figura 105. Validación del idioma de origen

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

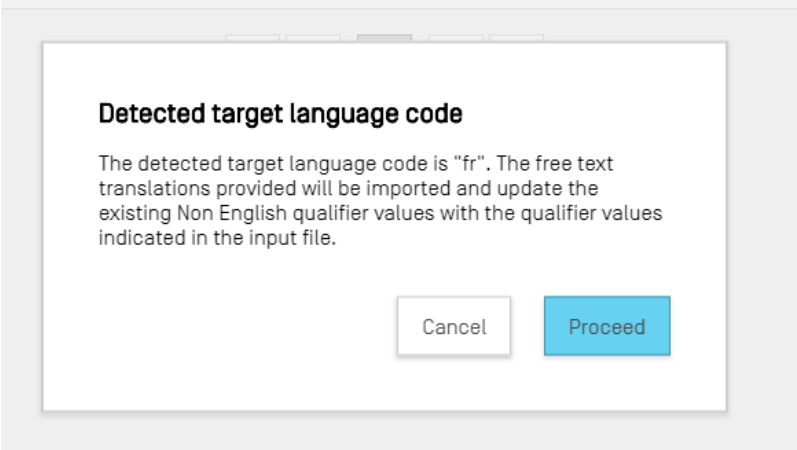


Figura 106. Validación del idioma de destino

Después se recibirá en la parte superior, y sobre fondo azul, el mensaje ‘SUCCESS: THE FREE TEXT QUALIFIER HAS BEEN IMPORTED SUCCESSFULLY’, así como un informe en el cual se expondrán en detalle el archivo en cuestión, con los valores previos y actuales importados.

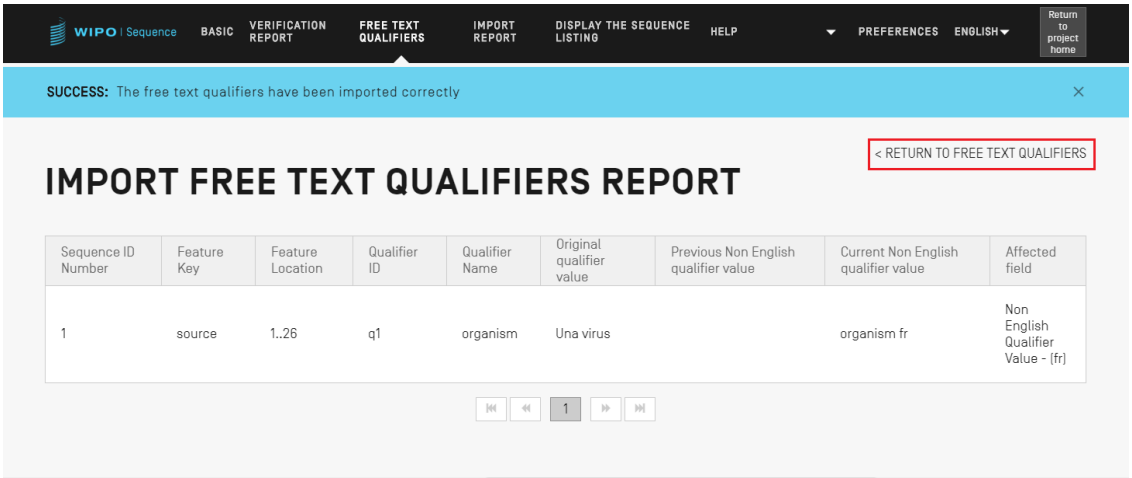


Figura 107. Informe de la importación del calificador de texto libre

Se puede regresar a la vista de calificadores de texto libre haciendo clic en el botón 'RETURN TO FREE TEXT QUALIFIERS', resaltado en la Figura 107.

5.3.2 EXPORTAR CALIFICADORES DE TEXTO LIBRE

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

El archivo incluirá:

- El idioma original del proyecto.
- El idioma de destino del proyecto.
- Los valores de los calificadores de texto libre.
- Los valores traducidos de los calificadores de texto libre.[8]
- La información del calificador y la característica asociadas incluida en el cuadro que se muestra en la Figura 107.

Este archivo puede visualizarse, editarse e importarse de nuevo en la herramienta tras facilitar la traducción adecuada siguiendo los pasos indicados en la sección **5.3.1**.

5.4 INFORME DE IMPORTACIÓN

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

Si el proceso de importación no genera ningún proyecto o no se ha importado ninguna secuencia al proyecto en curso, en la vista de informe de importación aparecerá el mensaje que se muestra en la Figura 108.

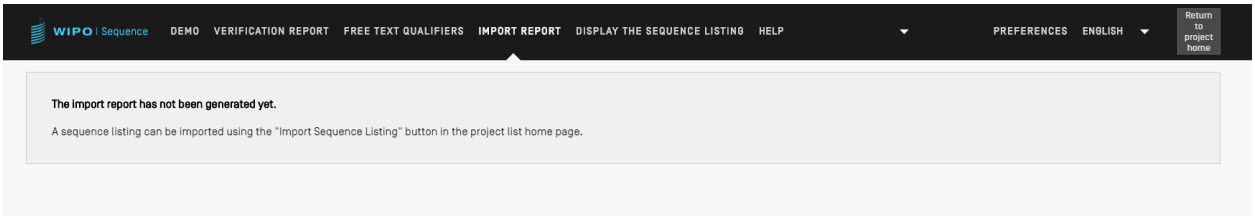


Figura 108. Mensaje de importación no realizada en la vista de informe de importación

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

- Un cuadro de informe de importación (véase la subsección **5.4.1**)

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

- Un cuadro de datos modificados (véase la subsección **5.4.2**)

5.4.1 Cuadro de informe de importación

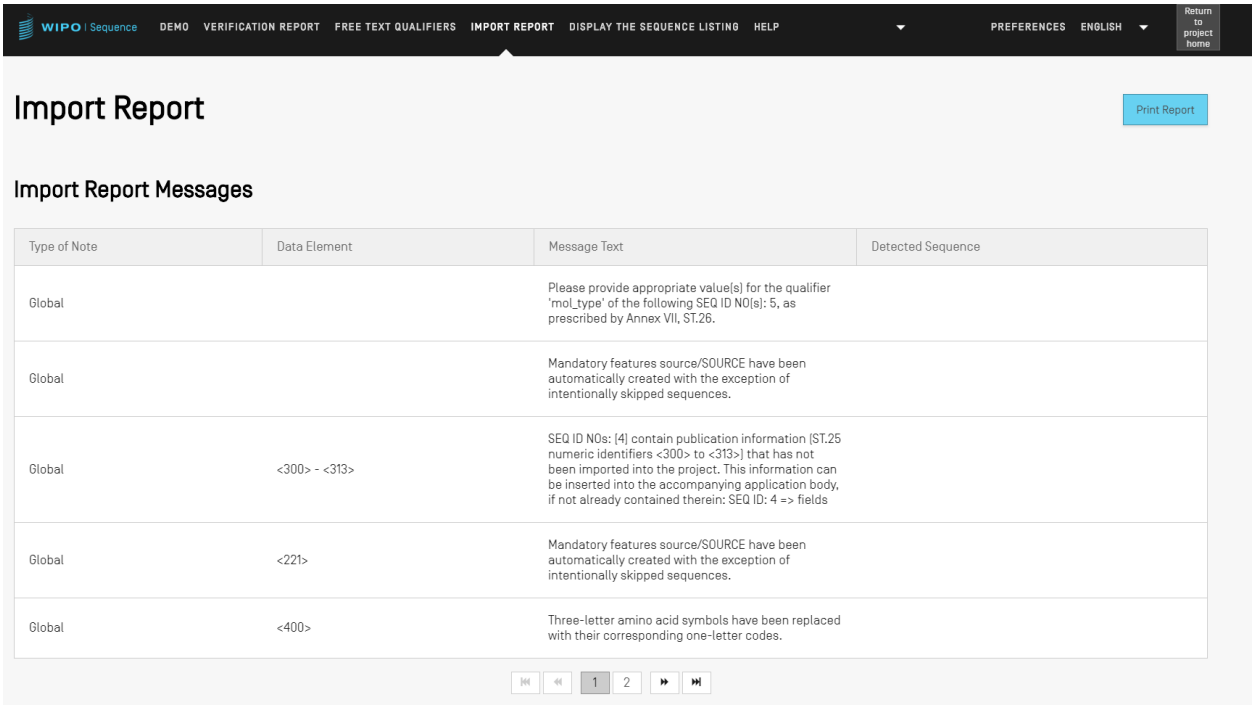


Figura 109. Informe de importación generado

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

- **Tipo de nota**: “INDIVIDUAL” si el mensaje se refiere a una secuencia concreta o “GLOBAL” si se trata de un mensaje genérico que se refiere a una o varias secuencias;

- **Código de elemento de datos**: del archivo de origen, para las listas de secuencias en formato ST.25;

- **Mensaje:** mensaje con información detallada sobre el problema identificado y los cambios hechos para solucionarlo (de haberse realizado alguno);

- **Secuencia afectada:** identificador de la secuencia importada a la que se refiere el mensaje (cuando el tipo de nota es “INDIVIDUAL”, de lo contrario este campo aparece en blanco).

5.4.2 Cuadro de datos modificados

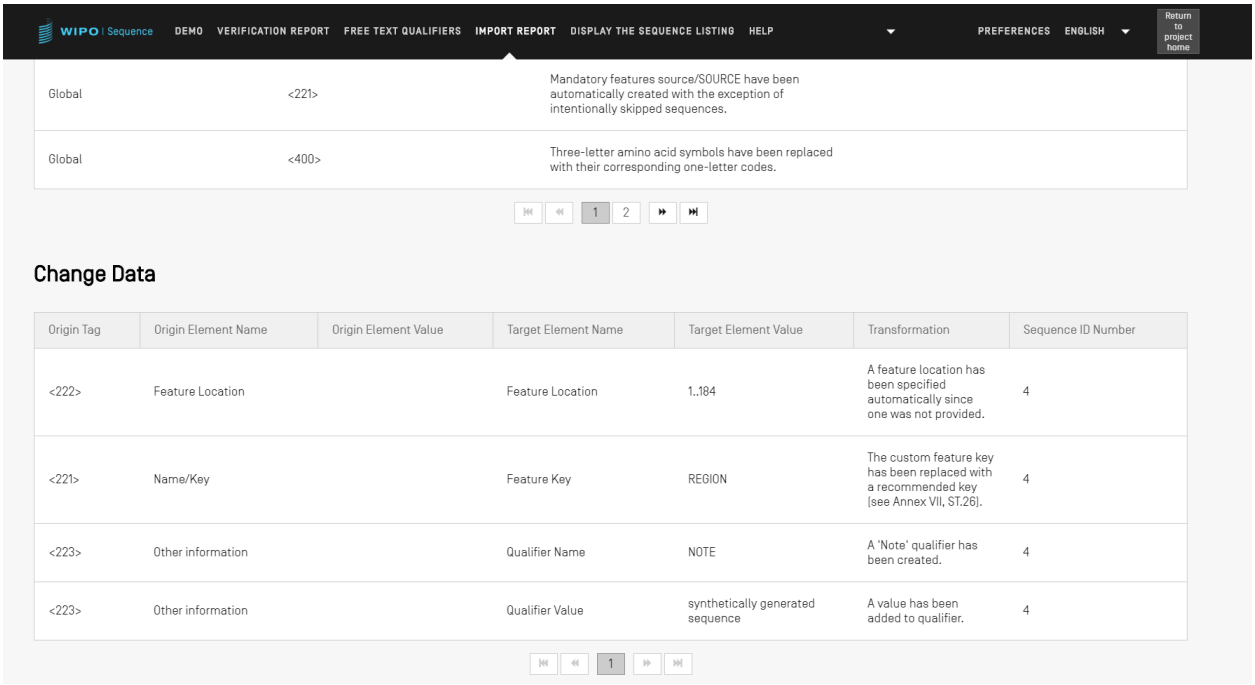


Figura 110. Cuadro de datos modificados

En este cuadro se muestran los datos que han sido transformados o modificados durante el proceso de importación. El cuadro incluye los siguientes datos distribuidos en columnas (véase la Figura 110**Error! Reference source not found.**):

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

5.5 VISUALIZACIÓN DE LISTA DE SECUENCIAS

WIPO Sequence permite generar la lista de secuencias en un formato más fácil de leer para las personas que el XML. Cuando se accede a la vista de visualización de lista de secuencias a través del enlace “DISPLAY THE SEQUENCE LISTING”, aparece un mensaje sobre fondo azul en el que se indica que el archivo de la lista de secuencias se ha generado correctamente, junto a dos opciones para visualizar la lista de secuencias (en formato .html o .txt) (véase la Figura 111).

Para saber cómo generar una lista de secuencias, véase el apartado **5.1.1.5**.

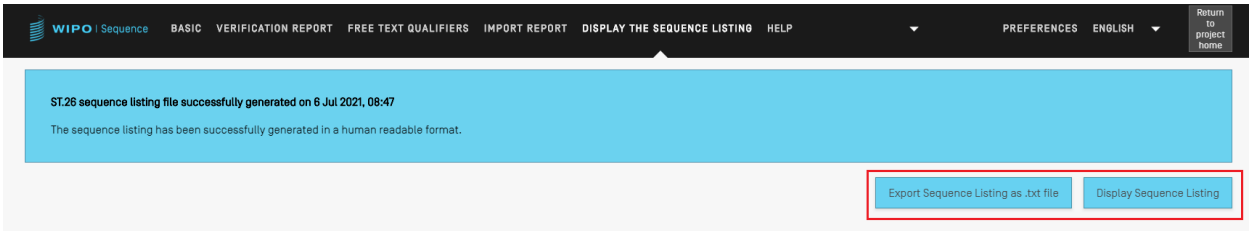


Figura 111. Visualización de lista de secuencia: generada

Si la lista de secuencias no se genera correctamente en un proyecto determinado, en la vista de visualización de lista de secuencias se desactivarán los botones “Display Sequence Listing” y “Export Sequence Listing as .txt file”, y se mostrará el mensaje de error que aparece en la Figura 112.

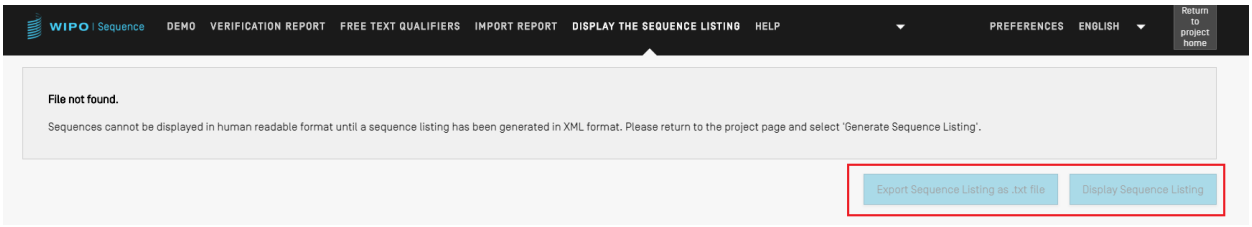
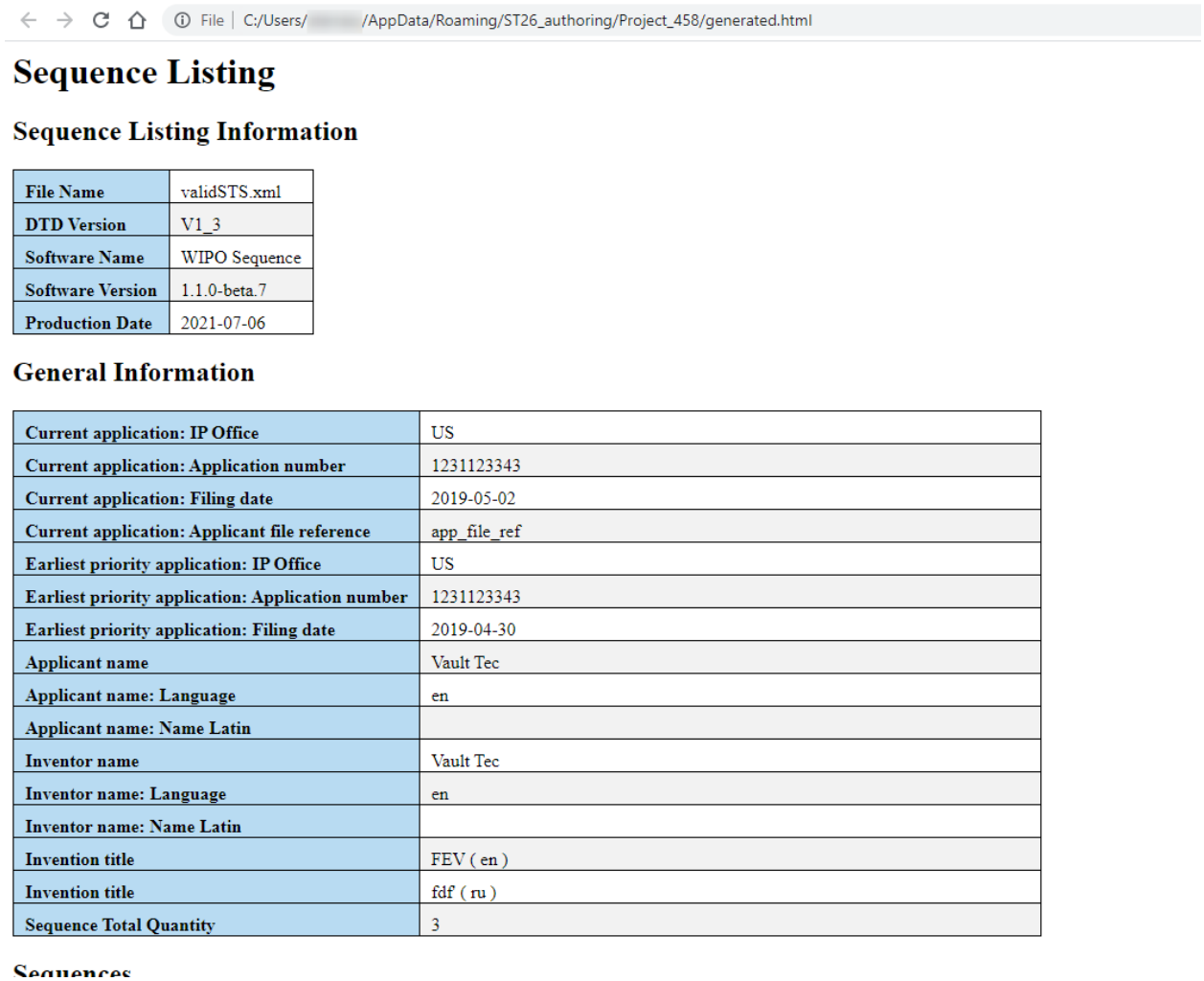


Figura 112. Visualización de lista de secuencias: no generada

Al hacer clic en el botón “Display Sequence Listing”, se abrirá un archivo HTML en el navegador predeterminado en el equipo, y se visualizará el archivo XML ajustado a la Norma ST.26 en un formato que permitirá consultar más fácilmente los valores de determinados campos. En la Figura 113 se muestra un ejemplo.

Nota:

Para que la lista de secuencias se visualice en otro idioma, será necesario volver a generarla. En primer lugar, se selecciona el nuevo idioma para la interfaz de la herramienta y, a continuación, se repiten los pasos ya descritos.



File | C:/Users/ /AppData/Roaming/ST26_authoring/Project_458/generated.html

Sequence Listing

Sequence Listing Information

File Name	validSTS.xml
DTD Version	V1_3
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
Applicant name: Name Latin	
Inventor name	Vault Tec
Inventor name: Language	en
Inventor name: Name Latin	
Invention title	FEV (en)
Invention title	fdf (ru)
Sequence Total Quantity	3

Sequences

Figura 113. Visualización de lista de secuencias: archivo HTML

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

Cuando se hace clic en el botón “Export Sequence Listing as .txt file”, se abre un archivo txt. De esta manera se ofrece una visualización formateada del archivo XML conforme a la Norma ST.26 para que los valores de determinados campos sean más fáciles de ver. En la Figura 114 puede verse un ejemplo.

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

Figura 114: Visualización de la lista de secuencias: archivo TXT

5.6 AYUDA

La herramienta permite visualizar las opciones de ayuda disponibles para obtener asistencia sobre cómo usarla (ver Figura 115).

Las opciones de ayuda remite a la siguiente información:

- un enlace al Manual de uso
- un enlace a las preguntas frecuentes
- un enlace al servicio de contacto de la OMPI
- un enlace a la Norma ST.26
- una descripción de la herramienta

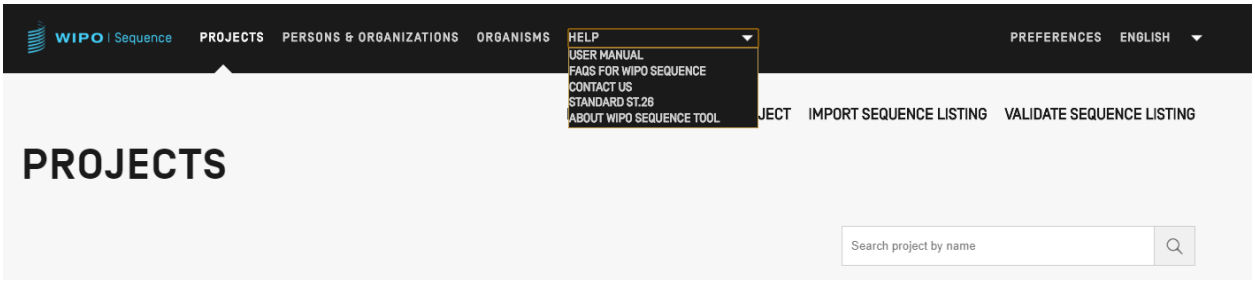


Figura 115. Ayuda

5.7 PREFERENCIAS

En la última vista de preferencias se pueden establecer parámetros específicos aplicables a todos los proyectos conforme a la descripción anterior.

Para obtener más información al respecto, véase la sección **4.4**.

6 FORMATOS DE ARCHIVO

6.1 FORMATO ST.25

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

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

6.2 FORMATO DE VARIAS SECUENCIAS

El formato de varias secuencias[9] puede servir para describir una o varias secuencias, junto con su nombre, el tipo de molécula y el nombre del organismo. Es uno de los formatos permitidos para la importación mediante PatentIn.

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

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

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

Ejemplo:

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

uuuucuuauuguuucuccuacugcuuaucauaaugauugucguaguggcuuccucaucgucucccccaccg
ccuaccacaacgacugccgcagcggauuacuaauaguaucaccaacagcauaacaaaaagaaugacgaaga
ggguugcugauggugucgccgacggcguagcagaaggaguggcggagggg

<Second Sequence; DNA; Albies alba>

attgaugtuagtgauguggtautgaugtuagutguagtautgaugtauuaauuaugtggtgagututugau
atguaautgautugtugutattgaugtuagtgauguggtautgaugtuagutguagtautgaugtauuaau
uaugtggtgagututugauatguaautgautugtugutuagt
```

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

6.3 FORMATO RAW

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

Ejemplo:

```
aggatatagatagtatatgatagtatgatatgatgatgtatgtatagtgtagttatga
```

6.4 FORMATO FASTA

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

6.4.1 Archivo FASTA con una secuencia

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

CTCAACAATCTGAAGCATCG
```

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

6.4.2 Archivo FASTA con varias secuencias (multi-FASTA)

```
>SEQUENCE_1
MTEITAAMVKELRESTGAGMMDCKNALSETNGDFDKAVQLLREKGLGKAAKKADRLAAEG
LVSVKVSDDFTIAAMRPSYLSYEDLDMTFVENEYKALVAELEKENEERRRLKDPNKPEHK
IPQFASRKQLSDAILKEAEEKIKEELKAQGKPEKIWDNIIPGKMNSFIADNSQLDSKLTL
MGQFYVMDDKKTVEQVIAEKEKEFGGKIKIVEFICFEVGEGLEKKTEDFAAEVAAQL
>SEQUENCE_2
SATVSEINSETDFVAKNDQFIALTKDTTAHIQSNSLQSVEELHSSTINGVKFEEYLKSQI
ATIGENLVVRRFATLKAGANGVVNGYIHTNGRVGVVIAAACDSAEVASKSRDLLRQICMH
```

Véase https://en.wikipedia.org/wiki/FASTA_format (consultado el 22 de mayo de 2017).

[Fin del documento]