

ブラジル
2017年4月27日 決議 INPI/PR No. 187
遺伝子配列に関する規則

目次

- 第1条
- 第2条
- 第3条
- 第4条
- 第5条
- 第6条
- 第7条
- 第8条
- 第9条
- 第10条
- 第11条
- 第12条
- 第13条
- 第14条
- 第15条
- 第16条
- 第17条

附属書

- 1. 定義
- 2. WIPO ST. 25 形式における生物学的配列の表示
- 3. ヌクレオチド配列に使用される形式及び記号
- 4. アミノ酸配列に使用される形式及び記号
- 5. 必須データ項目
- 6. 特徴の表示
- 7. フリーテキスト

ブラジル

2017年4月27日 決議 INPI/PR No. 187

国家工業所有権庁(INPI)の長官並びに特許、コンピュータプログラム及び集積回路・回路配置分野を担当する部門長は、

2016年9月22日令 No. 8854 に基づいて与えられた権限を行使して、

以下を合意する。

第1条 本決議は、配列表におけるヌクレオチド及び/又はアミノ酸の配列の表示に関する規則に加えて、本決議が効力を生じた施行日から INPI に提出された特許出願に記載された明細書を補足する目的の、電子様式による配列表の提出手続に関する。

第2条 1996年5月14日法律 No. 9279(以下 LPI という)第24条の規定に従い、発明の説明に不可欠なヌクレオチド及び/又はアミノ酸の1又は複数の配列を含む特許の出願人は、説明が十分であることを確保する目的で、それらを配列表において表示するものとする。

第3条 配列表は、書換不能コンパクトディスク(CD)又は書換不能デジタルディスク(DVD)に記録した、コンピュータ読取り可能形式(電子ファイル)による、明細書を補足する資料として INPI に提示されなければならない。配列表を含む電子ファイルは、テキスト形式(TXT)で保存しなければならない。

第4条 配列表におけるヌクレオチド及び/又はアミノ酸の配列の表示は、本決議の附属書に定める規則に従って、世界知的所有権機関(WIPO)が定義する WIPO 標準 ST. 25 に従わなければならない。

1. 配列表は、ペプチド又はタンパク質を構成する4以上の連続するL-アミノ酸を有するすべての直鎖状配列又は10以上の連続するヌクレオチドを有するすべての直鎖状配列を含むものとし、本項に定める条件を満たすことを条件として例えばPCRプローブのようにクレームに含まれていないものを含む。
2. 本決議の附属書の表1、表2、表3及び表4に列挙される以外のヌクレオチド又はアミノ酸を含む配列に加えて、分岐配列、10未満のヌクレオチドを有する配列、4未満のL-アミノ酸を有する配列及び少なくとも1のD-アミノ酸を含むアミノ酸配列は、特許出願の明細書に含まれなければならない、配列表に含まれてはならない。

第5条 提出されるCD又はDVDは、TXT形式による電子配列表ファイルを含み、その内容の真正性を証明するために、TXT形式による配列表ファイルに対する英数字制御コードに対応する電子ファイルも含むものとする。

1. 配列表に対する英数字制御コードを含む電子ファイルは、ポータブルドキュメント形式(PDF)での電子配列表ファイルの作成時に、SisBioList を介して TXT 形式による配列表ファイルを使用して自動的に作成される。

2. CD 又は DVD に収容された配列表の写しに相当する PDF ファイルの提出は任意選択である。

第 6 条 TXT 形式による電子配列表ファイル及び配列表の英数字制御コードを含む電子ファイルを含む CD 又は DVD は、特許出願の提出時に INPI に提出されなければならない。

1. 出願人は、CD 又は DVD が特許出願の提出時に INPI に提出されない場合は、INPI による通知又は要求に拘らず、LPI 第 33 条による特許出願の審査日まで、手数料納付を必要としない提出物の一部として CD 又は DVD を提出することができる。

2. 前項の規定によりなされる提出物には、「電子形式で提出される配列表に含まれる情報は、出願時の特許出願に含まれるアミノ酸及び/又はヌクレオチド配列の一部として開示された資料の内容に限定される」旨の出願人による陳述書を含まなければならない。

3. 電子ファイル形式の配列表が本条冒頭及び(1)に定める期限前に提出されない場合、INPI は、LPI に定める条件に基づき、かつ、期限内に遵守されなければならない本規則的指示の規定を満たす目的で、特許出願を訂正するために必要な措置をとるものとする。

4. 前項の規定を満たすことに関して、出願人は、「電子形式で提出される配列表に含まれる情報は、出願時の特許出願に含まれるアミノ酸及び/又はヌクレオチド配列の一部として開示された資料の内容に限定される」旨を宣言した陳述書を提出しなければならない。

第 7 条 出願人は、配列表が提出後に職権によるか又は出願人の請求によるかに拘らず訂正される場合、本決議の第 6 条の規定に従い、TXT 形式による訂正された配列表を含む新しい CD 又は DVD を INPI に提供するものとする。

[補項] 本条冒頭の規定に関して、出願人は、提出物の一部として、管理手数料の納付証明及び出願人による「電子形式で提出された、訂正された配列表に含まれる情報は、先に提出された対応する特許出願に含まれる資料への追加を表していない」旨の陳述書に加えて、TXT 形式による訂正された電子配列表ファイル及び訂正された配列表に対する英数字制御コードを含む電子ファイルを含む CD 又は DVD を INPI に提供することが要求される。

第 8 条 TXT 形式による電子配列表ファイル及び配列表に対する英数字制御コードを含む電子ファイルを含んで提出された CD 又は DVD は、配列表に対する英数字制御コードによって、また、該当する場合は、対応する行政手続に関する連邦納付票(GRU)を含むラベルによって識別されなければならない。

[補項] INPI に既に出願番号が割り当てられた特許出願に、提出された CD 又は DVD が対応する場合は、ラベルに当該出願番号も含まなければならない。

第 9 条 TXT 形式による電子配列表ファイル及び配列表に対する英数字制御コードを含む電子ファイルを含む CD 又は DVD は、CD 又は DVD のケースに入れて提出しなければならない。

第 10 条 電子配列表ファイルを含む CD 又は DVD の提示に関して、特許出願人は、本決議に定める条件に基づき、かつ、期限内に、INPI に対し、対応する様式の所定の箇所において、様式自体に示される配列表に対する英数字制御コードに加えて、配列表を提出する旨を通知しなければならない。

第 11 条 本決議の規定は、特許協力条約 (PCT) の条件に基づいて提出された国際特許出願の一部として生じた特許出願が、INPI に提出され、有効な法律に従ってそれらが国内段階に移行する場合に適用される。

第 12 条 配列表は、特許出願の不可分の一部として、印刷形式で提出することもできる。

1. 特許出願時に印刷形式で付加的に提出される配列表は、明細書の後に置かれなければならない。配列表の表題で別個のページから始めなければならない。
2. 冒頭において指定される配列表ページは、ページの端から 1cm から 2cm の間で、ページの上端で中央揃えされたアラビア数字を使用して、連続して別個に番号付けされなければならない。
3. 冒頭において言及される配列表は、対応するページの番号付けを除き、TXT 形式ファイルにより提供される内容と正確に同じ情報を含まなければならない。かつ、「印刷形式で提出された配列表は、ページ番号付けを除き、電子ファイルの内容と同一である」旨の出願人による陳述書が添付されなければならない。

第 13 条 LPI 第 39 条に示される情報及び書類に加えて、配列表に対する英数字制御コードが特許証に添付されるものとする。

[補項] 冒頭において言及される配列表は、INPI のウェブサイト上でアクセスできる。

第 14 条 配列表の電子形式による提出を要求する決議 No. 228/09 が施行された 2010 年 2 月 8 日より前に INPI に提出された特許の出願人は、本決議に定める条件に基づいて、自発的に、手数料納付を必要としない提出物によって、配列表を電子形式により提出することができる。

第 15 条 配列表の電子形式による提出を要求する決議 No. 228/09 が施行された 2010 年 2 月 8 日より前に INPI に提出された特許の出願人であって、かつ、出願が提出された時点で有効な法律に違反して配列表を提出した者は、第 14 条に示される特権が適用される場合を除き、INPI の要求により、本決議に定める条件に基づいて、管理手数料の納付証明を添付して、配列表を電子形式で提出しなければならない。

第 16 条 特許の出願人は、INPI ウェブサイト上でこの目的のために定める特定の規則に従って、配列表を電子形式で提出することができる。

第 17 条 本決議は、工業所有権電子官報に公告された日から施行する。

2017 年 4 月 27 日、リオデジャネイロにおいて

WIPO ST. 25 形式の「配列表」におけるアミノ酸配列及びヌクレオチド配列の提示及び表示に関する規則

1. 定義

1.1 配列識別子は、配列表における各配列に割り当てられた配列番号に対応する一意の整数であり、配列番号 1 に対応して「配列表」中で定義される最初の配列は、発明の最も重要な配列でなければならない。

1.2 数値識別子は、 $\langle \rangle$ 記号で囲まれた特定のデータ要素を表す 3 桁の数字である。

1.3 言語中立的語彙とは、配列データベース提供者によって規定される科学用語を表す、配列表において使用される統制語彙である(表 1, 表 2, 表 3 及び表 4 に示される学名, 修飾子及びそれらの統制語値, 記号並びに表 5 及び表 6 に示される特徴キーを含む)。

1.4 「フリーテキスト」とは、数値識別子(他の情報)の下に配列の特性を記述する文言であり、1.3 にいう言語中立的語彙を使用していない。

2. WIPO ST. 25 形式における生物学的配列の表示

2.1 各配列には、別個の配列識別子を割り当てるものとする。配列識別子は、1 で始まり、例えば、「配列番号 1」, 「配列番号 2」, 「配列番号 3」などのように整数によって連続して増加するものとする。

2.2 出願の明細書, クレーム又は図面において、配列表に表示される配列は、配列識別子によって参照され、かつ、「配列番号(SEQ ID NO:)」が前に付けられるものとする。

2.3 ヌクレオチド及びアミノ酸配列は、次の 3 の選択肢の少なくとも 1 によって表示されるものとする。(i)ヌクレオチド配列のみ; (ii)アミノ酸配列のみ; (iii)対応するアミノ酸配列を伴うヌクレオチド配列。

2.4 選択肢(iii)に指定された形式で表示される配列については、アミノ酸配列は、別個の整数配列識別子を有する純アミノ酸配列として配列表において別個に開示されなければならない。

3. ヌクレオチド配列に使用される形式及び記号

3.1 ヌクレオチド配列は 5' 末端から 3' 末端方向に一本鎖のみで左から右へ表示されるものとする。

3.2 ヌクレオチド配列は、1 行当たり最大 60 塩基で、10 塩基毎に 1 スペースを空けて列記されるものとする。

3.3 ヌクレオチド配列のコード領域の塩基は、トリプレット(コドン)として列記されるものとする。

3.4 ヌクレオチド配列の塩基は、ヌクレオチド配列文字の1文字記号を使用して列記されるものとする。表1に示された一覧に従った小文字のみが使用されるものとする。

3.5 修飾塩基は、表2に列記されたものの1である場合は、配列自体においては対応する非修飾塩基として又は「n」として表示されるものとする。

4. アミノ酸配列に使用される形式及び記号

4.1 タンパク質又はペプチド配列は、各アミノ酸の間にスペースを設けて、1行当たり最大16アミノ酸で列記されるものとする。

4.2 ヌクレオチド配列のコード領域におけるコドンに対応するアミノ酸は、対応するコドンの直下に配置されるものとする。コドンがイントロンによって分断される場合、アミノ酸記号は、2のヌクレオチドを含むコドンの部分の下に配置されるものとする。

4.3 アミノ酸の番号付けは、配列の最初のアミノ酸から番号1で始めるものとする。

4.4 必要に応じて、成熟タンパク質に先立つアミノ酸、例えば、プレ配列、プロ配列、プレプロ配列及びシグナル配列は、存在する場合は、負の数を有し、番号1の隣のアミノ酸から遡ることができる。

4.5 0(ゼロ)は、アミノ酸の番号付けが成熟タンパク質を識別するために負の数を使用する場合は使用されない。

4.6 より大きな配列の1若しくは複数の隣接しないセグメント又は異なる配列のセグメントから構成されるアミノ酸配列は、別個の配列識別子を付して別個の配列として番号を付されるものとする。

4.7 タンパク質又はペプチド配列中のアミノ酸は、アミノ酸からカルボキシの方向に左から右に列記されるものとする。アミノ基及びカルボキシ基は、配列において表示してはならない。

4.8 アミノ酸は、最初の文字を大文字とした3文字記号を使用して表示されるものとし、かつ、表3に示される一覧に適合するものとする。

5. 必須データ項目：

5.1 配列表は、実際のヌクレオチド及び/又はアミノ酸配列に加えて、かつ、その直前に、次の情報項目(必須データ項目)を含むものとする。

<110>	出願人名称
<120>	発明の名称
<160>	配列の総数
<210>	配列番号#
<211>	配列の長さ
<212>	配列の型
<213>	生物名
<400>	配列

出願人の名称(数値識別子)がラテン・アルファベット文字以外の文字で示される場合は、単なる音訳として又は英語への翻訳により、ラテン・アルファベット文字でも示されるものとする。

5.2 配列の表記に「n」若しくは「Xaa」又は修飾塩基若しくは修飾/異常L-アミノ酸が使用される場合は、次のデータ項目が必須である。

<220>	配列の特徴
<221>	配列の特徴を表す名称/キー
<222>	存在位置
<223>	他の情報

5.3 生物名(数値識別子)が「人工配列」又は「未知」の場合は、次のデータ項目が必須となる。

<220>	配列の特徴
<223>	他の情報

5.4 特許出願時又は出願番号の付与前の時点で配列表が提出された場合は、次のデータ項目を配列表に含めなければならない。

<130>	参照番号(出願人により指定)
-------	----------------

5.5 配列表が INPI による要求への応答において又は出願番号の付与よりも後の時点で提出された場合は、次のデータ要素を「配列表」に含めなければならない。

<140>	現在の特許出願番号
<141>	現在の出願日

5.6 前述したデータ項目に加えて、先の出願の優先権を主張する出願に関して配列表が提出された場合は、次のデータ項目が「配列表」に含まれるものとする。

<150>	先の特許出願(優先権書類)
<151>	先の出願日(日/月/年)

6. 特徴の表示：

6.1 配列の特徴(すなわち、数値識別子<220>)を表示する場合、表5及び表6に定める「特徴キー」によって説明されるものとする。

7. フリーテキスト：

7.1 フリーテキストの使用は、配列を理解するために不可欠な少数の短い用語に限定されるものとする。

7.2 各データ項目は、4行を超えてはならず、1行当たり最大65文字とする。

7.3 更なる情報は、明細書の主要部分に含まれるものとする。

必須数値識別子

数値識別子	数値識別子の説明	注釈
<110>	出願人名称	出願人の名称がラテン・アルファベット文字以外の文字で示される場合は、当該名称は、単なる音訳として又は英語への翻訳により、ラテン・アルファベット文字でも示されるものとする。複数の出願人がいる場合は、1行当たり1の名称を記載する
<120>	発明の名称	母国語による
<130>	出願参照番号	5.4に明示された条件に基づいてのみ必須である
<140>	現在の特許出願番号	5.5に明示された条件に基づいてのみ必須である
<141>	現在の出願日	5.5に明示された条件に基づいてのみ必須である
<150>	先の特許出願(優先権)	5.6に明示された条件に基づいてのみ必須である
<151>	先の出願日(優先権)	5.6に明示された条件に基づいてのみ必須である
<160>	配列番号の数	配列表に含まれる配列番号の数を含む
<210>	配列番号#に関する情報	応答は、示された配列番号を表示する整数であるものとする
<211>	配列の長さ	塩基対又はアミノ酸の数で表現される配列の長さ
<212>	配列の型	DNA, RNA 又は PRT(タンパク質)の何れかである、配列番号#で配列決定されたDNA/RNA/PROTEIN分子の型、;値は、ヌクレオチド配列がDNA及びRNA断片の両方を含む場合は、「DNA」であるものとする。また、DNA/RNA結合分子については、特徴<220>から<223>までのセクションで更に説明されるものとする
<213>	生物名	属及び種(すなわち、学名)又は「人工配列」若しくは「未知」;また、人工配列又は未知の生物名は、特徴<220>から<223>までのセクションでも説明しなければならない
<220>	配列の特徴	5.2及び5.3に明示された条件に対してのみ必須である。それ以外の場合は空欄のままとする
<221>	配列の特徴を表す名称/キー	5.2に明示された条件に対してのみ必須である
<222>	存在位置	5.2に明示された条件に対してのみ必須である
<223>	他の情報	5.2及び5.3に明示された条件に対してのみ必須である
<400>	配列	配列番号は数値識別子に後続し、かつ、当該配列に先行する行に記載するものとする

表1：ヌクレオチドの一覧

記号	意味	記号の由来
a	a	アデニン
g	g	グアニン
c	c	シトシン
t	t	チミン
u	u	ウラシル
r	g 又は a	プリン
y	t/u 又は c	ピリミジン
m	a 又は c	アミノ基
k	g 又は t/u	ケト基
s	g 又は c	3 箇所の水素結合による強い相互作用
w	a 又は t/u	2 箇所の水素結合による弱い相互作用
b	g 又は c 又は t/u	a 以外
d	a 又は g 又は t/u	c 以外
h	a 又は c 又は t/u	g 以外
v	a 又は g 又は c	T 以外, u 以外
n	a 又は g 又は c 又は t/u, 未知 又はその他	任意

表2：修飾ヌクレオチドの一覧

記号	意味
ac4c	4-アセチルシチジン
chm5u	5-(カルボキシヒドロキシメチル)ウリジン
cm	2'-O-メチルシチジン
cmnm5s2u	5-カルボキシメチルアミノメチル-2-チオウリジン
cmnm5u	5-カルボキシメチルアミノメチルウリジン
d	ジヒドロウリジン
fm	2'-O-メチルプソイドウリジン
gal q	β , D-ガラクトシルキユエオシン
gm	2'-O-メチルグアノシン
i	イノシン
i6a	N6-イソペンテニルアデノシン
m1a	1-メチルアデノシン
m1f	1-メチルプソイドウリジン
m1g	1-メチルグアノシン
m1i	1-メチルイノシン
m22g	2, 2'-ジメチルグアノシン
m2a	2-メチルアデノシン
m2g	2-メチルグアノシン
m3c	3-メチルシチジン
m5c	5-メチルシチジン
m6a	N6-メチルアデノシン
m7g	7-メチルグアノシン
mam5u	5-メチルアミノメチルウリジン
mam5s2u	5-メトキシアミノメチル-2-チオウリジン

man q	β , D-マンノシルキユエオシン
mcm5s2u	5-メトキシカルボニルメチル-2-チオウリジン
mcm5u	5-メトキシカルボニルメチルウリジン
mo5u	5-メトキシウリジン
ms2i6a	2-メチルチオ-N6-イソペンテニルアデノシン
ms2t6a	N-((9- β -D-リボフラノシル-2-メチルチオプリン-6-イル)カルバモイル)トレオニン
mt6a	N-((9- β -D-リボフラノシルプリン-6-イル)N-メチルカルバモイル)トレオニン
mv	ウリジン-5-オキシ酢酸-メチルエステル
o5u	ウリジン-5-オキシ酢酸
osyw	ワイブトキソシン
p	プソイドウリジン
q	キユエオシン
s2c	2-チオシチジン
s2t	5-メチル-2-チオウリジン
s2u	2-チオウリジン
s4u	4-チオウリジン
t	5-メチルウリジン
t6a	N-((9- β -D-リボフラノシルプリン-6-イル)-カルバモイル)トレオニン
tm	2'-O-メチル-5-メチルウリジン
um	2'-O-メチルウリジン
yw	ワイブトシン
x	3-(3-アミノ-3-カルボキシプロピル)ウリジン, (acp3)u

表3：アミノ酸の一覧

記号	意味
Ala	アラニン
Cys	システイン
Asp	アスパラギン酸
Glu	グルタミン酸
Phe	フェニルアラニン
Gly	グリシン
His	ヒスチジン
Ile	イソロイシン
Lys	リシン
Leu	ロイシン
Met	メチオニン
Asn	アスパラギン
Pro	プロリン
Gln	グルタミン
Arg	アルギニン
Ser	セリン
Thr	トレオニン
Val	バリン
Trp	トリプトファン
Tyr	チロシン

Asx	アスパラギン酸又はアスパラギン
Glx	グルタミン酸又はグルタミン
Xaa	未知又はその他

表 4：修飾又は異常アミノ酸の一覧

記号	意味
Aad	2-アミノアジピン酸
bAad	3-アミノアジピン酸
bAla	β -アラニン, β -アミノプロピオン酸
Abu	2-アミノ酪酸
4Abu	4-アミノ酪酸, ピペリジン酸
Acp	6-アミノカプロン酸
Ahe	2-アミノヘプタン酸
Aib	2-アミノイソ酪酸
bAib	3-アミノイソ酪酸
Apm	2-アミノピメリン酸
Dbu	2, 4-ジアミノ酪酸
Des	デスマシン
Dpm	2, 2'-ジアミノピメリン酸
Dpr	2, 3-ジアミノプロピオン酸
EtGly	N-エチルグリシン
EtAsn	N-エチルアスパラギン
Hyl	ヒドロキシリジン
aHyl	アロ-ヒドロキシリジン
3Hyp	3-ヒドロキシプロリン
4Hyp	4-ヒドロキシプロリン
Ide	イソデスマシン
alle	アロ-イソロイシン
MeGly	N-メチルグリシン, サルコシン
Melle	N-メチルイソロイシン
MeLys	6-N-メチルリジン
MeVal	N-メチルバリン
Nva	ノルバリン
Nle	ノルロイシン
Orn	オルニチン

表 5：ヌクレオチド配列に関連する特徴記号の一覧

記号	説明
allele	特定の部位(及び他の部位)で提示された配列と異なる, 同じ遺伝子の安定した対立形質を含む関連する個体又は系統
attenuator	1)いくつかのバクテリアのオペロンの発現を制御する転写終結の調節が起こる DNA の領域; 2)部分的な転写終結を起こす, プロモーターと最初の構造遺伝子との間に位置する配列セグメント
C_region	免疫グロブリン軽鎖及び重鎖並びに T 細胞レセプター α 鎖, β 鎖及び γ 鎖の定常部位; 特定の鎖に応じて 1 又は複数のエクソンを含む
CAAT_signal	CAAT ボックス; RNA ポリメラーゼ結合に関与し得る真核生物の転写単位の開始点から約 75bp 上流に位置する保存された配列の部分; コンセンサス配列=GG(C 又は T)CAATCT
CDS	コード配列; タンパク質のアミノ酸の配列に対応するヌクレオチドの配列(位置は終止コドンを含む); 特徴はアミノ酸の概念翻訳を含む
conflict	「同じ」配列の個々の決定がこの部位又は領域で異なる
D-loop	置換ループ; 短い RNA 鎖の伸長が DNA の 1 本鎖と対合し, この領域の元のもう一方の DNA 鎖を置換するミトコンドリア DNA 内の領域; RecA タンパク質による触媒反応において, 2 本鎖 DNA の 1 本鎖の領域の 1 本鎖インバーダーによる置換を説明するためにも使用される
D-segment	免疫グロブリン重鎖及び T 細胞レセプター β 鎖の多様性セグメント
enhancer	同じ DNA 鎖で(いくつかの)真核生物のプロモーターの利用を増加させ, プロモーターに関して何れの方向でも何れの位置(5' 又は 3')でも機能できるシス作用配列
exon	スプライシングされた mRNA の部分をコードするゲノムの領域; 5' UTR, 15 すべての CDS 及び 3' UTR を含み得る
GC_signal	GC ボックス; 真核生物の転写開始点の上流に位置する保存された GC に富む領域で, 多数のコピーで又は何れかの方向(5' 又は 3')で生じ得る; 共通配列=GGGCGG
gene	遺伝子として同定され, 名称が割り当てられた生物学的重要性のある領域
iDNA	介在 DNA; いくつかの種類の種類によって除去される DNA
intron	転写されるが, その両側の配列(エクソン)とともにスプライシングすることによって転写産物の中から除去される DNA のセグメント
J_segment	免疫グロブリン軽鎖及び重鎖並びに T 細胞レセプター α 鎖, β 鎖及び γ 鎖の結合セグメント
LTR	長鎖末端反復, レトロウイルスで典型的に見られるような, 定義された配列の両端(5' 及び 3')で直接反復される配列
mat_peptide	成熟ペプチド又はタンパク質コード配列; 翻訳後修飾に続く成熟又は最終ペプチド又はタンパク質産物のコード配列; その部位は終止コドンを含まない(対応する CDS とは異なる)
misc_binding	他の如何なる結合キー(primer_bind 又は protein_bind)によっても説明できない別の部分に共有結合的又は非共有結合的に結合す

	る核酸における部位
misc_difference	機能配列がエントリに提示されるものとは異なり、他の如何なる差異キー(conflict, unsure, old_sequence, mutation, variation, allele 又は modified_base)によっても説明できない
misc_feature	他の如何なる特徴記号によっても説明できない生物学的重要性のある領域；新規の又は稀な特徴
misc_recomb	他の組換えキー(idNA 及び virion)やソースキーの修飾子(/insertion_seq, /transposon, /proviral)では説明できない2本鎖DNAの開裂及び再結合がある、普遍的、部位特異的な又は複製的な組換えイベントの部位
misc_RNA	他のRNAキー(prim_transcript, precursor_RNA, mRNA, 5' clip, 3' clip, 5' UTR, exon, CDS, sig_peptide, transit_peptide, mat_peptide, intron, polyA_site, rRNA, tRNA, scRNA, 及び snRNA)によって定義できない転写産物又はRNA産物
misc_signal	他のシグナルキー(promoter, CAAT_signal, TATA_signal, -35_signal, -10_signal, GC_signal, RBS, polyA_signal, enhancer, attenuator, terminator 及び rep_origin)では説明できない遺伝子機能又は発現を制御し、又は改変するシグナルを含む領域
misc_structure	他の構造キー(stem_loop 及び D-loop)では説明できない二次若しくは三次構造又は配座
modified_base	示されたヌクレオチドは修飾ヌクレオチドであり、示された分子(mod_base 修飾子値で示される)によって置換されるべきである
mRNA	メッセンジャーRNA；5' 非翻訳領域(5' UTR)、コード配列(CDS, exon)及び3' 非翻訳領域(3' UTR)を含む
mutation	関連する系統は、この部位にある配列に突然の遺伝的変異がある
N_region	再編成された免疫グロブリンセグメント間に挿入された外来のヌクレオチド
old_sequence	提示された配列は、この位置にある配列の以前のバージョンを訂正する
polyA_signal	ポリアデニル化が後続するRNA転写産物のエンドヌクレアーゼ開裂に必要な認識部位；共通配列=AATAAA
polyA_site	転写後ポリアデニル化によりアデニン残基が付加されるRNA転写産物上の部位
precursor_RNA	いまだ成熟したRNA産物ではないRNA種；5'クリップ領域(5' clip)、5'非翻訳領域(5' UTR)、コード配列(CDS, exon)、介在配列(intron)、3'非翻訳領域(3' UTR)及び3'クリップ領域(3' clip)を含み得る
prim_transcript	一次(初期、未プロセッシング)転写産物；5'クリップ領域(5' clip)、5'非翻訳領域(5' UTR)、コード配列(CDS, exon)、介在配列(intron)、3'非翻訳領域(3' UTR)及び3'クリップ領域(3' clip)を含む
primer_bind	複製、転写又は逆転写の開始のための非共有プライマー結合部位；合成のための、例えばPCRプライマー要素のための部位を含む
promoter	転写開始のためのRNAポリメラーゼ結合に関与するDNA分子上の部位
protein_bind	核酸上の非共有結合タンパク質結合部位

RBS	リボソーム結合部位
repeat_region	繰り返し単位を含むゲノムの部位
repeat_unit	単一の繰り返し要素
rep_origin	複製起点；2の同一のコピーを得る核酸の複製の開始部位
rRNA	成熟リボソーム RNA；アミノ酸をタンパク質に合成するリボ核タンパク質粒子(リボソーム)の RNA 成分
S_region	免疫グロブリン重鎖のスイッチ部位；同じ B 細胞からの異なる免疫グロブリンクラスの発現につながる重鎖 DNA の再編成に關与する
satellite	短い基本単位が多数直列に繰り返す配列；多くは塩基構成などの特性で平均的なゲノム配列と異なり、ゲノム DNA の大部分から分けることができる
scRNA	低分子量細胞質 RNA；真核生物の細胞質及び(時に)核に存在するいくつかの低分子量細胞質 RNA 分子の 1
sig_peptide	シグナルペプチドコード配列；分泌タンパク質の N 末端ドメインのコード配列；このドメインは新生ポリペプチドの膜への吸着に關与する；リーダー配列
snRNA	核内低分子 RNA；核に限定された多くの低分子 RNA 種の 1；いくつかの snRNA はスプライシング又は他の RNA プロセシング反応に關与する
source	配列の指定された範囲の生物学的由来を識別する；このキーは必須である；すべてのエントリは、最低限、配列全体に渡る単一のソースキーを有することになる。配列ごとに複数のソースキーが許容される
stem_loop	ヘアピン；RNA 又は DNA の 1 本鎖の隣接した(逆向きの)相補的配列の間の塩基対形成によって形成される二重らせん領域
STS	配列タグ部位；ゲノムマッピングの指標を特徴付け、PCR によって検出できる短い単一コピーの DNA 配列；ゲノムの領域は、一連の STS の順序を決定することによってマッピングできる
TATA_signal	TATA ボックス；ゴールドバーグ・ホグネスボックス；正しい開始のための酵素の位置決定に關与し得る各真核生物の RNA ポリメラーゼ II 転写単位の開始点の約 25bp 上流に見られる保存された AT に富む 7 量体；共通配列=TATA(A 又は T)A(A 又は T)
terminator	転写産物の末端に位置して又は RNA ポリメラーゼに転写を終結させるプロモーター領域に隣接して位置する DNA 配列；リプレッサータンパク質の結合部位でもあり得る
transit_peptide	輸送ペプチドのコード配列；核コード化細胞小器官タンパク質の N 末端ドメインのコード配列；このドメインはタンパク質の翻訳後の細胞小器官への取り込みに關与する
tRNA	成熟トランスファー RNA、核酸配列のアミノ酸配列への翻訳を媒介する低分子 RNA 分子(75~85 塩基長)
unsure	登録者がこの領域の正確な配列を同定できなかった部位
V_region	免疫グロブリン軽鎖及び重鎖並びに T 細胞レセプター α 鎖、 β 鎖及び γ 鎖の可変部位；可変アミノ末端部分をコードする；V_segment, D_segment, N_region, J_segment から構成される
V_segment	免疫グロブリン軽鎖及び重鎖並びに T 細胞レセプター α 鎖、 β 鎖及び γ 鎖の可変セグメント；可変領域(V_region)の大部分及びリーダーペプチドの最後の数個のアミノ酸をコードする

variation	関連する系統が同じ遺伝子からの安定した変異(例えば, RFLP, 多型など)を含み, この部位(おそらく他の部位でも)で提示された配列とは異なる
3' clip	プロセシング中に切り離される前駆体転写産物の 3' 末端部位
3' UTR	タンパク質に翻訳されない(終止コドンに続く)成熟転写産物の 3' 末端部位
5' clip	プロセシング中に切り離される前駆体転写産物の 5' 末端部位
5' UTR	タンパク質に翻訳されない(開始コドンの前の)成熟転写産物の 5' 末端部位
-10_signal	プリブナウボックス ; RNA ポリメラーゼの結合に関与し得るバクテリアの転写単位の開始点の約 10bp 上流の保存された部位 ; 共通配列= TAtAaT
-35_signal	バクテリアの転写単位の開始点から約 35bp 上流にある保存された 6 量体 ; 共通配列=TTGACa 又は TGTTGACA

表 6 : アミノ酸配列に関連する特徴記号の一覧

記号	説明
CONFLICT	他の論文が異なる配列を報告している
VARIANT	出願人が配列の変異体の存在を報告している
VARSPPLIC	選択的スプライシングによって得られる配列の変異体の記載
MUTAGEN	実験的に変異された部位
MOD_RES	残基の翻訳後修飾
ACETYLATION	N 末端又は他のアセチル化
AMIDATION	通例、成熟活性ペプチドの C 末端のアミド化
BLOCKED	未確定の N 又は C 末端のブロック基
FORMYLATION	N 末端メチオニンのフォルミル化
GAMMA-CARBOXYGLUTAMIC ACID HYDROXYLATION	アスパラギン, アスパラギン酸, プロリン又はリジンのヒドロキシル化
METHYLATION	一般的にリジン又はアルギニンのメチル化
PHOSPHORYLATION	セリン, トレオニン, チロシン, アスパラギン酸又はヒスチジンのリン酸化
PYRROLIDONE CARBOXYLIC ACID	環状分子内ラクタムを形成した N 末端グルタミン酸
SULFATATION	一般的にチロシンの硫酸化
LIPID	脂質の共有結合
MYRISTATE	アミド結合を介した成熟タンパク質の N 末端グリシン残基又は分子内リジン残基へのミスチン酸の結合
PALMITATE	チオエーテル結合を介してシステイン残基に又はエステル結合を介してセリン残基若しくはトレオニン残基に結合したパルミチン酸
FARNESYL	チオエーテル結合を介してシステイン残基に結合したファルネシル基
GERANYL-GERANYL	チオエーテル結合を介してシステイン残基に結合したゲラニル-ゲラニル基
GPI-ANCHOR	成熟タンパク質の C 末端残基の α カルボキシル基に結合したグリ

	コシル-ホスファチジルイノシトール(GPI)基
N-ACYL DIGLYCERIDE	アミド結合脂肪酸及び2の脂肪酸がエステル結合により結合されたグリセリル基を有する原核生物の成熟リポタンパク質のN末端システイン
DISULFID	ジスルフィド結合；開始「FROM」点と終了「TO」点が、鎖内ジスルフィド結合により結合された2の残基を示す；開始「FROM」点と終了「TO」点が同一である場合は、ジスルフィド結合は鎖間結合であり、説明項目には架橋の性質を示す
THIOLEST	チオールエステル結合；開始「FROM」点と終了「TO」点が、チオールエステル結合によって結合された2の残基を表す
THIOETH	チオエーテル結合；エンドポイント「FROM」及び「TO」が、チオエーテル結合によって結合された2の残基を表す
CARBOHYD	グリコシル化部位；(判明している場合)炭水化物の性質は説明項目に示される
METAL	金属イオンの結合部位；説明項目には金属の性質を示す
BINDING	化学基の結合部位(補酵素, 補欠分子族など)；基の化学的性質は説明項目に示される
SIGNAL	シグナル配列(プレペプチド)の範囲
TRANSIT	(ミトコンドリア, 葉緑体の又は微小体のための)トランジットペプチドの範囲
PROPEP	プロペプチドの範囲
CHAIN	成熟タンパク質中のポリペプチド鎖の範囲
PEPTIDE	放出された活性ペプチドの範囲
DOMAIN	配列における意味のある領域の範囲；領域の性質は説明項目に示される
CA_BIND	カルシウム結合領域の範囲
TRANSMEM	DNA 結合領域の範囲
ZN_FING	ジンクフィンガー領域の範囲
SIMILAR	他のタンパク質配列との類似性の範囲；当該配列に関する正確な情報が説明項目に示される
REPEAT	配列内での反復の範囲
HELIX	二次構造：ヘリックス, 例えば α ヘリックス, 3(10)ヘリックス又は π ヘリックス
STRAND	二次構造： β 鎖, 例えば水素結合 β 鎖又は単離された β 架橋中の残基
TURN	二次構造：ターン, 例えばH結合ターン(3-ターン, 4-ターン又は5-ターン)
ACT_SITE	酵素の活性に関与するアミノ酸
SITE	配列中の他の重要な部位
INIT_MET	配列が開始メチオニンから始まることが判明している
NON_TER	配列の末端の残基が終端残基ではない；位置1に適用した場合, 最初の位置が完全分子のN末端ではないことを意味する；最後の位置に適用した場合, 完全分子のC末端ではないことを意味する；この記号には説明項目がない
NON_CONS	非連続残基；配列において2の残基が連続していないこと及びそれらの間に多数の非配列残基があることを示す
UNSURE	配列の不確実性；出願人が配列を確定できなかった不確実な領域を表現するために使用される

8. 任意記載のデータ項目：

8.1 下記のすべてのデータ項目は、「配列表」において任意記載である。

<170>	配列表を作成するために使用されるソフトウェア
<300>	刊行情報；いくつかの刊行物がある場合は，関連する刊行物毎にセクションを繰り返す
<301>	出願人は，1行当たり1の名称を好ましくは次の形式で記載する：姓，他の名称及び/又はイニシャル
<302>	刊行物のタイトル
<303>	データが刊行されたジャーナル名
<304>	データが刊行されたジャーナルの巻
<305>	データが刊行されたジャーナルの発行番号
<306>	データが刊行されたジャーナルのページ番号
<307>	データが刊行されたジャーナルの日付；日/月/年形式を使用
<308>	データベース名を含む，データベースによって割り当てられたアクセス番号
<309>	データベースへの登録日(日/月/年)
<310>	文献番号，特許タイプの引用のみ
<311>	文献出願日，特許タイプの引用のみ(日/月/年)
<312>	文献公開日；特許タイプの引用のみ(日/月/年)
<313>	配列番号#における関連残基：…から…まで