# 塩基配列又はアミノ酸配列を含む明細書等の 作成のためのガイドライン

令和6年7月

特 許 庁

# 目 次

1. はじめに	
I . 用語の定義	
Ⅱ. 範囲	
Ⅲ. 参考資料	6
IV. 配列の表示	6
Ⅳ-1塩基配列	6
Ⅳ-2. アミノ酸配列	9
Ⅳ-3. 特殊な状況の表示	11
V. XML形式の配列表の構造	11
V-1. ルート要素	12
V-2. 一般情報部	13
V-3. 配列データ部	16
VI. feature table	18
VI-1. feature keys	18
VI-2. 必須のfeature keys	18
VI-3. feature location	18
VI-4. feature qualifiers	21
VI-5. 必須のfeature qualifiers	21
VI-6. qualifierの要素	21
VI-7. フリーテキスト	24
VII. コード配列	25
Ⅷ. 変異体	26
IX. 要約書の作成上の注意	29
X. 配列表の補正の際の注意	
附属書 I 統制語彙	30
第1節: 塩基表	30
第2節: 修飾塩基表	
第3節:アミノ酸表	
第4節: 修飾アミノ酸表	
第5節:塩基配列のfeature keys	
第6節:塩基配列のqualifiers	
第7節:アミノ酸配列のfeature keys	
第8節:アミノ酸配列のqualifiers	
第9節: 遺伝暗号表	
附属書Ⅱ 配列表の文書型定義(DTD)	
附属書Ⅲ 配列表の実例(XMLファイル)	
附属書IV 配列表のXMLインスタンスに用いるUnicode基本ラテンコード	
(補足資料1)	
配列表の提出について	
(補足資料2)	
配列表作成支援ツールについて	

本ガイドラインに関する問合せ先:調整課審査基準室(電話:03-3581-1101 内線 3112)

#### 1. はじめに

塩基配列又はアミノ酸配列を含む出願に関する事前調査及び特許庁での審査においては、出願に係る 発明の配列を把握した上で、多くの先行技術文献(特許公報等)を調査して、それに記載されている様々 な配列との比較を行っている。

明細書中の配列が統一した表記方法で記載されていない場合、先行技術文献に記載されている様々な配列の表記を一定の表記に変換して調査、比較しなければならず、極めて多大な労力を必要とする。

このような状況に鑑み、三極特許庁(日本国特許庁、米国特許商標庁、欧州特許庁)は、1989年10月の第7回三極特許庁首脳会合において、配列表記の三極標準を採用すると共に、各庁の出願人に対してその標準表記の遵守を勧告又は義務化することに合意した。

特許庁は、上記合意に基づき、塩基配列又はアミノ酸配列を含む出願の明細書等を作成する際の配列の表記を統一したものとするため、平成 2 年 11 月に「塩基配列又はアミノ酸配列を含む明細書等作成のためのガイドライン」を作成・公表し、これに従って配列を配列表の形式で記載することを要請するとともに、平成 9 年 4 月より、配列表のコードデータによる提出の義務化を実施している。

一方、平成9年9月のPCT総会では、各国の特許庁で受理可能な配列表を利用可能とするためのPCT規則が採択され、その為のPCT実施細則及びWIPO標準ST.25が改正された。この改正に伴い、これらの標準に準拠すべく平成9年3月公表のガイドラインに必要な修正を加えて平成10年6月公表のガイドラインを作成した。

その後、発明者名の正確な英語表記の要望等、利用者からの問合せが多かった部分を明確化し、利用者の利便性に資することを目的として、平成14年7月に加筆修正を加えた。

また、平成21年7月にPCT実施細則が、同年10月にWIPO標準ST.25が改正されたことに伴い、これらに対応するよう一部修正を行った。

そして、令和 4 年 7 月発効の PCT 規則及び PCT 実施細則の改正により、WIPO 標準 ST. 25 から ST. 26 へ 移行することに対応するため、本ガイドラインを一新した。

また、令和5年7月にWIPO標準ST.26が改正されたことに伴い、これに対応するように一部加筆修正を行った。

#### 「ガイドラインの適用範囲〕

このガイドラインは、令和4年7月1日以降にする特許出願、実用新案登録出願又は特許協力条約に基づく国際出願に適用する。分割出願、変更出願又は実用新案登録に基づく特許出願についても、現実の出願を令和4年7月1日以降にする場合には、このガイドラインを適用する。

なお、上記以外の令和4年7月1日より前にした特許出願、実用新案登録出願又は特許協力条約に基づく国際出願については、令和4年7月1日改訂前のガイドラインが適用される。

- 2. 本ガイドラインの目的は次のとおりである。
  - (a) 特許出願人が、諸外国および国内または広域的な特許出願手続きの基準を満たす単一の配列表を 作成できるようにすること。
  - (b) 特許出願人、一般公衆および審査官に利益をもたらし、普及を容易にするため、配列の表示の精度と品質を向上させること。
  - (c)配列データの検索を容易にすること。
  - (d) 配列データを電子的な形式で交換し、コンピューター化されたデータベース上で配列データを利用できるようにすること。

## I.用語の定義

- 3. 本ガイドラインでは、次の表現を以下のとおり定義する。
  - (a)「アミノ酸」とは、附属書 I (第 3 節、表 3)に記載されている記号のいずれかを用いて表示できる任意のアミノ酸を意味する。「アミノ酸」には、D-アミノ酸および、修飾を受けた、または合成された側鎖を含むアミノ酸が含まれる。また本ガイドラインの第 30 項に従って feature table に修飾を受けたものとして更に説明がない限り、アミノ酸とは非修飾のL-アミノ酸として解釈される。また本ガイドラインではペプチド核酸 (PNA) の残基はアミノ酸であるとみなされず、第 3 項 (g) (i) (2)で定められているとおり塩基であるとみなされる。

- (b)「統制語彙」とは本ガイドラインで使用されている用語であり、配列のfeature (配列の特徴)に関して記載する際に用いられなければならない用語である。すなわち、附属書 I で定められているとおり、対象の領域や部位の注釈に用いられる用語である。
- (c)「残基の数え上げ」とは、特許出願において、配列の各残基を順に数え上げて開示することを意味 し、ここでは以下のようになる。
  - (i)残基が名称、略語、記号または構造で示されている(例. HHHHHHQまたHisHisHisHisHisHisGln)。
  - (ii)複数の残基が簡略な式で表されている(例. His<sub>6</sub>Gln)。
- (d) 「意図的にスキップされた配列」は空の配列としても知られており、出願開示内容との一貫性を保つために、配列表上の配列の番号付けを維持するための記入子を指し、例えば、開示内容と配列表の両方で配列の番号の振り直しを避けるため、開示内容から配列が削除される場合等に使用される。
- (e) 「修飾アミノ酸」とは、L-アラニン、L-アルギニン、L-アスパラギン、L-アスパラギン酸、L-システイン、L-グルタミン、L-グルタミン酸、L-グリシン、L-ヒスチジン、L-イソロイシン、L-ロイシン、L-リシン、L-メチオン、L-フェニルアラニン、L-プロリン、L-ピロリシン、L-セリン、L-セレノシステイン、L-トレオニン、L-トリプトファン、L-チロシンまたは L-バリン以外の第3項(a)で説明されているアミノ酸を意味する。
- (f)「修飾塩基」とは、デオキシアデノシン5'-リン酸塩、デオキシグアノシン5'-リン酸塩、デオキシチジン5'-リン酸塩、デオキシチミジン5'-リン酸塩、アデノシン5'-リン酸塩、グアノシン5'-リン酸塩、シチジン5'-リン酸塩またはウリジン5'-リン酸塩以外の第3(g)項で説明されているヌクレオチドのことである。
- (g) 「塩基」とは、ヌクレオチドまたはヌクレオチド類似体に関する附属書 I (第1節、表1)で定められている記号のいずれかを用いて表示できる、任意のヌクレオチドまたはヌクレオチド類似体のことである。
  - (i) 骨格部分は以下のいずれかから選択する。
    - (1)2'デオキシリボース5'リン酸(デオキシリボヌクレオチドの主鎖の一部)または、リボース5'リン酸(リボヌクレオチドの主鎖の一部)。
    - (2) 核酸類似体の主鎖を形成するときに、2'デオキシリボース5'リン酸またはリボース5'リン酸の主鎖を含む核酸における核酸塩基の配列を模倣する核酸の配列をもたらす、2'デオキシリボース5'リン酸またはリボース5'リン酸の類似体であって、ここで、核酸類似体は相補的な核酸と塩基対をなすことができるものである。 骨格部分の例として、ペプチド核酸のようなアミノ酸、グリコール核酸のようなグリコール分子、スレオース核酸のようなスレオフラノシル糖分子、モルホリノのようなモルホリン環およびホスホロジアミデート基、およびシクロヘキセニル核酸のようなシクロヘキセニル分子などがある。
  - (ii) 骨格部分は以下のいずれかとなる。

修飾を受けたまたは合成されたプリンまたはピリミジン核酸塩基を含む、核酸塩基と結合した もの。

- (1)塩基が「AP 部位」または「脱塩基部位」と呼ばれる塩基配列の一部である場合、プリンまたはピリミジン核酸塩基を欠いているもの。
- (h)「残基」とは、配列内の任意の個々の塩基またはアミノ酸、またはこれらの類似体を意味する。
- (i)「配列番号」とは、配列表の各配列に割り当てられた、その配列固有の番号(整数)を意味する。

- (j)「配列表」とは、出願時に提出される特許出願明細書の一部、または出願後に提出される書類であって、本ガイドラインに規定されている開示された塩基および/またはアミノ酸の配列を、詳細な説明とともに包含するものを意味する。
- (k)「具体的に定義された」とは、記号「n」で表される塩基以外の任意の塩基および記号「X」で表されるアミノ酸以外の任意のアミノ酸であって、附属書Iに記載されているものを意味する(それぞれ、第1項表1および第3項表3を参照のこと)。
- (1)「不明な」塩基またはアミノ酸とは、単一の塩基あるいはアミノ酸であるがその種類が不明であるか、または開示されていないものをいう。
- (m)「変異体配列」とは、一次配列に関して1つまたは複数の差異を含む塩基配列またはアミノ酸配列を意味する。 これらの違いには、代替残基(第15項および第27項を参照)、修飾残基(第3項(g)、第3項(h)、第16項、および第29項を参照)、欠失、挿入、および置換が含まれる場合がある。 第93項から第95項参照のこと。
- (n)「フリーテキスト」は、特定の qualifier 値の形式の一種であり、説明文のフレーズまたはその他の指定された形式(附属書 I に示されている)の形式で表示される。第85項参照のこと。
- (o)「言語依存のフリーテキスト」とは、特定の qualifier のフリーテキスト値を意味する。これには、 国際的、国内的、または広域的な手順の翻訳が必要になる場合がある。 第87項参照のこと。
- 4. 本標準では次の言葉を以下のとおり定義する。
  - (a)「しても良い」は、可能または許容を意味するが、必須ではない。
  - (b)「しなければならない」は本標準の定める要件であり、この要件を満たさない場合は不適合となる。
  - (c)「してはならない」は、本標準の禁止事項を表している。
  - (d)「すべきである」は、強い推奨を意味するが、必須ではない。
  - (e)「すべきではない」は、強い制止を意味するが、禁止ではない。

## Ⅱ. 範囲

- 5. 本ガイドラインは、特許出願において開示されている配列の塩基およびアミノ酸の配列表を提示するための要件を定めるものである。
- 6. 本ガイドラインに準拠する配列表(以降、「配列表」という)は一般情報部と、配列データ部とを含んでいる。配列表は、附属書Ⅱに示されている文書型定義(DTD)を用いた XML 形式の単一ファイルとして提示しなければならない。一般情報部に含まれる書誌情報の目的は、配列表と、その配列表が提出された特許出願とを紐づけることのみにある。配列データ部は、1つまたは複数の配列データ要素で構成され、それぞれが1の配列に関する情報を含む。配列データ要素は、国際塩基配列データベース連携(INSDC)およびUniprot(アミノ酸配列とその機能情報を掲載しているデータベース) 仕様に基づく様々な feature key と qualifiers を含むものである。
- 7. 本ガイドラインでは、配列表への記載を要する配列とは、その残基の数え上げによって出願のどこにでも開示され、次のように表示できる配列である。
  - (a)10 個以上の具体的に定義された塩基を含む非分岐配列または分岐配列の線形領域で、次の方法で 隣接する塩基と結合する。
    - (i)3'位から5'位の間(または5'位から3'位の間)のホスホジエステル結合。
    - (ii) 天然に存在する核酸中の核酸塩基の配置を模倣する隣接する核酸塩基の配置をもたらす化学 結合。
  - (b)4個以上の具体的に定義されたアミノ酸を含む非分枝配列または分岐配列の線形領域であって、その4つ以上の具体的に定義されたアミノ酸が結合して単一のペプチド主鎖を形成する(すなわち、隣接するアミノ酸がペプチド結合により結合する)。

8.配列表には、個別の配列番号が付与された配列として、具体的に定義された10個未満の塩基または、 具体的に定義された4個未満のアミノ酸の配列を記載してはならない。

#### Ⅲ. 参考資料

9. 以下の標準および利用可能な情報に関する資料は、本ガイドラインと関連性がある。

国際塩基配列データベース連携

http://www.insdc.org/

(INSDC)

国際標準化機構(ISO)言語コー

言語名を表示するためのコード - パート1:アルファベット2文字 のコード

ド 639-1: 2002 年公表 Unitprot(蛋白質に関する共通

情報) コンソーシアム

http://www.uniprot.org/

W3C XML 1.0

http://www.w3.org/

WIPO Standard ST.2

グレゴリオ暦を使用してカレンダーの日付を指定する方法

WIPO Standard ST.3

国、その他の団体および政府間組織を2文字で表すための推奨規格

WIPO Standard ST.16

異なる種類の特許文献を識別するための推奨標準コード

WIPO Standard ST. 25

特許出願における塩基およびアミノ酸の配列表の表示に関する標準

特許庁長官が定める配列表の作成方法は、以下のⅣからⅧまでに記載された事項である。 IV. 配列の表示

10. より長い配列の領域と同一の配列を含め、第7項に記載の各配列には、個別の配列番号を割り振 らなければならない。配列番号は「1」から始まり、以降、整数の連番で増加する必要がある。配 列番号は存在するがその番号に該当する配列が存在しない場合、すなわち意図的にスキップされた 配列では、その配列の代わりに「000」を用いなければならない(第58項参照)。配列の総数は、 配列が続くか、「000」が続くかにかかわらず、配列番号の総数と等しくならなければならない。

#### IV-1 塩基配列

- 11. 塩基配列は、左から右への5'位から3'位方向、または5'位から3'位方向を模した左から右 への一本鎖によってのみ表されなければならない。5'位および3'位または他の同様の指定を配列 に記載してはならない。両鎖の残基の数え上げによって開示された二本鎖の塩基配列は次のように 表示しなければならない。
  - (a)2つの別々の鎖が互いに完全に相補的である場合、単一の配列または2つの別々の配列として、 それぞれに個別の配列番号が割り当てられる。
  - (b) 2 つの鎖が互いに完全には相補的でない場合、2 つの別々の配列であり、それぞれに個別の配 列番号が割り当てられる。
- 12. 本ガイドラインでは、配列に示される最初の塩基は残基位置番号1である。塩基配列が環状構造 である場合、出願人は残基位置番号1の塩基を選択しなければならない。配列番号の割り振りは、 5'末端から3'末端の方向、または5'末端から3'末端の方向を模した方向に、配列全体に連番 で割り振る。最後の残基位置番号は、配列内の塩基数と等しくなければならない。
- 13. 配列内のすべての塩基は附属書 I (第1節、表1を参照のこと) で定められている記号を用いて 表示しなければならない。その際は、アルファベットの小文字のみを用いて表示しなければならな い。塩基の表示に用いる記号は、1つの残基のみを示す。
- 14.記号「t」は、DNA ではチミン、RNA ではウラシルと解釈される。 DNA のウラシルや RNA のチミン は、修飾塩基とみなされ、第19項で規定された feature table でさらに説明しなければならない。
- 15.曖昧さ記号(2つ以上の代替塩基を表す)が適切な場合は、附属書I(第1節、表1)に記載さ れているように、最も限定的な記号を使用するべきである。例えば、特定の位置の塩基が「a」ま たは「g」である可能性がある場合は、「n」ではなく「r」を使用すべきである。記号 「n」は、feature

table でさらに説明する場合を除いて、 $\lceil a 
floor$ 、 $\lceil g 
floor$  または $\lceil t/u 
floor$  のいずれかの1 つであると解釈される。記号  $\lceil n 
floor$  は、塩基以外のものを表すために用いてはならない。単一の修飾を受けた、または $\lceil T 
floor$  明な」塩基は、第 16 項、17 項、21 項、または第 93 項から第 96 項に記載されているように、feature table におけるさらなる説明とともに記号  $\lceil n 
floor$  で表すことができる。配列の変異、すなわち代替、欠失、挿入または置換の表現については、第 93 項から第 100 項を参照のこと。

- 16. 修飾塩基は、可能な限り対応する非修飾塩基、すなわち「a」、「c」、「g」または「t」として配列内で表現すべきである。配列内の修飾塩基のうち、附属書 I (第1節、表1参照)の他の記号で表すことができないもの、すなわち天然由来でない塩基等の「その他の」塩基は、記号「n」で表さなければならない。記号「n」は1つの残基のみを示す。
- 17. 修飾塩基に関しては、feature key「modified\_base」およびその必須 qualifier「mod\_base」を使用して、qualifier の値として附属書 I (第2節、表2参照)の略語の1つと組み合わせて、feature table (第60項以降参照) に詳しく説明しなければならない。略語が「OTHER」である場合は、その修飾塩基の完全で、省略されていない名称を、「note」qualifier の値として指定しなければならない。代替の修飾塩基のリストについては、qualifier 値「OTHER」をさらに「note」qualifier と組み合わせて使用しても良い(第97および98項参照)。前述の附属書 I (第2節、表2参照)に記載されている略語(または完全名称)は、配列自体で使用してはならない。
- 18. 同じ骨格部分を共有する連続した修飾塩基の1つまたは複数の領域を含む塩基配列(第3項 (g)(i)(2)参照)は、第17項の規定のとおり、さらに詳しく feature table で説明しなければならない。また第22項で規定されているように、領域内のすべての修飾塩基は、単一の INSDFeature 要素でまとめて記載しても良い。領域内のすべての修飾塩基を包含する最も限定的で省略されていない化学名または領域内のすべての塩基の化学名のリストは、footeological color co
- 19. DNA のウラシルや RNA のチミンは修飾塩基であるとみなされる。配列上では、「t」と表記されなければならない。さらに、feature table では、feature key「modified\_base」、qualifier の値として qualifier 「mod\_base」に「OTHER」を組み合わせて、および、qualifier 値として qualifier 「note」にそれぞれ「uracil」または「thymine」を組み合わせて表記されなければならない。
- 20. 次の例は、上記第16項から第18項による修飾塩基の表示例を示す。

例1:附属書Iの略語を用いた修飾塩基(第2節、表2参照)

```
<INSDFeature>
```

<INSDFeature\_key>modified\_base</INSDFeature\_key>

<INSDFeature location>15</INSDFeature location>

<INSDFeature\_quals>

<INSDQualifier>

<INSDQualifier\_name>mod\_base</INSDQualifier\_name>
<INSDQualifier\_value>i</INSDQualifier\_value>

</INSDQualifier>

</INSDFeature\_quals>

</INSDFeature>

例2:附属書Iの「OTHER」を用いた修飾塩基(第2節、表2参照)

- <INSDFeature>
- <INSDFeature\_key>modified\_base</INSDFeature\_key>
- <INSDFeature\_location>4</INSDFeature\_location>
- <INSDFeature\_quals>

```
<INSDQualifier>
                <INSDQualifier_name>mod_base</INSDQualifier_name>
                <INSDQualifier_value>OTHER</INSDQualifier_value>
        </INSDQualifier>
        <INSDQualifier>
                <INSDQualifier_name>note</INSDQualifier_name>
                <INSDQualifier_value>xanthine</INSDQualifier_value>
        </INSDQualifier>
</INSDFeature_quals>
</INSDFeature>
例3:第3項(g)(i)(2)に包含される修飾塩基からなる塩基配列であって、さらに修飾を受けた2
     つの個別の塩基を有するもの
<INSDFeature>
<INSDFeature_key>modified_base</INSDFeature_key>
<INSDFeature_location>1..954</INSDFeature_location>
<INSDFeature_quals>
        <INSDQualifier>
                <INSDQualifier_name>mod_base</INSDQualifier_name>
                <INSDQualifier_value>OTHER</INSDQualifier_value>
        </INSDQualifier>
        <INSDQualifier>
                <INSDQualifier_name>note</INSDQualifier_name>
                <INSDQualifier_value>2, 3-dihydroxypropy1
            nucleosides</INSDQualifier_value>
        </INSDQualifier>
</INSDFeature_quals>
</INSDFeature>
<INSDFeature>
<INSDFeature_key>modified_base</INSDFeature_key>
<INSDFeature_location>439</INSDFeature_location>
<INSDFeature_quals>
        <INSDQualifier>
                <INSDQualifier_name>mod_base</INSDQualifier_name>
                <INSDQualifier_value>i</INSDQualifier_value>
        </INSDQualifier>
</INSDFeature_quals>
</INSDFeature>
<INSDFeature>
\verb| \langle INSDFeature_key \rangle modified_base \\ </INSDFeature_key \rangle \\
<INSDFeature location>684</INSDFeature location>
<INSDFeature quals>
        <INSDQualifier>
                <INSDQualifier_name>mod_base</INSDQualifier_name>
                <INSDQualifier_value>OTHER</INSDQualifier_value>
        </INSDQualifier>
        <INSDQualifier>
                <INSDQualifier_name>note</INSDQualifier_name>
                <INSDQualifier_value>xanthine</INSDQualifier_value>
        </INSDQualifier>
</INSDFeature_quals>
</INSDFeature>
```

21. 「不明な」塩基はすべて、配列内の記号  $\lceil n \rceil$  で表さなければならない。また「不明な」塩基は feature key  $\lceil unsure \rceil$  を使用して、feature table (第60項以降参照)でさらに詳しく説明すべきである。記号  $\lceil n \rceil$  は、1 つの残基のみを示す。

- 2 2. 同じ記載が適用される既知数の連続した「a」、「c」、「g」、「t」または「n」残基を含む領域は、要素 INSDFeature\_location に存在位置記述子として、「x…y」という構文を持つ単一の要 INSDFeature element を用いてまとめて記載し得る (第 64 項から第 71 項参照)。配列の変異、すなわち、 代替、欠失、挿入または置換の表現については、第 93 項から第 100 項を参照のこと。
- 23. 次の例は、上記第22項に従い、同一の記載が適用される修飾塩基の領域の表現を示している。

#### IV-2.アミノ酸配列

- 24. アミノ酸配列のアミノ酸は、左から右に向かって、アミノ基からカルボキシ基の方向で表されなければならない。アミノ基およびカルボキシ基は配列内に表示してはならない。
- 25. 本ガイドラインでは、配列の最初のアミノ酸は残基番号1であり、成熟蛋白質に先行するアミノ酸、例えば、プレ配列、プロ配列、プレプロ配列、シグナル配列なども含まれる。アミノ酸配列が環状で、その環がペプチド結合で結合されたアミノ酸残基のみからなる場合、すなわち、配列にアミノ末端およびカルボキシ末端が無い場合、出願人は残基位置1のアミノ酸を選択しなければならない。番号の割り振りは、配列全体を通して、アミノ基からカルボキシ基の方向に連続する。
- 26. 配列内のすべてのアミノ酸は、附属書 I (第3節、表3参照) に記載されている記号を用いて表示しなければならない。アルファベットの大文字のみを使用しなければならない。アミノ酸の表示に用いる記号は、1つの残基のみを示す。
- 27. 曖昧さ記号(代替となる 2 以上のアミノ酸を表す)が適切である場合には、附属書 I(第3章表3)に記載されているように、最も限定的な記号を使用すべきである。 例えば、特定の位置のアミノ酸がアスパラギン酸またはアスパラギンである可能性がある場合には、「X」ではなく「B」という記号を使用すべきである。 記号「X」は、feature table の詳細な情報とともに使用される場合を除き、「A」、「R」、「N」、「D」、「C」、「Q」、「E」、「G」、「H」、「I」、「I」、「I」、「I」、「I」、「I」、「I」、「I」、「I」、「I」、「I]
- 28. 例えば、「Ter」、アスタリスク「\*」、ピリオド「.」または空白「」で表される内部終止記号で 区切られた開示されたアミノ酸配列は、少なくとも4つの具体的に定義されたアミノ酸を含み、か つ第7項に包含される各アミノ酸配列について、個別の配列として含めなければならない。このよ うな個別の配列には、それぞれ独自の配列番号を割り当てなければならない。終止記号および空白 は、配列表の配列に含めてはならない(第57項参照)。
- 29. D-アミノ酸を含む修飾アミノ酸は、可能な限り、対応する非修飾アミノ酸として配列に表示すべきである。配列の修飾アミノ酸のうち、附属書 I (第3節、表3参照) の他の記号で表すことがで

きないもの、すなわち、「その他」のアミノ酸は、「X」で表示しなければならない。記号「X」は、 1つの残基のみを示す。

- 30. 修飾アミノ酸は、feature table にさらに記述しなければならない(第60項以降を参照のこと)。 必要に応じて、feature key「CARBOHYD」または「LIPID」は、「note」qualifier と共に使用すべき である。その他の翻訳後の修飾アミノ酸については、「note」qualifier と共に feature key「MOD\_RES」 を使用すべきであり、それ以外の場合は、feature key「SITE」を「note」qualifier とともに使用 する必要がある。「note」qualifier の値は、附属書Iに記載されている略語(第4節、表4参照) または修飾アミノ酸の省略されていない完全な名称のいずれかでなければならない。上記の表4に 記載されている略語や、省略されていない完全な名称は、配列自体に使用してはならない。
- 31. 次の例は、上記第30項による修飾アミノ酸の表示である。

```
例1:翻訳後修飾アミノ酸
```

<INSDFeature>

```
<INSDFeature_key>MOD_RES</INSDFeature_key>
<INSDFeature_location>3</INSDFeature_location>
<INSDFeature_quals>
        <INSDQualifier>
                <INSDQualifier_name>note</INSDQualifier_name>
                <INSDQualifier_value>3Hyp</INSDQualifier_value>
        </INSDQualifier>
</INSDFeature_quals>
</INSDFeature>
例2:翻訳後非修飾アミノ酸
<INSDFeature>
<INSDFeature_key>SITE</INSDFeature_key>
<INSDFeature_location>3</INSDFeature_location>
<INSDFeature_quals>
        <INSDQualifier>
                <INSDQualifier_name>note</INSDQualifier_name>
                <INSDQualifier_value>Orn</INSDQualifier_value>
        </INSDQualifier>
</INSDFeature quals>
</INSDFeature>
例3:D-アミノ酸
<INSDFeature>
<INSDFeature key>SITE</INSDFeature key>
<INSDFeature_location>9</INSDFeature_location>
<INSDFeature_quals>
        <INSDQualifier>
                <INSDQualifier name>note</INSDQualifier name>
                <INSDQualifier_value>D-Arginine</INSDQualifier_value>
        </INSDQualifier>
</INSDFeature_quals>
</INSDFeature>
```

- 32.「不明な」アミノ酸は、配列に記号「X」を用いて表示しなければならない。「X」と指定された「不明な」アミノ酸は、feature key「UNSURE」と、任意で「note」qualifier を用いて、feature table (第60項以降参照) にさらに記述しなければならない 。記号「X」は、1 つの残基のみを示す。
- 33. 次の例は、上記第32項による「不明な」アミノ酸の表示である。

34. 同じ記述が適用される既知数の連続した「X」残基を含む領域は、要素 INSDFeature\_location のロケーション記述子として「x..y」という構文を用いてまとめて記載しても良い(第64項から70項参照)。配列の変異、すなわち、代替、欠失、挿入、または置換の表現については、第93項から100項を参照のこと。

#### Ⅳ-3. 特殊な状況の表示

- 35. 残基の数え上げによって開示された配列で、より長い配列の1つまたは複数の非連続セグメント、または異なる配列のセグメントから単一の連続配列として構成されているものは、配列表に記載しなければならず、個別の配列番号を割り当てなければならない。
- 36. 具体的に定義された残基の領域が、連続した「n」または「X」残基の1つまたは複数の領域によって分離されている配列(それぞれ第15項および第27項参照)で、各領域の「n」または「X」残基の正確な数が開示されているものは、単一の配列として配列表に記載しなければならず、個別の配列番号を割り当てなければならない。
- 37. 具体的に定義された残基の領域が、不明のまたは未公表の数の残基の1つまたは複数のギャップによって分離されている配列は、単一の配列として配列表に記載してはならない。 第7項に記載されている具体的に定義された残基の各領域は、個別の配列として配列表に記載しなければならず、個別の配列番号が割り当てられなければならない。

#### V.XML 形式の配列表の構造

- 38. 上記第6項に従い、本ガイドラインに準拠型の配列表ファイルの XML インタンスは次のとおりである。
  - (a) 一般情報部:配列表の対象となる特許出願に関する情報を含み、
  - (b)配列データ部:1つまたは複数の配列データ要素を包み、各要素には1つの配列に関する情報を含む。

配列表の例は、附属書Ⅲに記載されている。

- 39. 配列表は、附属書Ⅱ「配列表の文書型定義(DTD)」に示す DTD を用いて、XML (ver1.0) で提示しなければならない。
  - (a) XML インスタンスの1行目には、XML 宣言を記載しなければならない。

<?xml version= "1.0" encoding= "UTF-8" ?>.

- (b) XML インスタンスの2行目には、文書型(DOCTYPE)宣言が含まれていなければならない。

- 40. 電子配列表全体を1つのファイルに含めなければならない。ファイルは Unicode UTF-8 を使用してエンコードしなければならないが、次の制限がある。
  - (a) 一般情報部の要素である ApplicantName、InventorName、InventionTitle、および配列データ部の NonEnglishQualifier\_value に含まれる情報は、Unicode Control コードポイント 0000-001F および 007F-009F を除き、XML 1.0 仕様で示される有効な Unicode 文字で構成し得る。予約文字「"」、「&」、「'」、「<」、「>」(それぞれ、Unicode コードポイント 0022、0026、0027、003C、003E) は、第 41 項に記載されているように置き換えなければならない。そして、
  - (b) 一般情報部の他のすべての要素および属性、ならびに配列データ部の他のすべての要素および属性に含まれる情報は、Unicode 基本ラテンコード表の印刷可能な文字(スペース文字を含む)で構成されていなければならない(すなわち、Unicode コードポイント 0020 から 007E までに限定される- 附属書 IV 参照)。 予約文字「"」、「&」、「'」、「〈」、「〉」(それぞれ Unicode コードポイント 0022、0026、0027、003C、003E) は、第 41 項に記載されているように置き換えなければならない。
- 41. 配列表の XML インスタンスでは、数値文字参照¹を使用してはならず、要素の属性または内容の値で使用する場合は、次の予約文字を対応する定義済み実体に置き換えなければならない。

予約文字	定義済み実体
<	%lt;
>	>
&	&
"	"
(	'

許可される文字参照は、この項で規定されている定義済み文字実体のみである。例として、第 71 項を参照のこと。

42. すべての必須要素にデータを入力しなければならない(意図的にスキップされた配列について第58項で規定されている場合を除く)。 内容が利用できない任意要素は、XMLインスタンスに表示すべきではない(配列での「replace」qualifierの値の削除表現について第97項で規定されている場合を除く)。

## V-1.ルート要素

43. 本ガイドラインに準拠型の XML インスタンスのルート要素は、次の属性を持つ要素 ST26SequenceListing である。

属性	記載情報	必須/任意
dtdVersion	「V#_#」の形式でこのファイルを作成す	必須
	るために使用する DTD のバージョン、	
	e. g.,	
fileName	配列表ファイルの名称	任意
softwareName	ファイルの生成に用いたソフトウエア名	任意
softwareVersion	ファイルの生成に用いたソフトウエアの	任意
	バージョン	
productionDate	配列表ファイルの作成日(ひな型は、	任意
	「CCYY-MM-DD」)	
originalFreeTextLanguageCode	言語に依存するフリーテキスト	任意
	qualifier が作成された単一の原語の言	
	語コード(第9項の ISO 639-1:2002 への	
	参照文を参照)	

<sup>1</sup> 数値文字参照は、そのユニバーサル文字セット/ユニコードコードポイントによって文字を参照し、「& # nnnn;」または「& # xhhhh;」の形式を使用する。ここで、「nnnn」は 10 進形式のコードポイントであり、「hhhh」は 16 進形式のコードポイントである。

nonEnglishFreeTextLanguageCode	要素 NonEnglishQualifier_value の言語	配列表に要素
	コード(第9項の ISO 639-1:2002への参	NonEnglishQualifier_
	照文を参照)	value が存在する場合
		は必須

4 4. 次の例は、上記第 43 項の XML インスタンスのルート要素 ST26SequenceListing およびその属性を示している。

<ST26SequenceListing dtdVersion="V1\_3" fileName="US11-405455-SEQL.xm1"
softwareName="WIP0</pre>

Sequence 's of tware Version=''1.0'' production Date=''2022-05-10'' original Free Text Language Code='' de'' non English Free Text Language Code=''fr'' >

**{...}**\*

</ST26SequenceListing>

\*{...}は、この例に含まれていない一般情報部と配列データ部を示している。

## V-2.一般情報部

45. 一般情報部の要素は、次のように特許出願情報に関連している。

要素	記載情報	必須/任意
ApplicationIdentification	特許出願番号(配列表はこの特 許出願番号で提出される)	出願番号の割り当て 後、配列表を提出す る場合は必須
The ApplicationIdentification (以下で構成される)		
IPOfficeCode	特許出願した知財庁のST.3コード	必須
ApplicationNumberText	特許出願した知財庁が割り当て た特許出願番号(例. PCT/IB2013/099999)	必須
FilingDate	配列表が提出された特許出願の 出願日(ST.2のひな型 "CCYY-MM-DD"、すなわち暦年 (4桁)、暦月(2桁)および暦月の 暦日(2桁)、例、2015-01-31)	出願日の確定後に、 配列表を提出する場 合は必須
ApplicantFileReference	第40項(b)に記載のある文字で 入力された、出願人が特定の出 願を識別するために割り当てる 個別の識別番号	出願番号の割り当て 前の時点で配列表を 提出する場合は必 須、それ以外は任意
EarliestPriorityApplicationIdentification	最先の優先権出願の識別情報 (IPOfficeCode、 ApplicationNumberText および FilingDate も含む。上記 ApplicationIdentification 参 照)	優先権が主張されて いる場合は必須
ApplicantName	第 40 項 (a) に記載のある文字で 入力された最初に挙げられた出 願人の名前。この要素には、第 47 項に規定する必須属性 languageCode が含まれる。	必須
ApplicantNameLatin	ApplicantName が第40項(b)に 記載のある文字以外で入力され ている場合、最初に挙げられた 出願人名の翻訳または音訳は第	出願人名にラテン文 字以外の文字が含ま れている場合は必須

	40 項(b) に定める文字でも入力	
	しなければならない。	
InventorName	第 40 項(a) に記載のある文字で	任意
	入力された最初に挙げられた発	
	明者名。この要素には、第47項	
	に記載のある必須属性	
	1anguageCode が含まれる。	
InventorNameLatin	InventorName が第 40 項(b)に記	任意
	載のある文字以外で入力されて	
	いる場合、最初に挙げられた発	
	明者の翻訳または音訳は第40項	
	(b)に定める文字で入力しても	
	良い。	
InventionTitle	出願言語で、第40項(a)に記載	出願言語での記入は
	のある文字で入力された発明の	必須、追加言語での
	名称。追加言語への発明の名称	記入は任意
	の翻訳は、要素 Invention Title	
	を使用して、第 40 項(a) に記載	
	のある文字で入力しても良い。	
	この要素には、第48項に記載の	
	ある必須属性languageCodeを含	
	む。発明の名称は2単語から7	
	単語とされるべきである。	
SequenceTotalQuantity	意図的にスキップされた配列	必須
	(空の配列とも呼ばれる)を含	
	む、配列表の全配列の総数(第	
	10 項参照)。	

46. 次の例は、上記の第45項に準拠する配列表の一般情報部の表示を示す。

例1:出願識別情報および出願日が付与される前に提出された配列表

```
<?xml version="1.0" encoding="UTF-8"?>
<!DOCTYPE ST26SequenceListing PUBLIC "-//WIPO//DTD Sequence Listing 1.3//EN"</pre>
"ST26SequenceListing_V1_3.dtd">
<ST26SequenceListing dtdVersion="V1_3" fileName="Invention_SEQL.xml" softwareName="WIPO</pre>
Sequence" softwareVersion="1.0" productionDate="2022-05-10"
originalFreeTextLanguageCode= "en" nonEnglishFreeTextLanguageCode= "ja" >
        <ApplicantFileReference>AB123</applicantFileReference>
        <EarliestPriorityApplicationIdentification>
            <IPOfficeCode>IB</IPOfficeCode>
            <ApplicationNumberText>PCT/IB2013/099999/ApplicationNumberText>
        <FilingDate>2014-07-10</FilingDate>
        </EarliestPriorityApplicationIdentification>
        <ApplicantName languageCode="en">GENOS Co., Inc./ApplicantName>
        <InventorName languageCode="en">Keiko Nakamura</InventorName>
        <InventionTitle languageCode="en">SIGNAL RECOGNITION PARTICLE RNA AND
PROTEINS</InventionTitle>
        <SequenceTotalQuantity>9</SequenceTotalQuantity>
        ⟨SequenceData sequenceIDNumber="1"⟩ {...}* ⟨/SequenceData⟩
        ⟨SequenceData sequenceIDNumber="2"⟩ {...} ⟨/SequenceData⟩
        ⟨SequenceData sequenceIDNumber="3"⟩ {...} ⟨/SequenceData⟩

⟨SequenceData sequenceIDNumber="4"⟩ {...} ⟨/SequenceData⟩

        ⟨SequenceData sequenceIDNumber="5"⟩ {...} ⟨/SequenceData⟩
        ⟨SequenceData sequenceIDNumber="6"⟩ {...} ⟨/SequenceData⟩
        ⟨SequenceData sequenceIDNumber="7"⟩ {...} ⟨/SequenceData⟩
```

<SequenceData sequenceIDNumber="8"> {...} </SequenceData>

```
⟨SequenceData sequenceIDNumber="9"⟩ {...} ⟨/SequenceData⟩
</ST26SequenceListing>
*{...} は、この例に含まれていない各配列の関連情報を表している。
例2:出願識別番号および出願日が付与された後に提出された配列表
<?xml version="1.0" encoding="UTF-8"?>
<!DOCTYPE ST26SequenceListing PUBLIC "-//WIPO//DTD Sequence Listing 1.3//EN"</pre>
"ST26SequenceListing_V1_3.dtd">
<ST26SequenceListing dtdVersion="1_3" fileName="Invention_SEQL.xml" softwareName="WIPO</pre>
Sequence" softwareVersion="1.0" productionDate="2022-05-10"
originalFreeTextLanguageCode= "en" nonEnglishFreeTextLanguageCode= "ja" >
        <ApplicationIdentification>
            <IPOfficeCode>US</IPOfficeCode>
            <ApplicationNumberText>14/999, 999/ApplicationNumberText>
            <FilingDate> 2015-01-05/FilingDate>
        </ApplicationIdentification>
        <ApplicantFileReference>AB123</applicantFileReference>
        <EarliestPriorityApplicationIdentification>
            <IPOfficeCode>IB</IPOfficeCode>
            <ApplicationNumberText>PCT/IB2014/099999/ApplicationNumberText>
            <FilingDate>2014-07-10</FilingDate>
        </EarliestPriorityApplicationIdentification>
        <ApplicantName languageCode="en">GENOS Co., Inc./ApplicantName>
        <InventorName languageCode="en">Keiko Nakamura</InventorName>
        <InventionTitle languageCode="en">SIGNAL RECOGNITION PARTICLE RNA AND
PROTEINS</InventionTitle>
        <SequenceTotalQuantity>9</SequenceTotalQuantity>
        ⟨SequenceData sequenceIDNumber="1"⟩ {...}* ⟨/SequenceData⟩
        <SequenceData sequenceIDNumber="2"> {...} </sequenceData>
        \verb| \langle SequenceData sequenceIDNumber="3"> \{...\} < / SequenceData> \\
        ⟨SequenceData sequenceIDNumber="4"⟩ {...} ⟨/SequenceData⟩
        <SequenceData sequenceIDNumber="5"> {...} </sequenceData>
        ⟨SequenceData sequenceIDNumber="6"⟩ {...} ⟨/SequenceData⟩
        ⟨SequenceData sequenceIDNumber="7"⟩ {...} ⟨/SequenceData⟩

<SequenceData sequenceIDNumber="8"> {...} </SequenceData>
        ⟨SequenceData sequenceIDNumber="9"⟩ {...} ⟨/SequenceData⟩
</ST26SequenceListing>
```

- \*{...} は、この例に含まれていない各配列の関連情報を表している。
- 47. 出願人名および、任意に発明者名は、通常、出願言語で参照されるため、要素 ApplicantName および InventorName でそれぞれ示さなければならない。適切な言語コード(第9項の「国際標準化機構(ISO)言語コード 639-1:2002 年公表」の参照を参照)は、各要素の属性 languageCode で示さなければならない。示された出願人名に、第40項(b)に記載のあるラテン文字以外の文字を含む場合、出願人名の音訳または翻訳は要素 ApplicantNameLatin で、ラテン文字でも示さなければならない。示された発明者名がラテン文字以外の文字を含む場合、発明者名の音訳または翻訳は、要素 InventorNameLatin で、ラテン文字で示しても良い。
- 48. 発明の名称は、要素 InventionTitle において出願言語で示さなければならず、複数の要素 InventionTitle を使用して追加言語で示しても良い (第45項の表を参照)。適切な言語コード (第9項の「国際標準化機構(ISO)言語コード 639-1:2002年公表」の参照を参照)は、要素の属性 languageCode で示さなければならない。
- 49. 次の例は、上記の第47項および第48項による発明者名および発明の名称の表示を示す。

例:出願人名および発明者名をそれぞれ日本語とラテン文字で表記し、発明の名称を日本語、英語およびフランス語で表記する。

〈ApplicantName languageCode="ja"〉出願製薬株式会社〈/ApplicantName〉

<ApplicantNameLatin>Shutsugan Pharmaceuticals Kabushiki Kaisha/ApplicantNameLatin>

<InventorName languageCode="ja">特許 太郎</InventorName>

<InventorNameLatin>Taro Tokkyo</InventorNameLatin>

<InventionTitle languageCode="ja">efg 蛋白質をコードするマウス abcd-1 遺伝子</InventionTitle>

<InventionTitle languageCode="en">Mus musculus abcd-1 gene for efg protein</InventionTitle>

<InventionTitle languageCode="fr">Gène abcd-1 de Mus musculus pour protéine efg</InventionTitle>

#### V-3. 配列データ部

- 50. 配列データ部は、1つまたは複数の要素 SequenceData で構成されていなければならず、各要素には1つの配列に関する情報が含まれていなければならない。
- 51. 各要素 SequenceData には必須要素 sequenceIDNumber を有し、各配列の配列番号(第10項参照)が含まれていなければならない。例えば、以下のようになる。

 $\langle$ SequenceData sequenceIDNumber= "1"  $\rangle$ 

5 2. 要素 SequenceData は、次のような従属要素で構成される従属要素 INSDSeq を含まなければならない。

要素	記載		必須/任意
		配列	意図的にスキップされた配列
INSDSeq_length	配列の長さ	必須	必須 値は不要
INSDSeq_moltype	分子の種類	必須	必須 値は不要
INSDSeq_division	特許出願と関連する 配列であるという表 示	「PAT」という値を用 いて必須	必須値は不要
INSDSeq_feature-table	配列の注釈を示すリスト	必須	含めては <u>ならない</u>
INSDSeq_sequence	配列	必須	必須 値に「000」を記述する。

53. 要素 INSDSeq\_length は、要素 INSDSeq\_sequence に含まれる配列の塩基またはアミノ酸の数を開示しなければならない。例えば、次のようになる。

<INSDSeq\_length>8</INSDSeq\_length>

5 4. 要素 INSDSeq\_moltype では、表現されている分子タイプを開示しなければならない。塩基配列(ヌクレオチド類似体の配列を含む)の場合、分子タイプは DNA または RNA として示さなければならない。アミノ酸配列の場合、分子タイプは AA と表示しなければならない。(この要素は、第55項および第84項で説明している qualifier 「mol\_type」とは異なる)。 例えば、次のようになる。

<INSDSeq\_moltype>AA</INSDSeq\_moltype>

- 5 5. 1つまたは複数の塩基の DNA および RNA 両方のセグメントを含む塩基配列の場合、分子タイプは DNA と表示しなければならない。複合 DNA/RNA 分子は、feature key「source」、値が「synthetic construct」である必須 qualifier「organism」、値が「otherDNA」である必須 qualifier「mol\_type」を用いて、feature table にさらに記述しなければならない。複合 DNA/RNA 分子の DNA および RNA セグメントは、feature key「misc\_feature」およびその qualifier 「note」を用いてさらに記述しなければならない。
- 5 6. 次の例では、上記の第 55 項に準じて、DNA セグメントおよび RNA セグメント両方を含む塩基配列 の表示を示す。

```
<INSDSeq_length>120</INSDSeq_length>
        <INSDSeq_moltype>DNA</INSDSeq_moltype>
        <INSDSeq_division>PAT</INSDSeq_division>
        <INSDSeq_feature-table>
                <INSDFeature>
                         <INSDFeature_key>source</INSDFeature_key>
                         <INSDFeature_location>1..120</INSDFeature_location>
                         <INSDFeature_quals>
                                  <INSDQualifier>
                                          <INSDQualifier_name>organism</INSDQualifier_name>
                                          <INSDQualifier_value>synthetic
                                 construct</INSDQualifier value>
                                  </INSDQualifier>
                                  <INSDQualifier>
                                          <INSDQualifier_name>mol_type</INSDQualifier_name>
                                          <INSDQualifier_value>other
                                 DNA</INSDQualifier_value>
                                  </INSDQualifier>
                         </INSDFeature_quals>
                </INSDFeature>
                <INSDFeature>
                         <INSDFeature_key>misc_feature</INSDFeature_key>
                         <INSDFeature_location>1..60</INSDFeature_location>
                         <INSDFeature_quals>
                                  <INSDQualifier>
                                          <INSDQualifier_name>note</INSDQualifier_name>
                                          <INSDQualifier_value>DNA</INSDQualifier_value>
                                  </INSDQualifier>
                         </INSDFeature_quals>
                 </INSDFeature>
                 <INSDFeature>
                         <INSDFeature_key>misc_feature</INSDFeature_key>
                         <INSDFeature_location>61..120</INSDFeature_location>
                         <INSDFeature quals>
                                  <INSDQualifier>
                                          <INSDQualifier_name>note</INSDQualifier_name>
                                          <INSDQualifier_value>RNA</INSDQualifier_value>
                                  </INSDQualifier>
                         </INSDFeature_quals>
                </INSDFeature>
        </INSDSeq feature-table>
<INSDSeq_sequence>cgacccacgcgtccgaggaaccaaccatcacgtttgaggacttcgtgaaggaattggataatacccgtccctac
caaaatggcgagcgccgactcattgctcctcgtaccgtcgagcggc</INSDSeq_sequence>
</INSDSeq>
```

<INSDSea>

- 57. 要素 INSDSeq\_sequence は、配列を開示しなければならない。附属書 I に記載されている適切な記号(第1節、表1および第3節、表3)のみを配列に含めなければならない。数字、句読点または空白文字を配列に含めてはならない。
- 58. 意図的にスキップされた配列は、配列表に記載しなければならず、次のように表示しなければならない。
  - (a)要素 SequenceData とその属性 sequenceIDNumber で、スキップされた配列の配列番号が値として 提供される。

- (b)要素 INSDSeq\_length, INSDSeq\_moltype, INSDSeq\_division は存在するが値は提供されない。
- (c)要素 INSDSeg feature-table を記載してはならない。また、
- (d) 文字列 「000」を値とする要素 INSDSeq\_sequence
- 59.次の例は、上記の第58項に従い、意図的にスキップされた配列の表示を示す。

#### VI. feature table

- 6 O. feature table には、特定の配列内の様々な領域の位置と役割に関する情報が含まれている。 feature table は、意図的にスキップされた配列以外のすべての配列に必要である。feature table は1つまたは複数の要素 INSDFeature からなる要素 INSDSeq\_feature-table に含まれる。
- 61. 各要素 INSDFeature は、1つの feature を記述し、以下のような従属要素で構成されている。

要素	記載	必須/任意
INSDFeature_key	feature を示す 文字または略語	必須
INSDFeature_location	feature に対応する 配列内の領域	必須
INSDFeature_quals	feature に関する 補助情報を含む qualifier	feature key が1つまたは 複数の qualifier を 必要とする場合(例. source)は必須 それ以外は任意

## VI-1.feature keys

62. 附属書 I には、本ガイドラインに使用されなければならない feature key の一覧と、関連する qualifier の一覧、及びこれらの qualifier が必須であるか任意であるかの指示が記載されている。 附属書 I の第5節には塩基配列に用いる feature key が、第7節にはアミノ酸配列に用いる feature key がそれぞれ掲載されている。

#### VI-2. 必須の feature keys

6 3. 意図的にスキップされた配列を除き、feature key「source」はすべての塩基配列およびすべてのアミノ酸配列に必須である。各配列には、その配列全体をその範囲とする単一の feature key「source」が必要である。1 つの配列が複数の起源に由来する場合、それらの起源は、塩基配列では feature key「misc\_feature」とその qualifier「note」を、アミノ酸配列では feature key「REGION」とその qualifier 「note」を用いて、feature table にさらに記述することができる。

## VI-3. feature location

6 4. 必須要素 INSDFeature\_location は、要素 INSDSeq\_sequence 内の feature に対応する部位または 領域を定義する、少なくとも1つの存在位置記述子を含まなければならない。アミノ酸配列は、必 須要素 INSDFeature\_location に1つのみ存在位置記述子を含まなければならない。 塩基配列は、 1つまたは複数の存在位置演算子と組み合わせて使用される場合、必須要素 INSDFeature\_location に1つまたは複数の存在位置記述子を持つことができる (第 67 項から 70 項参照)。

- 6 5. 存在位置記述子は、単一の残基番号、残基番号の連続した範囲を区切る領域、または特定の残基または残基の範囲を超えて広がる部位または領域とすることができる。 存在位置記述子は、要素 INSDSeq\_sequence の範囲を超える残基の数を含んではならない。塩基配列のみ、存在位置記述子は2つの隣接する残基番号間の部位とすることができる。ある配列の特徴が塩基配列の不連続な部位や領域に対応する場合には、複数の存在位置記述子を存在位置演算子と組み合わせて使用しなければならない(第 67 項から 70 項参照)。
- 6 6. 各タイプの存在位置記述子の構文を以下の表に示す。x と y は正の整数で示される残基番号で、要素 INSDSeq\_sequence の配列の長さ以下であり、x は y 未満である。

## (a) 塩基およびアミノ酸配列の存在位置記述子

存在位置記述子のタイプ	構文	記載
単一の残基番号	X	配列上の単一の残基を指す。
配列の範囲を区切る残基番	ху	先頭の残基と末端の残基で囲まれた、残基の連続した範
号		囲を指す。
特定の区間の先頭の残基番	< <sub>X</sub>	指定された残基または残基の範囲を含み、指定された残
号の前に存在する残基と、特	> <sub>X</sub>	基を超えて広がる領域を指す。記号「<」および「>」は
定の区間の末端の残基番号	<xy< td=""><td>単一の残基、または残基の範囲の先頭および末端の残基</td></xy<>	単一の残基、または残基の範囲の先頭および末端の残基
の後に存在する残基	x>y	番号とともに使用しても良く、feature が指定された残
	<x>y</x>	基番号を超えて広がることを示すことができる。

#### (b) 塩基配列のみの存在位置記述子

存在位置記述子のタイプ	構文	記載
2つの隣接する塩基間にあ	x̂y	2つの隣接する塩基間の部位(エンドヌクレアーゼによ
る部位		る切断部位など)を指す。 隣接する塩基の位置番号は
		カラット(^)で区切られている。 この記述子に許される
		形式は、x^x+1 (例えば 55^56)、または環状塩基の場合
		は x^1 で、ここで「x」は分子の全長で、例えば長さ 1000
		の環状分子の場合は 1000^1 となる。

## (c) アミノ酸配列のみの存在位置記述子

存在位置記述子のタイプ	構文	記載
鎖内架橋により結合した残 基番号	х у	「CROSSLNK」や 「DISULFID」のような鎖内架橋を示す 機能と共に使用される場合、鎖内架橋によって結合され たアミノ酸を指す。

6 7. 塩基配列の要素 INSDFeature\_location には、1 つまたは複数の存在位置演算子が含まれることがある。 存在位置演算子は、単一だが不連続な feature に対応する 1 つの存在位置記述子または存在位置記述子の組み合わせの接頭辞であり、示された配列上の feature に対応する位置情報、またはその feature の構築方法を指定する。 次に、存在位置演算子の一覧とその定義を示す。存在位置演算子は塩基に対してのみ使用できる。

location の構文	location の記載
join(location, location, location)	示されている位置情報は、1つの連続した配列になる ように結合している(端-端接合)。
order (location, location, location)	要素は特定の順序で表示されているが、これらの要素が結合することが適切であるかどうかに関しては示唆されていない。
complement (location)	5' 位から3' 位の方向、または5' 位から3' 位の方向を模した方向に読んだ場合、存在位置記述子で指定された配列範囲に相補的な鎖上に feature が位置することを示している。

- 68. join および order 存在位置演算子では、少なくとも2つのコンマ区切りの存在位置記述子を指定する必要がある。2つの隣接する残基間の部位を含む存在位置記述子(x^y)は、join または order location 内で使用してはならない。 join 存在位置演算子の使用は、存在位置記述子によって記述された残基が生物学的プロセスによって物理的に接触していることを意味する(例えば、コーディング領域の feature に寄与するエクソンなど)。
- 69. 存在位置演算子 「complement」は、同じロケーションで 「join」または 「order」と組み合わせて使用できる。 同じロケーションで「join」と「order」を組み合わせて使用してはならない。
- 70. 次の例は、上記の第64項から69項に従って、feature locationの表示を示す。

# (a) 塩基配列およびアミノ酸配列の location

location の例	記載
467	配列内の残基 467 を示している。
340565	残基 340 と残基 565 に囲まれた、残基の連続した
	範囲を示している。
<1	先頭の残基の前の feature location を示してい
	る。
<345500	feature の正確な下側の境界点が不明であること
	を示している。その location は 345 の残基の前に
	位置するいずれかの残基から始まって、残基 500
	の位置まで(残基 500 を含む)継続していること
	を示している。
<1888	先頭に配列された残基の前から始まり、残基 888
	まで(残基 888 を含む)継続する feature を示し
	ている。
1>888	先頭に配列された残基から始まり、残基 888 を超
	えて継続する feature を示している。
<1>888	先頭に配列された残基の前から始まり、残基 888
	を超えて継続する feature を示している。

## (b) 塩基配列のみに関する location

(D) 塩本配グリックドに因する IOCation	
location の例	記載
123^124	残基 123 と残基 124 間の部位を示している。
join(1278, 134202)	領域 12~78 と 134~202 を結合して、1 つの連続
	した配列を形成することを示している。
complement (34126)	塩基 126 を補完する塩基を先頭に、塩基 34 を補
	完する塩基を末端とすることを示している
	(feature は、残基番号が付いた本鎖の相補鎖上
	に存在する)。
complement(join(26914571, 49185163))	塩基 2691 から塩基 4571 までと、塩基 4918 から
	塩基 5163 までが結合しており、feature はその結
	合したセグメントを補完していることを示して
	いる(feature は本鎖の相補鎖上に存在する)。
join(complement(49185163),	塩基 4918 から塩基 5163 までの領域と、塩基 2691
complement (26914571))	から塩基 4571 までの領域を補完しており、補完
	するセグメント同士が結合していることを示し
	ている(feature は本鎖を相補鎖上に存在する)。

# (c) アミノ酸配列のみに関する location

location の例	記載
340565	「CROSSLNK」や「DISULFID」のような鎖内架橋を示す feature と共に使用すると、340 位と 565 位のアミノ酸が鎖内架橋で結合していることを示している

71. 配列表の XML インスタンスでは、存在位置記述子の文字「〈」および「〉」は、適切な予め定義された文字実体に置き換えなければならない(第41項参照)。例えば、次のようになる。

Feature location "<1":

 $\verb| \langle INSDFeature_location \rangle \& lt; 1 < / INSDFeature_location \rangle|$ 

Feature location "1..>888":

<INSDFeature\_location>1..&gt;888</INSDFeature\_location>

## VI-4. feature qualifiers

- 7 2. qualifier は、feature key および feature location で伝えられる情報に加えて、feature に関する情報を提供するために使用される。qualifier によって伝えられる様々な種類の情報に対応するために、次の3種類の値の形式がある。
  - (a) フリーテキスト (第85項から87項参照)
  - (b)統制語彙または計数値(例えば、数字や日付)および、
  - (c)配列
- 73. 附属書 I の第6節では、各塩基配列の feature key に用いる qualifier とその指定された値の形式のリストが、第8節では、各アミノ酸配列の feature key に用いる qualifier と(もしあれば)その指定された値の形式のリストが示されている。
- 74. 第7項に含まれる配列のうち、qualifierの値として提供されるものは、配列表に別途記載され、 独自の配列番号が割り振られなければならない(第10節参照)。

## VI-5.必須の feature qualifiers

7 5. 必須の feature key、すなわち、塩基配列およびアミノ酸配列の「source」には、「organism」および「mol\_type」という 2 つの必須 qualifier が必要である。一部の任意の feature key にも、必須 qualifier が必要である。

## VI-6. qualifier の要素

7 6. 要素 INSDFeature\_quals は、1 つまたは複数の要素 INSDQualifier を含む。各要素 INSDQualifier は1つの qualifier を示しており、次の3つの従属要素と1つの任意属性で構成されている。

要素/属性	記載されている情報	必須/任意
INSDQualifier_name	qualifier の名称(附属書 I 、第6節および	必須
	第8節参照)。	
INSDQualifier_value	qualifier の値がある場合は,指定された形	指定されている場合は
	式(附属書I、第6節および第8節参照)で、	必須(第87項、附属書
	および、 第 40 項(b)に記載された文字で構	I、第6節および第8節
	成される。	参照
NonEnglishQualifier_value	qualifier の値がある場合には、指定された	指定されている場合は
	形式 (附属書Ⅰの第 6 節および第 8 節参照)	必須(第87項、附属書
	で、および、第 40 項(a) に記載された文字で	I、第6節および第8節
	構成される。	参照)
id	言語に依存するフリーテキスト値を有する	任意
	qualifier は、要素 INSDQualifier の任意の	
	XML 属性「id」を用いることで一意に識別で	
	きる (第87項(d)参照)。属性「id」の値は	
	文字「q」から始め、任意の正の整数で続け	
	なければならない。属性「id」の値は、1つ	
	の要素 INSDQualifier に対して一意でなけれ	
	ばならない。すなわち、属性値は配列表ファ	

		イルの中で一度だけ使用されなければならない。	
--	--	------------------------	--

- 77. 生物に関する qualifier、すなわち塩基配列の場合は「organism」(附属書 I、第6節参照)、アミノ酸配列の場合は「organism」(附属書 I、第8節参照)は、その配列のソース、すなわち単一の生物または由来を開示しなければならない。生物名は、生物分類データベースから選択されるべきである。
- 78. 配列が自然発生的であり、由来する生物がラテン語の属名と種名を有する場合は、その名称を qualifier の値として使用しなければならない。推奨する英語の俗名は、塩基配列およびアミノ酸 配列ともに qualifier 「note」 を用いて明示しても良いが、organism qualifier の値として使用 してはならない。
- 79. 次の例では、上記の第77項および第78項に従った配列の由来生物を示す。

```
例1:塩基配列の由来
```

```
<INSDSeq_feature-table>
        <INSDFeature>
                <INSDFeature_key>source</INSDFeature_key>
                <INSDFeature_location>1..5164</INSDFeature_location>
                <INSDFeature_quals>
                         <INSDQualifier>
                                 <INSDQualifier_name>organism</INSDQualifier_name>
                                 <INSDQualifier_value>Solanum
                         lycopersicum</INSDQualifier_value>
                         </INSDQualifier>
                         <INSDQualifier>
                                 <INSDQualifier_name>note</INSDQualifier_name>
                                  <INSDQualifier_value>common name:
                         tomato</INSDQualifier value>
                         </INSDQualifier>
                         <INSDQualifier>
                                 <INSDQualifier name>mol type</INSDQualifier name>
                                 <INSDQualifier_value>genomic DNA</INSDQualifier_value>
                         </INSDQualifier>
                </INSDFeature_quals>
        </INSDFeature>
</INSDSeq_feature-table>
例2. アミノ酸配列の由来
<INSDSeq feature-table>
        <INSDFeature>
                <INSDFeature_key>source</INSDFeature_key>
                <INSDFeature_location>1..174</INSDFeature_location>
                <INSDFeature_quals>
                         <INSDQualifier>
                                 <INSDQualifier_name>organism</INSDQualifier_name>
                                 <INSDQualifier_value>Homo sapiens</INSDQualifier_value>
                         </INSDQualifier>
                         <INSDQualifier>
                                  <INSDQualifier name>mol type</INSDQualifier name>
                                 <INSDQualifier_value>protein</INSDQualifier_value>
                         </INSDQualifier>
                </INSDFeature_quals>
        </INSDFeature>
</INSDSeq_feature-table>
```

- 80. 配列が自然発生的で、その由来となる生物が既知のラテン語属であるが、種が特定されていない、 または未確認である場合、その生物の qualifier 値はラテン語属の後に「sp.」を付さなければな らない。例えば、以下のようになる。
  - <INSDQualifier\_name>organism</INSDQualifier\_name>
  - <INSDQualifier\_value>Bacillus sp.</INSDQualifier\_value>
- 81. 配列は自然発生的であるが、生物のラテン語の属名や種名が不明の場合、生物の qualifier 値は「unidentified」と表示しなければならない。既知の分類学上の情報は、塩基配列およびアミノ酸配列ともに qualifier 「note」で示すべきである。例えば、次のようになる。
  - <INSDQualifier\_name>organism</INSDQualifier\_name>
  - <INSDQualifier\_value>unidentified</INSDQualifier\_value>
  - <INSDQualifier\_name>note</INSDQualifier\_name>
  - <INSDQualifier\_value>bacterium B8</INSDQualifier\_value>
- 82. 配列は自然発生的であり、ウイルスのように元となる生物がラテン語の属名と種名を有しない場合は別の許容できる学名(例として、「犬伝染性肝炎2型」)を生物の qualifier の値として使用しなければならない。例えば、次のようになる。
  - <INSDQualifier\_name>organism</INSDQualifier\_name>

</INSDSeq\_feature-table>

- <INSDQualifier\_value>Canine adenovirus type 2</INSDQualifier\_value>
- 83. 配列が自然発生的で無い場合、生物の qualifier 値を「synthetic construct」と表示しなければならない。配列の生成方法に関するさらなる情報は、塩基配列およびアミノ酸配列ともに qualifier 「note」を用いて示しても良い。例えば、次のようになる。

```
<INSDSeq_feature-table>
<INSDFeature>
        <INSDFeature_key>source</INSDFeature_key>
        <INSDFeature_location>1..40</INSDFeature_location>
                 <INSDFeature_quals>
                 <INSDQualifier>
                         <INSDQualifier_name>organism</INSDQualifier_name>
                         <INSDQualifier_value>synthetic construct</INSDQualifier_value>
                 </INSDQualifier>
                 <INSDQualifier>
                         <INSDQualifier_name>mol_type</INSDQualifier_name>
                         <INSDQualifier_value>protein</INSDQualifier_value>
                 </INSDQualifier>
                 <INSDQualifier>
                         <INSDQualifier name>note</INSDQualifier name>
                         <INSDQualifier_value>synthetic peptide used as assay for
                     antibodies</INSDQualifier_value>
                 </INSDQualifier>
        </INSDFeature_quals>
</INSDFeature>
```

- 8 4.塩基配列のqualifier「mol\_type」(附属書 I、第6節参照)と、アミノ酸配列のqualifier「mol\_type」 (附属書 I、第8節参照) は、配列で示される分子のタイプを開示しなければならない。これらの qualifier は、第54項で説明した要素 INSDSeq\_moltype とは異なる。
  - (a) 塩基配列の場合、qualifier「mol\_type」の値は、以下のいずれかでなければならない。「genomic DNA」,「genomic RNA」,「mRNA」,「tRNA」,「rRNA」,「other RNA」,「other DNA」,「transcribed RNA」,「viral cRNA」,「unassigned DNA」, または「unassigned RNA」。配列が自然発生的

で無い場合は、すなわちqualifier「organism」の値が「synthetic construct」である場合、qualifier「mol\_type」の値は「other RNA」または「other DNA」のいずれかでなければならない。

(b) アミノ酸配列の場合、qualifier「mol\_type」の値は「protein」である。

#### VI-7. フリーテキスト

- 85. 第3項(n)に記載のとおり、フリーテキストは特定の qualifier (附属書 I の記載のとおり) 値の フォーマットの一種であり、説明的なテキストフレーズの形式で提示され、望ましくは英語または その他の指定されたフォーマット (附属書 I 記載のとおり) で提示される。
- 86. フリーテキストの使用は、配列の特性を理解するために不可欠ないくつかの短い用語に限定されていなければならない。qualifier「translation」を除く各 qualifier について、フリーテキストの文字数は 1,000 文字を超えてはならない。
- 87. 第3項(o)に記載のとおり、言語に依存したフリーテキストは、国際的、国内的、または広域的な手順の翻訳が必要になる可能性があるという点で、言語に依存する特定の qualifier のフリーテキストの値である。言語に依存するフリーテキスト値のフォーマットを持つ塩基配列の qualifier は、附属書Iの第6節、表5に示されている。 言語に依存したフリーテキスト形式のアミノ酸配列の qualifier は、附属書Iの第8節、表6に記載されている。
  - (a) 言語に依存するフリーテキストは、英語では要素 INSDQualifier\_value で、英語以外の言語では要素 NonEnglishQualifier\_value で、またはその両方の要素で提示しなければならない。 なお、生物名がラテン語の属名および種名である場合には、翻訳は必要ないことに留意されたい。 国際的に使用されている英語以外の言葉に由来する専門用語や固有名詞は、要素 INSDQualifier\_value の値の目的のために英語とみなされる(例として、「in vitro」、「in vivo」)。
  - (b) 要素 NonEnglishQualifier\_value が配列表に存在する場合、ルート要素 nonEnglishFreeTextLanguageCode 属性に適切な言語コード (第9項の「国際標準化機構(ISO)言語コード 639-1:2002 年公表」参照を参照)が示されなければならない (第43項参照)。 単一の配列表内のすべての要素 NonEnglishQualifier\_value は、 nonEnglishFreeTextLanguageCode 属性で示された言語の値を持たなければならない。要素 NonEnglishQualifier\_value は、言語に依存したフリーテキストの値のフォーマットを有する qualifier に対してのみ許可される。
  - (c) NonEnglishQualifier\_value と INSDQualifier\_value が 1 つの qualifier に対して共に存在する場合、2 つの要素に含まれる情報は同等でなければならない。 すなわち、NonEnglishQualifier\_value に INSDQualifier\_value の値の翻訳が含まれている、または、INSDQualifier\_value に NonEnglishQualifier\_value の値の翻訳が含まれている、または、両方の要素に originalFreeTextLanguageCode 属性で指定された言語からの qualifier 値の翻訳が含まれている、という条件のいずれかが真でなければならない(第 43 項参照)。
  - (d) 言語に依存するフリーテキスト値を有する qualifier の場合、要素 INSDQualifier はオプションの属性 ID を含んでも良い。この属性の値は、「q」の後に 「q23」のような正の整数を続けた形式でなければならず、1 つの要素 INSDQualifier に固有でなければならない。つまり、属性値は、配列表ファイルで 1 度のみの使用としなければならない。
- 88. 次の例は、第86項の2で説明された言語依存のフリーテキストの提示を示す。

例 1:要素 INSDQualifier\_value における言語依存のフリーテキスト 〈INSDFeature〉

<INSDFeature\_key>regulatory</INSDFeature\_key>

 $\label{location} $$\langle INSDFeature\_location \rangle 1...60 \\ \langle INSDFeature\_location \rangle $$$ 

<INSDFeature\_quals>

<INSDQualifier id=" q1" >

<INSDQualifier\_name>function</INSDQualifier\_name>

```
<INSDQualifier_value>binds to regulatory protein Est3</INSDQualifier_value>
               </INSDQualifier>
           </INSDFeature_quals>
</INSDFeature>
例 2:要素 INSDQualifier_value と要素 NonEnglishQualifier_value における言語依存のフリーテキス
<INSDFeature>
       <INSDFeature_key>ACT_SITE</INSDFeature_key>
       <INSDFeature_location>51..64</INSDFeature_location>
       <INSDFeature_quals>
           <INSDQualifier id=" q45" >
               <INSDQualifier_name>note</INSDQualifier_name>
               <INSDQualifier_value>cleaves carbohydrate chain</INSDQualifier_value>
<NonEnglishQualifier_value>clive la chaîne glucidique/NonEnglishQualifier_value>
           </INSDQualifier>
       </INSDFeature_quals>
</INSDFeature>
例3:要素 NonEnglishQualifier_value における言語依存のフリーテキスト。
<INSDFeature>
       <INSDFeature_key>ACT_SITE</INSDFeature_key>
       <INSDFeature_location>51..64</INSDFeature_location>
       <INSDFeature quals>
           <INSDQualifier id=" q1034" >
               <INSDQualifier_name>note</INSDQualifier_name>
               <NonEnglishQualifier_value>clive la chaîne glucidique
</NonEnglishQualifier_value>
           </INSDQualifier>
       </INSDFeature_quals>
</INSDFeature>
```

## VII. コード配列

- 89. feature key「CDS」はコード配列、すなわち蛋白質のアミノ酸の配列に対応する塩基配列と終止コドンを識別するために使用しても良い。必須要素 INSDFeature\_location における feature「CDS」 location には、終止コドンが含まれていなければならない。
- 90. qualifier「transl\_table」および「translation」は、feature key「CDS」と共に用いても良い (附属書 I 参照)。qualifier「transl\_table」を使用しない場合は、標準コード表(附属書 I 、 第 9 節、表 5 参照)の使用が想定される。
- 9 1. qualifier「transl\_except」は、ピロリシンまたはセレノシステインのいずれかをコード化するコドンを識別するために、feature key「CDS」および qualifier「translation」 と共に使用しなければならない。
- 9 2. 第7項に包含される qualifier「translation」に開示され、コード配列によってコードされたアミノ酸配列は、配列表に記載され、個別の配列番号が割り当てられなければならない。アミノ酸配列に割り当てられた配列番号は、feature key「CDS」を有する qualifier「protein\_id」の値として記載されなければならない。アミノ酸配列に用いる feature key「source」の qualifier「organism」は、そのコード配列のものと同一でなけれなならない。例えば、次のようになる。

# $\verb| \langle INSDFeature \rangle|$

- <INSDFeature\_key>CDS</INSDFeature\_key>
- <INSDFeature\_location>1..507</INSDFeature\_location>
- <INSDFeature\_quals>

<INSDQualifier\_name>transl\_table</INSDQualifier\_name>

<INSDQualifier\_value>11</INSDQualifier\_value>

</INSDQualifier>

<INSDQualifier>

<INSDQualifier\_name>translation</INSDQualifier\_name>

<INSDQualifier\_value>MLVHLERTTIMFDFSSLINLPLIWGLLIAIAVLLYILMDGFDLGIG
ILLPFAPSDKCRDHMISSIAPFWDGNETWLVLGGGGLFAAFPLAYSILMPAFYIPIIIMLLGLIVRG
VSFEFRFKAEGKYRRLWDYAFHFGSLGAAFCQGMILGAFIHGVEVNGRNFSGGQLM

</INSDQualifier\_value>

</INSDQualifier>

<INSDQualifier>

<INSDQualifier\_name>protein\_id</INSDQualifier\_name>

<INSDQualifier\_value>89</INSDQualifier\_value>

</INSDQualifier>

</INSDFeature\_quals>

</INSDFeature>

#### VⅢ. 変異体

- 93. 一次配列とその変異体配列、それぞれがそれらの残基の数え上げにより開示され、第7項に含まれるものは、それぞれ配列表に含め、個別の配列番号を割り当てなければならない。
- 9 4. 1 つまたは複数の位置に数え上げられた代替残基を有する単一配列として開示された任意の変異体配列は、配列表に記載しなければならず、連続した代替残基が最も限定的な曖昧さ記号で表された単一配列で表示すべきである(第 15 項および第 27 項を参照のこと)。
- 95. 一次配列における欠失、挿入または置換によってのみ開示される任意の変異体配列は、配列表に記載すべきである。配列表に含まれる場合、そのような変異体配列は、
  - (a) 単一の location または複数の異なる location に変異があり、それらの変異の発生が独立している場合、一次配列の注釈を付して表しても良い。
  - (b) 複数の異なる location に変異があり、それらの変異の発生が相互に依存している場合には、別の配列として表現し、個別の配列番号を割り当てるべきである。
  - (c) 1,000 を超える残基を含む挿入または置換された配列を含む場合は、別の配列として表現し、 個別の配列番号を割り振るべきである (第86項を参照のこと)。
- 96. 次の表は、核酸およびアミノ酸配列の変異体の feature key と qualifier の適切な使用方法を示している。

配列の種類	feature key	qualifier	利用
核酸	variation	replace または note	自然発生の変異および多型、例. 対立遺伝子、制限酵素セグメント長多型(RFLP)
核酸	misc_difference	replace または note	人工的に導入された多様性、例. 遺伝子操作また は化学合成
アミノ酸	VAR_SEQ	note	選択的スプライシング、プロモーターの選択的利用、新規転写の開始およびリボソームフレームシフトにより生じる変異体
アミノ酸	VARIANT	note	「VAR_SEQ」が使用できない任意の変異体の種類

- 97. 上の表に示されているように、特定の変異体に対する配列の注釈には、feature key、qualifier および feature location を含まなければならない。qualifier「replace」の値は、第1節、表1 に記載された記号のみを使用した単一の代替塩基または塩基配列のみでなければならず、または空でなければならない。qualifier「note」の値として、代替残基のリストを記載しても良い。特に、代替アミノ酸のリストは、qualifier「note」の値として記載しなければならない。ここで、配列に「X」が用いられており、「X」は「「A」、「R」、「N」、「D」、「C」、「Q」、「E」、「G」、「H」、「I」、「L」、「K」、「M」、「F」、「P」、「O」、「S」、「U」、「T」、「W」、「Y」、または「V」のいずれか1つ」以外の値を示す(第27項参照)。欠失している場合は、qualifier「replace」の値を空白にするか、qualifie 「note」にその残基が欠失している可能性があることを示す表示をしなければらない。挿入または置換された残基は、qualifier「replace」または qualifier 「note」で提示されなければならない。qualifier「replace」および「note」の値の形式は、第86項で規定されているように、フリーテキストであり、1,000文字を超えてはならない。qualifier の値に挿入または置換として記載されている第7項に記載されている配列については、第100項を参照のこと。
- 98. 附属書 I に記載されている記号(第1節から4節、表1から4をそれぞれ参照)は、必要に応じて変異体の残基を表示するために使用されるべきである。qualifier finite に関しては、変異体の残基が附属書 I の表2または表4に記載されていない修飾残基である場合、qualifier 値として修飾残基の省略されていない完全な名称を記載しなければならない。修飾残基は、第17項または第30項に記載があるように、finite feature finite table に詳細に記載しなければならない。
- 99. 次の例では、上記の第95項から98項に準拠型の変異体の表示を示す。
- 例1:数え上げられた代替塩基に用いる feature key 「misc\_difference」。 配列の53位の「n」は、5つの代替塩基のうちの1つである。

```
<INSDFeature>
    <INSDFeature_key>misc_difference</INSDFeature_key>
    <INSDFeature_location>53</INSDFeature_location>
    <INSDFeature_quals>
        <INSDQualifier>
            <INSDQualifier_name>note</INSDQualifier_name>
            <INSDQualifier_value>w, cmnm5s2u, mam5u, mcm5s2u, or p</INSDQualifier_value>
        </INSDQualifier>
    </INSDFeature_quals>
</INSDFeature>
<INSDFeature>
    <INSDFeature_key>modified_base</INSDFeature_key>
    <INSDFeature_location>53</INSDFeature_location>
    <INSDFeature_quals>
        <INSDQualifier>
            <INSDQualifier_name>mod_base</INSDQualifier_name>
            <INSDQualifier value>OTHER</INSDQualifier value>
        </INSDQualifier>
        <INSDQualifier>
            <INSDQualifier_name>note</INSDQualifier_name>
            <INSDQualifier value>cmnm5s2u, mam5u, mcm5s2u, or p</INSDQualifier value>
        </INSDQualifier>
    </INSDFeature_quals>
</INSDFeature>
```

例2:塩基配列における欠失に用いる feature key 「misc\_difference」。 配列の413位の塩基が欠失している。

#### <INSDFeature>

- <INSDFeature\_key>misc\_difference</INSDFeature\_key>
- <INSDFeature\_location>413</INSDFeature\_location>
- <INSDFeature\_quals>

```
<INSDQualifier>
                       <INSDQualifier_name>replace</INSDQualifier_name>
                       <INSDQualifier_value></INSDQualifier_value>
               </INSDQualifier>
       </INSDFeature_quals>
</INSDFeature>
例3:塩基配列における挿入に用いる feature key「misc_difference」。
      -次配列の 100 位と 101 位の間に、配列「atgccaaatat」が挿入されている。
<INSDFeature>
       <INSDFeature_key>misc_difference</INSDFeature_key>
       <INSDFeature_location>100^101</INSDFeature_location>
       <INSDFeature quals>
               <INSDQualifier>
                       <INSDQualifier_name>replace</INSDQualifier_name>
                       <INSDQualifier_value>atgccaaatat</INSDQualifier_value>
               </INSDQualifier>
       </INSDFeature_quals>
</INSDFeature>
例4:塩基配列における置換に用いる feature key 「variation」。
     シトシンが配列の413位の塩基を置換している。
<INSDFeature>
       <INSDFeature_key>variation</INSDFeature_key>
       <INSDFeature_location>413</INSDFeature_location>
       <INSDFeature_quals>
               <INSDQualifier>
                       <INSDQualifier_name>replace</INSDQualifier_name>
                       <INSDQualifier_value>c</INSDQualifier_value>
               </INSDQualifier>
       </INSDFeature_quals>
</INSDFeature>
例5:アミノ酸配列において置換に用いる feature key「VARIANT」。
     配列の 100 位のロケーションにあるアミノ酸は、I, A, F, Y, alle, Melle または Nle で置換す
     ることができる。
<INSDFeature>
       <INSDFeature_key>VARIANT</INSDFeature_key>
       <INSDFeature location>100</INSDFeature location>
       <INSDFeature quals>
               <INSDQualifier>
                       <INSDQualifier_name>note</INSDQualifier_name>
                       <INSDQualifier_value>I, A, F, Y, alle, Melle, or Nle
                   </INSDQualifier value>
             </INSDQualifier>
     </INSDFeature_quals>
</INSDFeature>
<INSDFeature>
       <INSDFeature_key>MOD_RES</INSDFeature_key>
       <INSDFeature_location>100</INSDFeature_location>
       <INSDFeature_quals>
               <INSDQualifier>
                       <INSDQualifier_name>note</INSDQualifier_name>
                       <INSDQualifier_value>alle, Melle, or Nle</INSDQualifier_value>
```

</INSDQualifier>
</INSDFeature\_quals>
</INSDFeature>

例6:アミノ酸配列において置換に用いる faeture key「VARIANT」。

配列の 100 位に指定されたアミノ酸は、Lys, Arg または His を除くすべてのアミノ酸で置換することができる。

<INSDFeature>

<INSDFeature\_key>VARIANT</INSDFeature\_key>

<INSDFeature\_location>100</INSDFeature\_location>

<INSDFeature\_quals>

<INSDQualifier>

</INSDFeature\_quals>

</INSDFeature>

100. 第7項に含まれる配列で、一次配列の注釈の qualifier 値の挿入または置換として記載される ものも配列表に記載され、個別の配列番号が割り当てられなければならない。

## IX. 要約書の作成上の注意

- ・ 配列自体に特徴がある発明の記述は、由来、製法、生化学的機能及び適当な場合は配列等の事項を 簡潔に記載する。
- ・ 塩基配列又はアミノ酸配列を表した配列表又は図面は、選択図として採用してはならない。

#### X. 配列表の補正の際の注意

- 配列表の補正において配列を削除する際には、要素 INSDSeq\_feature-table を削除するとともに、「INSDSeq\_length」、「INSDSeq\_moltype」及び「INSDSeq\_division」の値を削除し、「INSDSeq\_sequence」の値には「000」と記述する。
- 各配列に対して出願当初に付与した配列番号は、補正により提出する配列表においても同じものを 使用する。

## 附属書 I 統制語彙

## 第1節:塩基表

配列表で使用される塩基記号を表 1 に示す。記号「t」は、詳細な説明なしに使用される場合、DNA ではチミン、RNA ではウラシルと解釈される。曖昧さ記号(2 つ以上の塩基を表す)が適切である場合は、最も限定的な記号を用いるべきである。例えば、ある位置の塩基が「a または g」である可能性がある場合、「n」ではなく「r」を使用すべきである。記号「n」は、それ以上の記述がない状態で使用された場合、「a または c または g または t/u」と解釈される。

表1: 塩基表

	表 1: 塩基表	<u></u>
記号	意味	記号の由来
a	アデニン	adenine
g	グアニン	guanine
С	シトシン	Cytosine
t	DNA 中ではチミン、RNA 中ではウラシル	Thymine
r	グアニン 又は アデニン	プリン(pu <u>r</u> ine)
У	チミン/ウラシル又はシトシン	ピリミジン(p <u>y</u> rimidine)
m	アデニン 又は シトシン	アミノ基(a <u>m</u> ino)
k	グアニン又はチミン/ウラシル	ケト基( <u>k</u> eto)
S	グアニン 又は シトシン	3ヶ所の水素結合による強い相互作用 ( <u>s</u> trong interactions, 3H-bonds)
W	アデニン又はチミン/ウラシル	2ヶ所の水素結合による弱い相互作用 (weak interactions, 2H-bonds)
b	グアニン 又は シトシン 又は チミン/ウラシル	not a
d	アデニン 又は グアニン 又は チミン/ウラシル	not c
h	アデニン 又は シトシン 又は チミン/ウラシル	not g
V	アデニン 又は グアニン 又は シトシン	not t, not u
n	アデニン、グアニン、シトシン又はチミン/ウラシルのいずれか一つ、不明又は他の塩基(上記塩基の修飾体として上記の記号で表現できないもの)	Any

## 第2節:修飾塩基表

表 2 で示されている略語は、qualifier  $\lceil mod\_base \rfloor$  に許される唯一の値である。特定の修飾塩基が以下の表に存在しない場合は、その値として $\lceil OTHER \rfloor$  という略語を使用しなければならない。省略形が $\lceil OTHER \rfloor$  の場合は、修飾塩基の省略されていない完全な名称を qualifier  $\lceil note \rfloor$  で指定しなければならない。表 2 に示されている略語は、配列自体に使用してはならない。

表 2:修飾塩基表

記号	構造式	意味
ac4c		4-アセチルシチジン
	N N	(4-acetylcytidine)
	10-	
	HOME	
chm5u	0 OH I	5-(カルボキシヒドロキシメチル)ウリジン
	H)	(5-(carboxyhydroxymethyl)uridine)
	10-	
	HO H	
cm	NH <sub>2</sub>	2' -0-メチルシチジン
		(2'-0-methylcytidine)
	H0	
5.0	но <sub>х</sub>	
cmnm5s2u	OH OH	5-カルボキシメチルアミノメチル-2-チオウリジン
		(5-carboxymethylaminomethyl-2-thiouridine)
	H0—\0	
	HU OH	
cmnm5u	9	5-カルボキシメチルアミノメチルウリジン
Cinimiou	HN NH OH	(5-carboxymethylaminomethyluridine)
		(o carbonyme ony raminome ony rarrante)
	H0—\0	
	но	
dhu	0 II	ジヒドロウリジン
	HN	(dihydrouridine)
	H0	
fm	0	2'-0-メチルプソイドウリジン
± 111	HN HH	(2'-0-methylpseudouridine)
	H0— 00	
	$\square$	
	HO %0-	
gal q	но—	β、D-ガラクトシルキュェオシン
	HO- NH O	(β, D-galactosylqueuosine)
	HD OH WH	
	H00_NH <sub>2</sub>	
	Щ	
	HO <sup>N</sup> ,OH	0' 0 141 57 1207
gm	NH NH	2'-0-メチルグアノシン (2'-0-methylguanosine)
		(2 -0-methylguanosine)
	N N N N N N N N N N N N N N N N N N N	
	но	

記号	構造式	意味
i	HO OH	イノシン (inosine)
i6a	HO OH	N6-イソペンテニルアデノシン (N6-isopentenyladenosine)
m1a	HO OH	1ーメチルアデノシン (1-methyladenosine)
m1f	HOODH	1ーメチルプソイドウリジン (1-methylpseudouridine)
m1g	HO OH NH2	1ーメチルグアノシン (1-methylguanosine)
mli	HO OH	1ーメチルイノシン (1-methylinosine)
m22g	HO OH	2, 2-ジメチルグアノシン (2,2-dimethylguanosine)
m2a	HO OH	2-メチルアデノシン (2-methyladenosine)
m2g	HO OH NH	2-メチルグアノシン (2-methylguanosine)
m3c	HO OH	3-メチルシチジン (3-methylcytidine)
m4c	NH NH	N4-メチルシトシン (N4-methylcytosine)

記号	構造式	意  味
m5c	NH2	5-メチルシチジン (5-methylcytidine)
m6a	HO OH	N6-メチルアデノシン (N6-methyladenosine)
m7g	HO OH NH2	7ーメチルグアノシン (7-methylguanosine)
mam5u	HO OH	5-メチルアミノメチルウリジン(5-methylaminomethyluridine)
mam5s2u	HO OH	5-メチルアミノメチルー2-チオウリジン(5-methylaminomethyl-2-thiouridine)
man q	H0 H0 H1	β、D-マンノシルキュェオシン (β, D-mannosylqueuosine)
mcm5s2u	HO OH	5-メトキシカルボニルメチル-2-チオウリジン (5-methoxycarbonylmethyl-2-thiouridine)
mcm5u	HO OH	5-メトキシカルボニルメチルウリジン (5-methoxycarbonylmethyluridine)
mo5u	HO OH	5-メトキシウリジン (5-methoxyuridine)
ms2i6a	HO OH	2-メチルチオーN6-イソペンテニルアデノシン (2-methylthio-N6-isopentenyladenosine)

記号	構造式	意 味
ms2t6a	HO NH NH	N-((9- $\beta$ -D-リボフラノシルー2-メチルチオプリンー6ーイル) カルバモイル) トレオニン (N-((9- $\beta$ -D-ribofuranosy1-2-methy1thiopurine-6-y1) carbamoy1) threonine)
	но	
mt6a	HO OH NN	$N-((9-\beta-D-yボフラノシルプリン-6-イル)N-メチルカルバモイル)トレオニン (N-((9-\beta-D-ribofuranosylpurine-6-yl)N-methylcarbamoyl)threonine)$
mv	HO OH	ウリジン-5-オキシ酢酸-メチルエステル (uridine-5-oxyacetic acid-methylester)
o5u	HO OH	ウリジンー5ーオキシ酢酸 (uridine-5-oxyacetic acid)
osyw	HO O-OH	ワイブトキソシン (wybutoxosine)
p	HO OH	プソイドウリジン (pseudouridine)
q	HO NH <sub>2</sub>	キュェオシン (queuosine)
s2c	NN <sub>2</sub>	2ーチオシチジン (2-thiocytidine)
s2t	HO OH	5-メチル-2-チオウリジン (5-methy1-2-thiouridine)
s2u	HO OH	2ーチオウリジン (2-thiouridine)
s4u	HO OH	4ーチオウリジン (4-thiouridine)

記号	構造式	意味
m5u	HO OH	5-メチルウリジン (5-methyluridine)
t6a	HO OH	$N-((9-\beta-D-)$ ボフラノシルプリン $-6-$ イル)カルバモイル)トレオニン $(N-((9-\beta-D-ribofuranosylpurine-6-yl)carbamoyl)$ threonine)
tm	HO 100 100 100 100 100 100 100 100 100 10	2'-0-メチルー5-メチルウリジン (2'-0-methyl-5-methyluridine)
um	HO	2'-0-メチルウリジン (2'-0-methyluridine)
уw	HO OH	ワイブトシン (wybutosine)
X	HO OH	3-(3-アミノ-3-カルボキシプロピル)ウリジン, (acp3)u (3-(3-amino-3-carboxypropy1)uridine)
other		Qualifier「note」が必要

## 第3節:アミノ酸表

配列に使用するアミノ酸記号を表 3 に示す。 曖昧さ記号(2 つ以上のアミノ酸を表す)が適切な場合は、最も限定的な記号を使用すべきである。 例えば、ある位置のアミノ酸がアスパラギン酸またはアスパラギンである可能性がある場合には、[X] ではなく [B] という記号を使用すべきである。 記号 [X] は、それがさらなる説明なしに使用される場合、[A]、[R]、[N]、[D]、[C]、[Q]、[E]、[G]、[H]、[I]、[L]、[K]、[M]、[F]、[D]、[O]、[S]、[U]、[V] 、または [V] のいずれか 1 つと解釈される。

表3:アミノ酸表

記号	構造式	意味
A	C00H NH <sub>2</sub>	アラニン
С	HS COOH	システイン
D	H000C C00H	アスパラギン酸
Е	HOOC COOH	グルタミン酸
F	NH <sub>2</sub>	フェニルアラニン
G	COOH NH <sub>2</sub>	グリシン
Н	HN NH <sub>2</sub>	ヒスチジン
I	H COOH	イソロイシン
K	H <sub>2</sub> N COOH	リジン
L	COOH NH <sub>2</sub>	ロイシン
M	S COOH	メチオニン
N	H <sub>2</sub> N C00H 0 NH <sub>2</sub>	アスパラギン
Р	NH COOH	プロリン
Q	H <sub>2</sub> N COOH	グルタミン
R	H <sub>2</sub> N NH COOH	アルギニン

記号	構造式	意味
S	H0 C00H	セリン
T	OH COOH	トレオニン
V	C00H NH <sub>2</sub>	バリン
W	NH NH <sub>2</sub>	トリプトファン
Y	NH <sub>2</sub>	チロシン
0	N Н СООН NH2	ピロリシン
U	HSe COOH	セレノシステイン
В		アスパラギン 又は アスパラギン酸
Z		グルタミン 又は グルタミン酸
Ј		ロイシン又はイソロイシン
X		A、 $R$ 、 $N$ 、 $D$ 、 $C$ 、 $Q$ 、 $E$ 、 $G$ 、 $H$ 、 $I$ 、 $L$ 、 $K$ 、 $M$ 、 $F$ 、 $P$ 、 $O$ 、 $S$ 、 $U$ 、 $T$ 、 $W$ 、 $Y$ 又は $V$ のいずれか一つ、不明 又は 他のアミノ酸(上記アミノ酸の修飾体として上記の記号で表現できないもの)

## 第4節:修飾アミノ酸表

表 4 は、feature key「 $MOD\_RES$ 」 または「SITE」の必須 qualifier「note」において、修飾アミノ酸に許される唯一の略語の一覧である。qualifier「note」の値は、必要に応じてこの表の略語か、修飾アミノ酸の省略されていない完全な名称のいずれかでなければならない。この表に記載されている略語 (または完全な名称)は、配列自体に使用してはならない。

表 4:修飾又は異常アミノ酸表

記号	構造式	
		意味
Aad	0	2-アミノアジピン酸
	HOOOH	(2-Aminoadipic acid)
	ö NH <sub>2</sub>	
bAad	NH <sub>2</sub> 0	3-アミノアジピン酸
	ОН	(3-Aminoadipic acid)
1 4 1	0	β-アラニン、β-アミノプロピオン酸
bAla	0	βーナラニン、βーナミナノロヒオン酸   (β-Alanine, β-Aminopropionic acid)
	H <sub>2</sub> N OH	(p Mainine, p minimopropronic actu)
Abu	0	2ーアミノ酪酸
	ОН	(2-Aminobutyric acid)
	NH <sub>2</sub>	
4Abu	0	4-アミノ酪酸、ピペリジン酸
	H <sub>2</sub> M OH	(4-Aminobutyric acid, piperidinic acid)
Acp	0	6-アミノカプロン酸
	H <sub>2</sub> N 0H	(6-Aminocaproic acid)
Ahe	0	2-アミノヘプタン酸
	OH	(2-Aminoheptanoic acid)
	 NH <sub>2</sub>	
Aib	0	2-アミノイソ酪酸
	— ОН	(2-Aminoisobutyric acid)
	NH <sub>2</sub>	0 > > > > > > > > > > > > > > > > >
bAib	Ļ	3-アミノイソ酪酸
	NH <sub>2</sub> OH	(3-Aminoisobutyric acid)
A 50 500	,	2-アミノピメリン酸
Apm		2-7 C アウン酸 (2-Aminopimelic acid)
	HO OH	(2 milliopimelle deld)
	NH <sub>2</sub>	
Dbu	0 	2, 4-ジアミノ酪酸
	H <sub>2</sub> N OH	(2,4 Diaminobutyric acid)
	NH <sub>2</sub>	
Des	NH <sub>2</sub> NH <sub>2</sub>	デスモシン
		(Desmosine)
	NH <sub>2</sub> NH <sub>2</sub>	
	HO OH	
Dpm	0	2, 2'ージアミノピメリン酸
וווקע		2, 2 ーン) ミノヒメリン By (2, 2'-Diaminopimelic acid)
	HO NH <sub>2</sub> NH <sub>2</sub>	(=) = 213m1110p1m0110 0010/
	NH <sub>2</sub> NH <sub>2</sub>	
Dpr	0 	2, 3-ジアミノプロピオン酸
	H <sub>2</sub> N OH	(2,3-Diaminopropionic acid)
	NH <sub>2</sub>	

記号	構造式	意味
EtG1y	OH	N-エチルグリシン (N-Ethylglycine)
EtAsn	H <sub>2</sub> N OH	N-エチルアスパラギン (N-Ethylasparagine)
Hy1	H <sub>2</sub> N OH NH OH	ヒドロキシリジン (Hydroxylysine)
aHyl	H <sub>2</sub> N OH OH NH <sub>2</sub>	アローヒドロキシリジン (allo-Hydroxylysine)
ЗНур	OH OH	3-ヒドロキシプロリン (3-Hydroxyproline)
4Нур	HOOH	4ーヒドロキシプロリン (4-Hydroxyproline)
Ide	NH <sub>2</sub> OH NH <sub>2</sub> OH	イソデスモシン (Isodesmosine)
alle	H COOH	アローイソロイシン (allo-Isoleucine)
MeG1y	OH	Nーメチルグリシン、サルコシン (N-Methylglycine, sarcosine)
MeIle	OH OH	Nーメチルイソロイシン (N-Methylisoleucine)
MeLys	HN OH	6-N-メチルリジン (6-N-Methyllysine)
MeVa1	ОН	Nーメチルバリン (N-Methylvaline)
Nva	0 NH <sub>2</sub> OH	ノルバリン (Norvaline)
Nle	0 М1 <sub>2</sub>	ノルロイシン (Norleucine)
0rn	NH2 OH	オルニチン (Ornithine)

## 第5節:塩基配列の feature keys

本節には、塩基配列に使用可能な feature key のリストおよび、その必須・任意の qualifier を示す。 feature key はアルファベット順に並んでいる。feature key は、「分子の分類」で指定されていない限り、DNA または RNA に使用することができる。特定の feature key は、「生物の分類」で指定されている以外にも、人工的な配列に使用するのに適している場合がある。

「feature key」の名称は、3<sup>'</sup> 非翻訳領域および 5<sup>'</sup> 非翻訳領域の feature key を除き、以下、記述の「feature key」の後に表示されているとおり、配列表の XML インスタンスで使用しなければならない。 3<sup>'</sup> 非翻訳領域および 5<sup>'</sup> 非翻訳領域の feature key については、説明文の「コメント」を参照のこと。

5. 1	feature key	C_region
0. 1	定義	<ul><li>5_1eg10n</li><li>免疫グロブリンの軽鎖、重鎖、および t-細胞受容体の α 鎖、 β 鎖、 γ 鎖の</li></ul>
	/L #X	定常領域で、特定の鎖に応じて1つまたそれ以上のエクソンを含む。
	任意の qualifier	た市関域で、特定の頭に応じて1つまたで40以上のエックンを占む。 Allele
	正思v/ qualifier	Gene
		gene_synonyms
		Map
		Note
		Product
		pseudo
		pseudogene
		standard_name
	生物の分類	真核生物
5. 2.	feature key	CDS
	定義	コード配列;蛋白質のアミノ酸配列に対応する塩基配列 (feature
		location は終止コドンを含む) ; feature はアミノ酸の概念的な翻訳が含む
		ことがある。
	任意の qualifier	allele
		circular_RNA
		codon_start
		EC_number
		exception
		function
		gene
		gene_synonym
		map
		note
		number
		operaon
		product
		Protein_id
		pseudo
		pseudogene
		ribosomal_slippage
		standard_name
		translation
		transl_except
		transl_except
		transl_table
	コメント	qualifier「codon_start」は、1、2、3のいずれかの有効な値を持ち、ある code feature の最初の塩基から、その feature の最初の完全なコドンが確認できる相対的な位置を示している; qualifier「transl_table」は、標準的またはユニバーサルな遺伝暗号表以外の場合に使用される遺伝暗号表
		を定義する。qualifier「transl_except」には指定された表の範囲外の遺 伝子コードが記載されている。feature key「CDS」と共に用いることが出 来るのは、translation qualifier、「pseugogene」、「pseudo」 のいずれか 1つである。translation qualifier が用いられるとき、翻訳産物に4つ以

		上の具体的に定義されたアミノ酸が含まれる場合、qualifier「protein_id」 が必須となる。
5. 3.	feature key	centromere
	定義	セントロメアと同定された生物学的な関心領域で、実験的に特徴づけられ ているもの。
	任意の qualifier	note standard_name
	コメント	feature「centromere」は、染色体が保持され、動原体が形成される領域に 対応する DNA の区間を示すものである。
5.4.	feature key	D-loop
	定義	置換ループ:ミトコンドリア DNA 内の二本鎖の一方に相同な配列の一本鎖 が対合をなす領域; RecA 蛋白質の触媒反応において、二本鎖 DNA の一方が 外来の一本鎖によって置換する部位の記述にも用いられる。
	任意の qualifier	allele
		gene gene_synonym
		map
		note
	分子の分類	DNA
5. 5.	feature key	D_segment
	定義	免疫グロブリン重鎖および t-細胞受容体のβ鎖の多様性セグメント。
	任意の qualifier	allele
		gene
		gene_synonym
		map
		note
		product
		pseudo
		pseudogene standard_name
	生物の分類	真核生物
5. 6.	feature key	exon
	定義	スプライシング後の mRNA、rRNA、tRNA の一部をコード化するゲノムの領域;5'非翻訳領域、すべての CDS、3'非翻訳領域を含む場合がある。
	任意の qualifier	allele
	,—,2.	EC_number
		function
		gene
		gene_synonym
		map
		note
		number
		product
		pseudo
		pseudogene
		standard_name trans_splicing
5. 7.	feature key	
5. 7.	定義	gene 遺伝子として特定され、名称が付された生物学的な関心領域。
	た我 任意の qualifier	allele
	T.E. > dealilion	function
		gene gene_synonym
		gene
		gene gene_synonym
		gene gene_synonym map

		pseudogene
		phenotype
		standard_name
		trans_splicing
	コメント	feature「gene」は、遺伝的形質や表現型に対応するDNAの区間を記述する。
		feature は、定義上、末端の位置に厳密に拘束されるものではない;遺伝
		子が位置する領域を表すことを意味する。
5. 8.	feature key	iDNA
	定義	DNA の介在配列;数種類の組み換えにより排除された DNA。
	任意の qualifier	allele
		function
		gene
		gene_synonym
		map
		note
		number
		standard_name
	分子の分類	DNA
	コメント	例、免疫グロブリン遺伝子の体細胞処理において。
5. 9.	feature key	intron
5. 5.	定義	転写されるが、その配列(エクソン)の両端のどちらか片側をスプライシ
	足我	ングすることにより転写産物から取り除かれる DNA のセグメント。
	万芒の · 1:0:	
	任意の qualifier	allele
		function
		gene
		gene_synonym
		map
		note
		number
		pseudo
		pseudogene
		standard_name
		trans_splicing
5. 10.	feature key	$J_{\mathtt{segment}}$
	定義	免疫グロブリンの軽鎖と重鎖、および t-細胞受容体のα、βおよびγ鎖の
		結合部。
	任意の qualifier	allele
	· ·	gene
		gene_synonym
		map
		note
		product
		pseudo
		pseudogene
		standard_name
		Standard_name
	生物の分類	真核生物
5. 11.	feature key	mat_peptide
	定義	成熟ペプチドまたは蛋白質のコード配列;翻訳後修飾を受けて成熟した、
		または最終的なペプチドまたは蛋白質産物のコード配列;その存在位置は
		(対応する CDS とは異なり) 終止コドンを含まない。
	任意の qualifier	allele
		EC_number
		function
		gene
		gene_synonym
		map
		map

		note
		product
		pseudo
		pseudo
		standard_name
5. 12.	feature key	misc binding
o. 12.	定義	他の結合 key(「primer_bind」または「protein_bind」)では表現できない 別の部位を共有結合または非共有結合する核酸中の部位。
	必須の qualifier	がいるPinでを発行れてよれては非共行れてする核酸中のPinで、 bound_moiety
	必須の qualifier 任意の qualifier	allele
	工/宏 v y qualifier	function
		gene
		gene_synonym
		map
		note
	コメント	リボソームの結合部位を記載するためには、feature key「regulatory」お
	コンント	よびその qualifier「regulatory_class」と共に、qualifier 値
5. 13.	£ + 1	「ribosome_binding_site」を用いなければならない。
5. 15.	feature key 会差	misc_difference 相二された配列しての位果で二された配列が用なり、他のDifference
	定義	提示された配列とこの位置で示された配列が異なり、他の Difference キー (「
		·
	<b>万本の 1:0:</b>	variation」「modified_base」)では表現できない。
	任意の qualifier	allele
		flone
		compare
		gene
		gene_synonym
		map
		note
		phenotype
		replace
	- 22.1	standard_name
	コメント	Feature key「misc_difference」は人為的に導入された変異性(例.遺伝 子操作または化学合成)に関する記載を行うために用いなければならず、
		大笑、挿入または置換に関する注釈を付すために qualifier 「replace」を
		用いる。feature key 「variation」は自然発生的な遺伝的変異を記述する
F 14	C 1	ために用いなければならない。
5. 14.	feature key	misc_feature
	定義	他の feature key では表現することができない生物学的な関心領域;新規
	<b>万井の 1:0:</b>	または希少な feature。
	任意の qualifier	allele
		function
		gene
		gene_synonym
		map
		note
		number
		phenotype
		product
		pseudo
		pseudogene
		standard_name
	コメント	この key は、単にある領域にコメントするため、または、他の feature
		location で使用するために用いるべきではない。
5. 15.	feature key	misc_recomb
	定義	他の組換え key や source key の qualifier「proviral」では説明できない
	/ - 4/4	二重鎖 DNA の切断と再結合が行われる、一般的、部位特異的、または複製

	kr tr o li o	的な組み換えイベントの部位 (プロウイルスの)。
	任意の qualifier	allele
		gene
		gene_synonym
		map
		note
		recombination_class
		standard_name
	分子の分類	DNA
5. 16.	feature key	misc_RNA
	定義	他のRNA キーでは定義できない転写産物やRNA 産物(prim_transcript、
		precursor_RNA、mRNA、5'非翻訳領域、3'非翻訳領域、exon、CDS、sig_peptide、
	K # 2 1101	transit_peptide、mat_peptide、intron、polyA_site、ncRNA、rRNA、tRNA)。
	任意の qualifier	allele
		function
		gene
		gene_synonym
		map
		note
		operon product
		pseudo
		pseudogene
		standard_name
		trans_splicing
5. 17.	feature key	misc_structure
9.1	定義	および他の構造(Structure)キー(stem_loop、D-loop)では記述できない 二次、三次の塩基構造や立体配座。
	任意の qualifier	allele
		function
		gene
		gene_synonym
		map
		note
		standard_name
5. 18.	feature key 定義	mobile_element 可動遺伝子因子を含む、ゲノムの領域。
	必須の qualifier	mobile_element_type
	起演の qualifier 任意の qualifier	allele
	11/2/ Vy qualifier	function
		gene
		gene_synonym
		map
		note
		rpt_family
		rpt_type
		standard_name
5. 19.	featue key	modified_base
·	定義	示された塩基は修飾塩基で、示された分子で置換される(qualifier「mod_base」の値として記載)。
	必須の qualifier	mod_base
	任意の qualifier	allele
		frequency
		gene
		gene_synonym
		map
		note

	コメント	必須 qualifier「mod_base」の値は、本附属書I、第2節の修飾塩基の略
F 90	C 1	語として示されている統制語彙のみを用いる。
5. 20.	feature key	mRNA
	定義	メッセンジャーRNA;5'非翻訳領域、コード配列(CDS, エクソン)および、3'非翻訳領域を含む。
	任意の qualifier	3 升鮒朳映吸を占む。 allele
	正息ック qualifier	circular_RNA
		function
		gene
		gene_synonym
		map
		note
		operon
		product
		pseudo
		pseudogene
		standard_name
		trans_splicing
5. 21.	feature key	ncRNA
	定義	rRNA および tRNA 以外の非蛋白質コーディング遺伝子で、その機能分子が
		RNA 転写物であるもの。
	必須の qualifier	ncRNA_class
	任意の qualifier	allele
		function
		gnene
		gene_synonym
		map
		note
		operaon
		product
		pseudo
		pseudogene
		standard_name
		trans_splicing
	コメント	feature「ncRNA」は rRNA および tRNA の注釈に用いてはならない。featur
		key「rRNA」および feature key「tRNA」をそれぞれ用いなければならない
5. 22.	feature key	N_region
	定義	再配列された免疫グロブリンセグメントの間に挿入された余分な塩基。
	任意の qualifier	allele
		gene
		gene_synonym
		map
		note
		product
		pseudo
		pseudogene
	<b>生肿の八類</b>	standard_name 喜花化物
E 00	生物の分類	真核生物
5. 23.	feature key 定義	operon 同じ制御配列/プロモーターの制御下にあり、同じ生物学的経路にある遺伝
	<b>烂我</b>	同し前岬配列/プロモーターの前岬下にあり、同じ生物学的経路にある遺位 子群を含むポリシストロン性転写物を含む領域。
	必須の qualifier	
	必須の qualifier 任意の qualifier	operon allele
	正屋 v> qualilier	function
		map note
		phenotype

		pseudo pseudogene
		standard_name
F 0.4	C 1	
5. 24.	feature key 会業	oriT 転写のおち、控入さなけ可動化の温和で転写が開始されて DNA 八子の短標
	定義	転写の起点;接合または可動化の過程で転写が開始される DNA 分子の領域。
	任意の qualifier	allele
		bound_moiety
		direction
		gene
		gene_synonym
		map
		note
		rpt_family
		rpt_type
		rpt_unit_range
		rpt_unit_seq
		standard_name
	分子の分類	DNA
	コメント	「rep_origin」は転写の起点を記載するために用いなければならない;そ
		の qualifier「direction」の値として用いるのが許容される値には left、
		right および both があるが、feature「oriT」と共に用いる場合は left ま
		たは right のみが有効である。; 転写の起点は染色体の中に存在する場合が
		ある。; プラスミドには複数の転写の起点が存在する場合がある。
5. 25.	feature key	polyA_site
	定義	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 転写物上の
		部位。
	任意の qualifier	allele
	122/2011	gene
		gene_synonym
		map
		note
	生物の分類	真核生物および真核生物ウイルス
5. 26.	feature key	precursor RNA
0.20.	定義	未成熟な RNA 産物ではない RNA 種;ncRNA、rRNA、tRNA、5'非翻訳領域、
	\_ 4X	コード配列(CDS, エキソン)、介在配列(イントロン)および、3'非翻訳
		領域を含んでいても良い。
	任意の qualifier	
	在息の qualifier	allele
		function
		gene
		gene_synonym
		map
		note
		operon
		product
		standard_name
		trans_splicing
	コメント	転写後のプロセシングの結果であると思われる RNA に使用される;問題の
		RNA が、プロセシングされていないのが知られている場合は、key
		「prim_transcript」を用いる。
5. 27.	feature key	prim_transcript
	定義	(最初の、未転写の)一次転写物 ; ncRNA、rRNA、tRNA、5'非翻訳領域、コー
		ド配列(CDS, エキソン)、介在配列 (イントロン) および、3'非翻訳領域
		を含んでいても良い。
	任意の qualifier	allele
	•	function
		gene
		gene_synonym
		Pour-oluoniam

		map
		note
		operon
		standard_name
5. 28.	feature key	primer_bind
	定義	複製、転写または逆転写を開始するための非共有結合型プライマー結合部
		位;合成用(例.PCR プライマー要素)の部位を含む。
	任意の qualifier	allele
		gene
		gene_synonym
		map
		note
	- 1 \ 1	standard_name プライマー分子が結合する、配列上のある部位の注釈情報の記載に用いる
	コメント	フライマー分子が結合する、配列上のある部位の注釈情報の記載に用いる feature key - プライマー分子そのものの配列を示すためには用いない;
		reature key - フライマー分子でのものの配列を示すためには用いない; ポリメラーゼ連鎖(PCR)反応ではプライマー対を使用することが多いため、
		1 つの key「primer_bind」で 2 つの存在位置を指定して order (存在位置、
		存在位置)演算子を用いたり、key「primer_bind」を2つ用いても良い。
5. 29.	feature key	propeptide
0. 23.	定義	プロペプチドコード配列:プロタンパク質のドメインのコード配列で、切
	人子文	断されて成熟蛋白質産物を形成するもの。
	任意の qualifier	allele
	122/20 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1	function
		gene
		gene_synonym
		map
		note
		product
		pseudo
		pseudogene
		standard_name
5. 30.	feature key	protein_bind
	定義	核酸上の、非共有の蛋白質結合部位。
	必須の qualifier	bound_moiety
	任意の qualifier	allele
		function
		gene
		gene_synonym map
		note
		operon
		standard_name
	コメント	リボソームの結合部位を記述するには、feature key「regulatory」および
		その qualifier「regulatory_class」(qualifier 値は
		「ribosome_binding_site」)を用いなければならない。
5. 31.	feature key	regulatory
	定義	転写、翻訳、複製またはクロマチン構造の制御に機能する配列の任意の領
		域。
	必須の qualifier	regulatory_class
	任意の qualifier	allele
		bound_moiety
		function
		gene
		gene_synonym
		map
		note
		operon

		<u></u>
		phenotype
		pseudo
		pseudogene
		standard_name
5. 32.	feature key	repeat_region
	定義	繰り返し単位を含むゲノム領域。
	任意の qualifier	allele
		function
		gene
		gene_synonym
		map
		note
		rpt_family
		rpt_type
		rpt_unit_range
		rpt_unit_seq
		satellite
	0 1	standard_name 
5. 33.	feature key	rep_origin 複制のおち、体験の0~の同じ複制ながたけれてなるの複制のおち
	定義	複製の起点;核酸の2つの同じ複製を作成するための複製の起点。
	任意の qualifier	allele
		direction
		function
		gene
		gene_synonym
		map
		note standard_name
	コメント	qualifier「direction」は3つの有効値を用いる。left、right または both。
5. 34.		rRNA
5. 54.	feature key 定義	成熟したリボソーム RNA;アミノ酸を蛋白質に合成するリボ核蛋白質粒子 (リボソーム)を構成する RNA 成分。
	任意の qualifier	allele
		function
		gene
		gene_synonym
		map
		note
		operon
		product
		pseudo
		pseudogene
		standard_name
	コメント	qualifier 「product」を用いて rRNA の大きさに関する注釈を付すべきで
		ある。
5. 35.	feature key	S_region 名庫がロブリンの季燃のスプルで短く、同じり畑町から用かて名庫がロブ
	定義	免疫グロブリンの重鎖のスイッチ領域;同じB細胞から異なる免疫グロブ
	<b>万立の 1:0:</b>	リンクラスを発現させる重鎖 DNA の再編成に関与する。
	任意の qualifier	allele
		gene
		gene_synonym
		map
		note
		product
		pseudo
		pseudogene
		standard_name

	生物の分類	真核生物
5. 36.	feature key 定義	sig_peptide シグナルペプチドのコード配列;分泌蛋白質のN末端ドメインのコード配列;このドメインは、新生ポリペプチドを膜のリーダー配列に付着させることに関与する。
	任意の qualifier	allele function gene
		gene_synonym map note
		product pseudo pseudogene
		standard_name
5. 37.	feature key 定義	source この key は必須;すべての配列は、 配列全体を網羅する単一のソース (source) key を有する。
	必須の qualifier	(Source) key を有りる。 organism mol_type
	任意の qualifier	<pre>cell_line cell_type chromosome</pre>
		<pre>clone clone_lib collected_by</pre>
		collection_date cultivar
		dev_stage ecotype environmental_sample
		germline haplogroup
		haplotype host
		identified_by isolate isolation_source
		lab_host lat_lon
		<pre>macronuclear map mating_type</pre>
		note organelle
		PCR_primers plasmid
		pop_variant proviral rearranged
		segment serotype
		serovar sex
		strain sub_clone sub_species

		sub_strain
		tissue_lib
		tissue_type
		variety
	分子の分類	すべて
5. 38.	feature key	stem_loop
	定義	ヘアピン構造 ; RNA または DNA の一本鎖の中で、隣接する(逆)相補的な
		配列同士が塩基対合して形成された二重螺旋状の領域。
	任意の qualifier	allele
		function
		gene
		gene_synonym
		map
		note
		operon
		standard_name
5. 39.	feature key	STS
	定義	配列タグ部;ゲノム状のマッピングランドマークを特徴づける短い、単-
		コピーの DNA 配列で、PCR によって検出される;一連の配列タグ部 (STS) $\varrho$
		順序を決定することでゲノムの一領域をマッピングできる。
	任意の qualifier	allele
		gene
		gene_synonym
		map
		note
	\(\ \neq \operatorname{\pi} \cdot \neq \operatorname{\pi} \operatorna	standard_name
	分子の分類	DNA
	コメント	key「primer_bind」または複数のプライマーに一つまたは複数のプライマー を含めるための配列タグ部(STS)の存在位置。
5. 40.	feature key	telomere
	定義	テロメアとして特定され、実験的に特徴づけられた生物学的な関心領域。
	任意の qualifier	note
		rpt_type
		rpt_unit_range
		rpt_unit_seq
		standard_name
	1 \ 1	
	コメント	feature「telomere」は、真核生物の直線状の染色体の末端にある特定の権
	コメント	造に対応する DNA の区間のことで、末端の完全性と維持に必要とされる;
	コメント	造に対応する DNA の区間のことで、末端の完全性と維持に必要とされる; この領域は、他の染色体と比べて特異であり、染色体の物理的な末端を示
		造に対応する DNA の区間のことで、末端の完全性と維持に必要とされる; この領域は、他の染色体と比べて特異であり、染色体の物理的な末端を示 している。
5. 41.	feature key	造に対応する DNA の区間のことで、末端の完全性と維持に必要とされる; この領域は、他の染色体と比べて特異であり、染色体の物理的な末端を示している。 tmRNA
5. 41.		造に対応する DNA の区間のことで、末端の完全性と維持に必要とされる; この領域は、他の染色体と比べて特異であり、染色体の物理的な末端を示 している。 tmRNA 転移伝令 RNA (tmRNA); tmRNA は、まず tRNA として働き、次にペプチドタ
5. 41.	feature key	造に対応する DNA の区間のことで、末端の完全性と維持に必要とされる; この領域は、他の染色体と比べて特異であり、染色体の物理的な末端を示 している。 tmRNA 転移伝令 RNA (tmRNA); tmRNA は、まず tRNA として働き、次にペプチドタ グをコードする mRNA として働く; リボソームが tmRNA の mRNA 領域を翻詞
5. 41.	feature key	造に対応する DNA の区間のことで、末端の完全性と維持に必要とされる; この領域は、他の染色体と比べて特異であり、染色体の物理的な末端を示 している。 tmRNA 転移伝令 RNA (tmRNA); tmRNA は、まず tRNA として働き、次にペプチドタ グをコードする mRNA として働く; リボソームが tmRNA の mRNA 領域を翻記 し、コードされたペプチドタグを未成熟蛋白質の C 末端に結合することで
5. 41.	feature key 定義	造に対応する DNA の区間のことで、末端の完全性と維持に必要とされる; この領域は、他の染色体と比べて特異であり、染色体の物理的な末端を示 している。 tmRNA 転移伝令 RNA (tmRNA); tmRNA は、まず tRNA として働き、次にペプチドタ グをコードする mRNA として働く; リボソームが tmRNA の mRNA 領域を翻記 し、コードされたペプチドタグを未成熟蛋白質の C 末端に結合することで このタグが蛋白質の破壊や蛋白質分解の標的となる。
5. 41.	feature key	造に対応する DNA の区間のことで、末端の完全性と維持に必要とされる; この領域は、他の染色体と比べて特異であり、染色体の物理的な末端を示 している。 tmRNA 転移伝令 RNA (tmRNA); tmRNA は、まず tRNA として働き、次にペプチドタ グをコードする mRNA として働く; リボソームが tmRNA の mRNA 領域を翻記 し、コードされたペプチドタグを未成熟蛋白質の C 末端に結合することで このタグが蛋白質の破壊や蛋白質分解の標的となる。 allele
5. 41.	feature key 定義	造に対応する DNA の区間のことで、末端の完全性と維持に必要とされる; この領域は、他の染色体と比べて特異であり、染色体の物理的な末端を示 している。 tmRNA 転移伝令 RNA (tmRNA); tmRNA は、まず tRNA として働き、次にペプチドタ グをコードする mRNA として働く; リボソームが tmRNA の mRNA 領域を翻診 し、コードされたペプチドタグを未成熟蛋白質の C 末端に結合することで このタグが蛋白質の破壊や蛋白質分解の標的となる。 allele function
5. 41.	feature key 定義	造に対応する DNA の区間のことで、末端の完全性と維持に必要とされる; この領域は、他の染色体と比べて特異であり、染色体の物理的な末端を示 している。 tmRNA 転移伝令 RNA (tmRNA); tmRNA は、まず tRNA として働き、次にペプチドタ グをコードする mRNA として働く; リボソームが tmRNA の mRNA 領域を翻記 し、コードされたペプチドタグを未成熟蛋白質の C 末端に結合することで このタグが蛋白質の破壊や蛋白質分解の標的となる。 allele function gene
5. 41.	feature key 定義	造に対応する DNA の区間のことで、末端の完全性と維持に必要とされる; この領域は、他の染色体と比べて特異であり、染色体の物理的な末端を示 している。 tmRNA 転移伝令 RNA (tmRNA); tmRNA は、まず tRNA として働き、次にペプチドタ グをコードする mRNA として働く;リボソームが tmRNA の mRNA 領域を翻記 し、コードされたペプチドタグを未成熟蛋白質の C 末端に結合することで このタグが蛋白質の破壊や蛋白質分解の標的となる。 allele function gene gene_synonym
5. 41.	feature key 定義	造に対応する DNA の区間のことで、末端の完全性と維持に必要とされる;この領域は、他の染色体と比べて特異であり、染色体の物理的な末端を対している。  tmRNA  転移伝令 RNA (tmRNA); tmRNA は、まず tRNA として働き、次にペプチドタグをコードする mRNA として働く; リボソームが tmRNA の mRNA 領域を翻記し、コードされたペプチドタグを未成熟蛋白質の C 末端に結合することでこのタグが蛋白質の破壊や蛋白質分解の標的となる。 allele function gene gene_synonym map
5. 41.	feature key 定義	造に対応するDNAの区間のことで、末端の完全性と維持に必要とされるここの領域は、他の染色体と比べて特異であり、染色体の物理的な末端を見している。  tmRNA  転移伝令RNA(tmRNA); tmRNAは、まず tRNAとして働き、次にペプチドタグをコードするmRNAとして働く; リボソームが tmRNAのmRNA領域を翻記し、コードされたペプチドタグを未成熟蛋白質のC末端に結合することでこのタグが蛋白質の破壊や蛋白質分解の標的となる。 allele function gene gene_synonym map note
5. 41.	feature key 定義	造に対応するDNAの区間のことで、末端の完全性と維持に必要とされる; この領域は、他の染色体と比べて特異であり、染色体の物理的な末端を示 している。 tmRNA 転移伝令 RNA (tmRNA); tmRNA は、まず tRNA として働き、次にペプチドタ グをコードする mRNA として働く; リボソームが tmRNA の mRNA 領域を翻記 し、コードされたペプチドタグを未成熟蛋白質の C 末端に結合することで このタグが蛋白質の破壊や蛋白質分解の標的となる。 allele function gene gene_synonym map note product
5. 41.	feature key 定義	造に対応する DNA の区間のことで、末端の完全性と維持に必要とされる;この領域は、他の染色体と比べて特異であり、染色体の物理的な末端を対している。  tmRNA  転移伝令 RNA (tmRNA); tmRNA は、まず tRNA として働き、次にペプチドタグをコードする mRNA として働く; リボソームが tmRNA の mRNA 領域を翻記し、コードされたペプチドタグを未成熟蛋白質の C 末端に結合することでこのタグが蛋白質の破壊や蛋白質分解の標的となる。 allele function gene gene_synonym map note product pseudo
5. 41.	feature key 定義	造に対応する DNA の区間のことで、末端の完全性と維持に必要とされる;この領域は、他の染色体と比べて特異であり、染色体の物理的な末端を見している。  tmRNA  転移伝令 RNA (tmRNA); tmRNA は、まず tRNA として働き、次にペプチドタグをコードする mRNA として働く; リボソームが tmRNA の mRNA 領域を翻記し、コードされたペプチドタグを未成熟蛋白質の C 末端に結合することでこのタグが蛋白質の破壊や蛋白質分解の標的となる。 allele function gene gene_synonym map note product pseudo pseudogene
5. 41.	feature key 定義	造に対応する DNA の区間のことで、末端の完全性と維持に必要とされる;この領域は、他の染色体と比べて特異であり、染色体の物理的な末端を対している。  tmRNA  転移伝令 RNA (tmRNA); tmRNA は、まず tRNA として働き、次にペプチドタグをコードする mRNA として働く; リボソームが tmRNA の mRNA 領域を翻記し、コードされたペプチドタグを未成熟蛋白質の C 末端に結合することでこのタグが蛋白質の破壊や蛋白質分解の標的となる。 allele function gene gene_synonym map note product pseudo

	定義	ペプチドのコード配列:核にコードされたオルガネラ蛋白質のN末端のト
		メインのコード配列;このドメインは、オルガネラへの蛋白質の翻訳後移
		入に関与する
	任意の qualifier	allele
		function
		gene
		gene_synonym
		map
		note
		product
		pseudo
		pseudogene
		standard_name
5. 43.	feature key	tRNA
0. 10.	定義	成熟した tRNA:核酸配列からアミノ酸配列への翻訳を媒介する低分子 RNA
	/C-4%	(長さ75~85 塩基)。
	任意の qualifier	allele
	上版 *> qualifier	circular_RNA
		anticodon
		function
		gene
		gene_synonym
		map
		note
		<u>operon</u>
		product
		pseudo
		pseudogene
		standard_name
		trans_splicing
5. 44.	feature key	unsure
	定義	配列された塩基のうち、通常10個以下の長さの小さな領域で、明確に特別でなり、100円ではは、100円では、100円
		できないもの。このような領域には、呼び出された塩基 (a、t、g、c) や
		呼び出された塩基と呼び出されていない塩基(「n」)が混在していることだ
		ある。
	任意の qualifier	allele
		compare
		gene
		gene_synonym
		map
		note
		replace
	コメント	欠失、挿入または置換に関する情報を記載する場合は、qualifier「replace
		を用いて注釈を付す。
5. 45.	feature key	V_region
	定義	免疫グロブリンの軽鎖、重鎖、T 細胞受容体のα、β、γ鎖の可変領域で
		可変アミノ末端部分をコードし、V_segments、D_segments、N_region、
		J_segmentsで構成されることが可能。
	任意の qualifier	allele
	177/EV -> Againment	gene
		_
		GANA SYNANYM
		gene_synonym
		map
		map note
		map note product
		map note product pseudo
		map note product

	生物の分類	真核生物
5.46.	feature key	V_segment
	定義	免疫グロブリンの軽鎖、重鎖、 $T$ 細胞受容体の $\alpha$ 鎖、 $\beta$ 鎖、 $\gamma$ 鎖の可変セ
		グメントで、可変領域(V_region)の大部分とリーダーペプチドの末端の
		数個のアミノ酸をコードする。
	任意の qualifier	allele
		gene
		gene_synonym
		map
		note
		product
		pseudo
		pseudogene
		standard_name
	生物の分類	
5. 47.	feature key	variation
0. 11.	定義	近親株に、同じ遺伝子からの不可逆の突然変異体(制限酵素セグメント長
	/L-1%	多型(RFLP)、多型など)があり、この存在位置(および他の存在位置)で
		提示された配列と異なる場合。
	任意の qualifier	近れられたに比列と英なる勿日。 allele
	正息の qualifier	
		compare
		frequency
		gene
		gene_synonym
		map
		note
		phenotype
		product
		replace
		standard_name
	コメント	対立遺伝子(アレル)、制限酵素セグメント長多型(RFLP)、および他の自然
		発生の突然変異体および多型について記載するために用いる。欠失、挿入、
		置換を示す注釈を付すためには qualifier「replace」を用いる;遺伝子操
		作(例.部位具体的変異誘発(SDM)) の結果生じる変異性は、feature key
		「misc_difference」を用いて記載しなければならない。
5. 48.	feature key	3' UTR
	定義	1) 蛋白質に翻訳されない成熟した転写物の3'末端(終止コドンの後)の
		領域。
		2) RNA ウイルスの 3' 末端の領域 (最後の終止コドンの後) で、蛋白質に翻
		訳されない領域。
	任意の qualifier	allele
	L.M. V qualifier	function
		gene
		gene_synonym
		map
		note
		standard_name
		trans_splicing
	コメント	アポストロフィー文字(「'」)は、XML 形式の文書では特別の意味があり、
		要素の値として記載する際は「'」で置き換えなければならない。し
		たがって、「3'非翻訳領域」は XML ファイルでは「3'UTR」、つまり
		<insdfeature_key>3'UTR</insdfeature_key> と記載しなければなら
		ない。
		_ •
5. 49.	feature key	5' UTR 1) ねいぱね所に称記されない母弟志写吝物の 5' 士榲(明仏っじいの益)
5. 49.	feature key 定義	5'UTR 1) タンパク質に翻訳されない成熟転写産物の 5'末端(開始コドンの前)の領域。

	2) タンパク質に翻訳されない RNA ウイルスの 5'末端の領域(第1開始コドンの 前)。
任意の qualifier	allele
	function
	gene
	gene_synonym
	map
	note
	standard_name
	trans_splicing
コメント	アポストロフィー文字(「'」)は、XML 形式の文書では特別の意味があり、
	要素の値として記載する際は「'」と置き換えなければならない。し
	たがって、「5'非翻訳領域」は XML ファイルでは「5'UTR」、つまり
	<insdfeature_key>5'UTR</insdfeature_key> と記載しなければなら
	ない。

第6節:塩基配列の qualifiers

本節では、塩基配列の feature に使用される qualifier のリストを掲載している。 qualifier はアルファベット順に並んでいる。

値の形式が「none」の場合、要素「INSDQualifier\_value」は使用してはならず、要素 NonEnglishQualifier\_value も使用してはならない。

値のフォーマットが言語に依存するフリーテキストの場合、以下のいずれかを使用しなければならない。

- 1) 要素 INSDQualifier\_value、
- 2) 要素 NonEnglishQualifier\_value、または
- 3) 要素 INSDQualifier\_value と要素 NonEnglishQualifier\_value の両方。

値のフォーマットが「none」以外で、言語依存のフリーテキストとして識別されない場合、要素 INSDQualifier\_value を使用しなければならず、要素 NonEnglishQualifier\_value は使用してはならない。

注意:言語に依存するフリーテキスト値形式を有する qualifier に対して提供される qualifier 値は、 国際的、国内的または広域的な手続きのために翻訳が必要になる場合がある。次の表に示す qualifier は、言語に依存したフリーテキストの値を持つとみなされる。

表 5: 言語に依存するフリーテキスト値を持つ塩基配列の qualifier のリスト

6. 3	bound_moiety
6. 5	cell_type
6.8	clone
6. 9	clone_lib
6. 11	collected_by
6. 14	cultivar
6. 15	dev_stage
6. 18	ecotype
6. 21	frequency
6. 22	function
6. 24	gene_synonym
6. 26	haplogroup
6. 28	host
6. 29	identified_by
6. 30	isolate
6. 31	isolation_source
6. 32	lab_host
6. 36	mating_type
6. 41	note
6. 45	organism
6. 47	phenotype
6. 49	pop_variant
6. 50	product
6.66	serotype
6. 67	serovar
6. 68	sex
6. 69	standard_name
6. 70	strain
6. 71	sub_clone
6. 72	sub_species
6. 73	sub_strain
6. 75	tissue_lib
6. 76	tissue_type
6. 81	variety

6.1. qualifier allele

定義 特定の遺伝子の対立遺伝子に付した名称

値の形式 フリーテキスト

例 〈INSDQualifier\_value〉adh1-1〈/INSDQualifier\_value〉

コメント ある遺伝子に存在する、遺伝子関連の feature (エクソン、コード領域等) にはすべて、同じ qualifier 「allele」の qualifier 値を用いるべきである; qualifier 「allele」の qualifier 値

qualifier failele」の qualifier 値を用いるへきである; qualifier failele」の qualifier 値は、定義上 qualifier 「gene」の qualifier の値と同じであってはならない; feature key 「variation」と共に用いられる場合、qualifier 「allele」の qualifier 値は、その変異体の値

であるべきである。

6.2. qualifier anticodon

定義 tRNA のアンチコドンの位置とそれがコードするアミノ酸の位置

値の形式 pos:<location>,aa:<amino\_acid>,seq:<text>

<location>は、アンチコドンの位置

〈amino\_acid〉は、tRNA がコードするアミノ酸の3文字の略語

〈text〉は、アンチコドンの配列

例 <INSDQualifier\_value>(pos:34..36, aa:Phe, seq:aaa)</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>(pos:join(5,495..496), aa:Leu, seq:taa)</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>(pos:complement(4156..4158), aa:Glu, seq:ttg)/INSDQualifier\_value>

6.3. qualifier bound\_moiety

定義 特定の feature と結合する可能性のある分子/複合体の名称

値の形式 フリーテキスト

言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。

例 <INSDQualifier\_value>GAL4</INSDQualifier\_value>

コメント 「misc\_binding」、「oriT」、「protein\_bind」の各 feature には、1 つの qualifier 「bound\_moiety」

の使用が可能。

6.4. qualifier cell\_line

定義 配列が得られた細胞株

値の形式 フリーテキスト

形式

例 INSDQualifier\_value>MCF7</INSDQualifier\_value>

6.5. qualifier cell\_type

定義 配列が得られた細胞の種類

値の形式 フリーテキスト

言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。

例 〈INSDQualifier\_value〉leukocyte〈/INSDQualifier\_value〉

6.6. qualifier chromosome

定義 配列が得られた染色体(例. 染色体番号)

値の形式 フリーテキスト

例 <INSDQualifier\_value>1</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>X</INSDQualifier\_value>

6.7 qualifier circular\_RNA

定義 例えば、遺伝子の下流のエクソンが RNA 産物の上流のエクソンの 5'に位置している場合など、こ

のスプライスされた RNA 産物がバックスプライシングによって生じた環状 RNA (circular RNA)

であるため、エクソンの順番がずれていたり、重なっていたりすることを示している。

値の形式 なし

コメント CDS、mRNA、tRNA など、バックスプライシングの結果として生成される feature に使用する必要

がある。この qualifier は、スプライスイベントが 演算子「join」で示されている場合にのみ使

用する必要がある(例:join(complement(69611..69724),139856..140087)

6.8. qualifier clone および

定義 配列が得られたクローン

値の形式 フリーテキスト

言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続 key のために翻訳が必要な場合がある。

例 <INSDQualifier\_value>lambda-hIL7.3</INSDQualifier\_value>

コメント ソース(source) feature には、複数の qualifier「clone」を用いてはならない;複数のクローン

から得られた配列の場合は、feature key「misc\_feature」およびその qualifier「note」を用い

て feature table に記載しても良い。

6.9. qualifier clone\_lib

定義 配列が得られたクローンライブラリ

値の形式 フリーテキスト

言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。

例 <INSDQualifier\_value>lambda-hIL7</INSDQualifier\_value>

6.10. qualifier codon\_start

定義 その feature の最初の塩基から、コーディングされた feature の最初の完全なコドンが確認でき

る相対的な位置を示している。

値の形式 1または2または3

例 <INSDQualifier\_value>2</INSDQualifier\_value>

6.11. qualifier collected\_by

定義標本個体を採取した人の名前や機関の名称

値の形式 フリーテキスト

言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。

6.12. qualifier collection\_date

定義標本個体が採取された日付

値の形式 YYYY-MM-DD、YYYY-MM または、YYYY のみ

例 〈INSDQualifier\_value〉1952-10-21〈/INSDQualifier\_value〉

<INSDQualifier\_value>1952-10</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>1952</INSDQualifier\_value>

コメント 「YYYY」は暦年を表す4桁の数字、「MM」は暦月を表す2桁の数字、「DD」はある暦月の暦日を示

す2桁の数字

6.13. qualifier compare

定義 比較対象となる、公開されている国際塩基配列データベースの参照情報

値の形式 [accession-number.sequence-version]

例 <INSDQualifier\_value>AJ634337.1</INSDQualifier\_value>

コメント この qualifier は、「misc\_difference」「unsure」および「variation」の各 feature で使用して

も良い。1 つの feature に、内容の異なる複数の qualifier「compare」の使用が許されている。 この qualifier は、一塩基多型(SNP)のような大規模な変異体に注釈を付すことを想定していな

い。

6.14. qualifier cultivar

定義配列が得られた植物の栽培品種

値の形式 フリーテキスト

言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。

例 <INSDQualifier\_value>Nipponbare</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>Tenuifolius</INSDQualifier\_value>
<INSDQualifier\_value>Candy Cane</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>IR36</INSDQualifier\_value>

コメント qualifier「cultivar」は、人為的に選択された産物のみに適用される;自然の、名前の付いた植

物や真菌類には qualifier「variety」を用いる。

6.15. qualifier dev\_stage

定義 配列が特定の発達段階にある生物から得られたものであれば、この qualifier で指定される。

値の形式 フリーテキスト

言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。

例 <INSDQualifier\_value>fourth instar larva</INSDQualifier\_value>

6.16. qualifier direction

定義 DNA 複製の方向

値の形式 left、right または both

left とは(配列上で示されている)5'末端側の方向を示し、right とは3'末端側の方向を示して

いる。

例 <INSDQualifier value>left</INSDQualifier value>

コメント feature key 「rep\_origin」 に qualifier 「direction」を使用した場合、left、right、both の値 が許容される。ただし、feature key 「oriT」 に qualifier 「direction」を使用した場合は、left

および right の値のみが許可される。

rep\_origin 機能のキーに direction qualifier を使用した場合、left、right、both の値が許容

される。

6.17. qualifier EC\_number

定義 配列の酵素生成物の酵素コミッション番号

値の形式 フリーテキスト

例 <INSDQualifier\_value>1.1.2.4</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>1.1.2.-</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>1. 1. 2. n</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>1.1.2.n1//INSDQualifier\_value>

コメント 国際生化学分子生物学連合の命名法委員会(NC-IUBMB)が作成したリスト中で定義されている酵素

委員会番号(CE 番号)の有効値(1992年発表の酵素命名法勧告、アカデミックプレス、サンディエゴまたは、最新改訂版に掲載)。酵素委員会番号はピリオドで区切られた4つ数字の文字列を表し、文字列の最後から3つまでの数字は、割り当て不確かであることを示すためにダッシュ「-」で置き換えることができる。「n」を含む記号(例:「n」、「n1」など)は、EC番号が割り当て待ちである場合に、数字の代わりに最後の位置に使用することができる。このような不完全なEC番号は

NC-IUBMB では承認されないため注意を要する。

6.18. qualifier ecotype

定義 遺伝学的に生育環境への適応を反映した表現型特性を示す種内集団

値の形式 フリーテキスト

言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。

例 <INSDQualifier\_value>Columbia</INSDQualifier\_value>

コメント このような集団の例としては、特に日当たりの良い生息環境に対応して、通常の葉よりも毛状突

起が多い葉を有する様になった集団が挙げられる。「生態型」(ecotype)は、シロイヌナズナの標

準的な遺伝子株に用いられることが多いが、あらゆる無菌生物に適用することができる。

6.19. qualifier environmental\_sample

定義 大量の環境中の DNA サンプルから直接分子的に分離して得られた配列(ポリメラーゼ連鎖反応

(PCR) とそれに続く産物のクローニング、変性剤濃度勾配ゲル電気泳動法 (DGGE) または他の汎用手法による)で、その由来生物を確実に特定できないものを指す。環境サンプルには、臨床検体および腸管内容物、および、特定の宿主に関連する可能性のある無名の生物からの他の配列が含まれる。これらには、特定の宿主から確実に回収できる内共生体、容易に識別できるが培養されていない野外サンプルからの生物 (例. 多くのシアノバクテリア)、病害が認められる植物から確実に回収できるファイトプラズマ (純粋培養は不可能であるが) は含まれない。

値の形式 なし

コメント feature key「source」と共にのみ用いられる; qualifier「environmental\_sample」を用いる feature key「source」には、qualifier「isolation\_source」も用いる必要があり、qualifier

「environmental\_sample」を用いる feature「source」には qualifier「strain」を用いてはなら

ない。

6.20. qualifier exception

定義標準的な生物学の法則を用いて翻訳できないコード領域であることを示している。

値の形式 以下の統制語彙を用いたフレーズの1つを使用する。

RNA editing (ゲノム編集)

rearrangement required for product (転写産物が求める再編成)

annotated by transcript or proteomic data (転写データまたはプロテオミクスに関するデー

タを用いた詳細情報の記載)

例 <INSDQualifier\_value>RNA editing</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>rearrangement required for product</INSDQualifier\_value>

コメント RNA 演習等の生物学的メカニズムを説明するためのみに用いられる; qualifier「exception」を 用いた CDS の蛋白質翻訳は、対応する概念的な翻訳とは異なる; qualifier「transl\_except」を 用いるのが適切である場合(例. 翻訳が終止コドンで完了する場合)、この qualifier を用いては

ならない。

6.21. qualifier Frequency

定義 feature の発生頻度

値の形式 feature を有する個体群の比率を割合で記載するフリーテキスト

言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。

<INSDQualifier\_value>1 in 12</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>0.85</INSDQualifier\_value>

6.22. qualifier function

定義 配列に起因する機能 値の形式 フリーテキスト

言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。

例 <INSDQualifier\_value>essential for recognition of cofactor </INSDQualifier\_value>

コメント function qualifier は、遺伝子名や製品名では配列に起因する機能を伝えられない場合に使用さ

れる。

6.23. qualifier gene

定義配列領域に対応する遺伝子記号

値の形式 フリーテキスト

例 <INSDQualifier\_value>ilvE</INSDQualifier\_v

コメント qualifier「gene」は遺伝子記号を記載するために用いる;完全な遺伝子名を記載するには

qualifier「standard\_name」を用いる。

6.24. qualifier gene\_synonym

定義 同義的な、置換された、廃止された、または以前の遺伝子記号

値の形式 フリーテキスト

言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。

例 <INSDQualifier\_value>Hox-3.3</INSDQualifier\_value>

(qualifier 「gene」の qualifier 値が「Hoxc6」である feature。)

コメント 遺伝子記号の動議とを示すのに役立つ場合に使用される; qualifier 「gene\_synonym」を用いる場

合、主要な遺伝子記号は必ず qualifier「gene」で記載しなければならない。

6.25. qualifier germline

定義 適応免疫反応の一部として体細胞の再編成を受けていない配列;親の生殖細胞から受け継いだ再

編成されていない配列である。

値の形式 なし

コメント qualifier  $\lceil \text{germline} \rceil$ 、配列の由来が配偶子または生殖細胞であるとの情報を記載するために用

いてはならない; qualifier「germline」および qualifier「rearranged」は同じ source feature 内で使用為てはならない; qualifier「germline」と qualifier「rearranged」は、適応免疫反応の一部として体細胞の再編成を受ける可能性のある分子にのみ使用しなければならない; これらは、顎のある脊椎動物の t-細胞受容体(TCR)と免疫グロブリン遺伝子座、および顎のない魚(ヤツメウナギやメクラウナギ)の無関係な可変リンパ球受容体(VLR)遺伝子座である; qualifier

「germline」と qualifier「rearranged」は、有頭動物(系統分類 ID = 89593)以外で使用するべ

		きではない。
6. 26.	qualifier 定義	haplogroup 配列多型を共有する類似したハプロタイプのグループ名称。ハプログループは、個体群移動の追
	値の形式	跡によく用いられる。 フリーテキスト ラボなた。このはは、同僚なく同点なくにはなりてはたのなりに関われて来た思くださる。
	例	言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。 <insdqualifier_value>H*</insdqualifier_value>
6. 27.	qualifier	haplotype
0.21.	定義	同一の物理的染色体上で連鎖する対立遺伝子の組み合わせの名称。組換えがない場合、各ハプロタイプは1つの単位として遺伝するため、集団における遺伝子流動を追跡するのに利用されても良い。
	値の形式	フリーテキスト
	例	<pre><insdqualifier_value>Dw3 B5 Cw1 A1</insdqualifier_value></pre>
6. 28.	qualifier	host
	定義 値の形式	配列された分子が得られた生物の自然界(実験室ではなく)における宿主 フリーテキスト
	例	言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。 <insdqualifier_value>Homo sapiens</insdqualifier_value>
		<pre><insdqualifier_value>Homo sapiens 12 year old girl</insdqualifier_value></pre>
		<pre><insdqualifier_value>Rhizobium NGR234</insdqualifier_value></pre>
6. 29.	qualifier 定義	identified_by
	ル我 値の形式	標本個体の分類学的な同定を行った専門家の名前 フリーテキスト
	IE 17/1/24	言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。
	例	<pre><insdqualifier_value>John Burns</insdqualifier_value></pre>
6. 30.	qualifier 定義	isolate 配列が得られた個々の分離
	定報 値の形式	フリーテキスト
	例	言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。 <insdqualifier_value>Patient #152</insdqualifier_value>
	ν,	<pre><insdqualifier_value>DGGE band PSBAC-13</insdqualifier_value></pre>
6. 31.	qualifier	isolation_source
	定義 値の形式	配列が得られた生物学的サンプルの物理的、環境的および/あるいは地理学的由来を記述する。 フリーテキスト
	例	言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。 <insdqualifier_value>rumen isolates from standard Pelleted ration-fed steer</insdqualifier_value>
	ν,	#67
		<pre><insdqualifier_value>permanent Antarctic sea ice</insdqualifier_value></pre>
		<pre><insdqualifier_value>denitrifying activated sludge from carbon_limited continuous</insdqualifier_value></pre>
	コメント	reactor feature key「source」でのみ使用する;qualifier「environmental_sample」を用いる feature key
		「source」は、qualifier「isolation_source」も用いるべきである。
6. 32.	qualifier	lab_host
	定義 値の形式	配列された分子が得られた由来生物を増殖させるために実験室で使われた宿主の学名。 フリーテキスト
	IE - /IV = V	言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。
	例	<insdqualifier_value>Gallus gallus</insdqualifier_value>
		<pre><insdqualifier_value>Gallus gallus embryo</insdqualifier_value></pre>
		/INCDO 1:0: 1 \P 1 :1: 1: : DUE 11 //INCDO 1:0: 1 \
		<pre><insdqualifier_value>Escherichia coli strain DH5 alpha</insdqualifier_value> <insdqualifier_value>Homo sapiens HeLa cells</insdqualifier_value></pre>

factor			加情報を記載しても良い。
(INSDQualifier_value>47.94 N 28.12 W/INSDQualifier_value> (INSDQualifier_value>45.0123 S 4.1234 E/INSDQualifier_value> (INSDQualifier_value>45.0123 S 4.1234 E/INSDQualifier_value> (INSDQualifier_value>45.0123 S 4.1234 E/INSDQualifier_value> (INSDQualifier_value>45.0123 S 4.1234 E/INSDQualifier_value>	6. 33.	qualifier	
(A)		定義	標本個体が採取された場所の地理的座標
(INSDQualifier_value)45,0123 S 4,1234 E〈INSDQualifier_value〉		値の形式	フリーテキスト - 経緯度の座標の雛形は「d[d.dddd] N S d[dd.dddd] W E」
(INSDQualifier_value)45,0123 S 4,1234 E〈INSDQualifier_value〉			
6.34. qualifier		例	<pre><insdqualifier_value>47.94 N 28.12 W</insdqualifier_value></pre>
定義 だれている配列が大核 DNA からのものであることを示すために、使用する。 合、その配列が大核 DNA からのものであることを示すために、使用する。 なし qualifier map 定義 ゲノムマップ上の feature の位置 他の形式 フリーテキスト 例 《INSDQualifier_value〉8q12-q13《INSDQualifier_value〉 6.36. qualifier mating_type 定義 配列が得られた生物の交配タイプ;交配タイプは、原核生物および、雌雄同体の配偶子を料に減数分裂を行う真核生物に使用される。 フリーテキスト 言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。《INSDQualifier_value〉1/INSDQualifier_value〉 《INSDQualifier_value〉1/INSDQualifier_value〉 《INSDQualifier_value〉4/INSDQualifier_value〉 《INSDQualifier_value〉6/INSDQualifier_value〉 《INSDQualifier_value〉6/INSDQualifier_value〉 《INSDQualifier_value〉6/INSDQualifier_value〉 《INSDQualifier_value〉6/INSDQualifier_value〉 《INSDQualifier_value〉6/INSDQualifier_value〉 《INSDQualifier_value〉6/INSDQualifier_value〉 《INSDQualifier_value〉6/INSDQualifier_value〉 《INSDQualifier_for_for_for_for_for_for_for_for_for_fo			<pre><insdqualifier_value>45.0123 S 4.1234 E</insdqualifier_value></pre>
定義 だれている配列が大核 DNA からのものであることを示すために、使用する。 合、その配列が大核 DNA からのものであることを示すために、使用する。 なし qualifier map 定義 ゲノムマップ上の feature の位置 他の形式 フリーテキスト 例 《INSDQualifier_value〉8q12-q13《INSDQualifier_value〉 6.36. qualifier mating_type 定義 配列が得られた生物の交配タイプ;交配タイプは、原核生物および、雌雄同体の配偶子を料に減数分裂を行う真核生物に使用される。 フリーテキスト 言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。《INSDQualifier_value〉1/INSDQualifier_value〉 《INSDQualifier_value〉1/INSDQualifier_value〉 《INSDQualifier_value〉4/INSDQualifier_value〉 《INSDQualifier_value〉6/INSDQualifier_value〉 《INSDQualifier_value〉6/INSDQualifier_value〉 《INSDQualifier_value〉6/INSDQualifier_value〉 《INSDQualifier_value〉6/INSDQualifier_value〉 《INSDQualifier_value〉6/INSDQualifier_value〉 《INSDQualifier_value〉6/INSDQualifier_value〉 《INSDQualifier_value〉6/INSDQualifier_value〉 《INSDQualifier_for_for_for_for_for_for_for_for_for_fo		2	
会、その配列が大枝 DNA からのものであることを示すために、使用する。	6. 34.		
値の形式 なし		<b>正</b> 莪	
Reference		値の形式	
定義 ゲノムマップ上の feature の位置 個の形式 フリーテキスト 例 (INSDQualifier_value)8q12-q13〈INSDQualifier_value〉  6.36. qualifier 定義 配列が得られた生物の交配タイプ;交配タイプは、原核生物および、雌雄同体の配偶子を担て減数分裂を行う真核生物に使用される。	6 35		
(A) で	0.00		•
例			
(6.36. qualifier			
定義 配列が得られた生物の交配タイプ;交配タイプは、原核生物および、雌雄同体の配偶子を指に減数分裂を行う真核生物に使用される。 値の形式 フリーテキスト 言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。 〈INSDQualifier_value/MAT-1〈INSDQualifier_value〉 〈INSDQualifier_value〉(INSDQualifier_value〉 〈INSDQualifier_value〉(INSDQualifier_value〉 〈INSDQualifier_value〉(INSDQualifier_value〉 〈INSDQualifier_value〉(INSDQualifier_value〉 〈INSDQualifier_value〉veve(/INSDQualifier_value〉 〈INSDQualifier_mating_type) の male と female は原核生物では有効だが、真核細胞では無効で詳細は、qualifier 「sex」のコメントを参照のこと。  6.37. qualifier mobile_element_type 定義 程をはいてで記述された可動因子の識別子のタイプおよび名称 〈mobile_element_type〉には、以下のいずれかを用いる。 transposon retrotransposon integron insertion sequence non-LTR retrotransposons SINE MITE LINE other  〈INSDQualifier_value〉transposon:Tnp9〈INSDQualifier_value〉 如alifier 「mobile_element_type」は、feature key 「mobile_element」にのみ許される。 因子は、現在可動的な因子と、過去に可動的であった因子の両方を表すために使用される。 ある。《mobile_element_type〉の qualifier 値「other」には、〈mobile_element_name〉が必ある。  6.38. qualifier mod_base を飾塩基の略語 を飾塩基の略語 を飾塩基の略語 本附属書の第2節がら、修飾塩基の略語を選択する。 〈INSDQualifier_value〉mod_C/INSDQualifier_value〉 ズINSDQualifier_value〉mod_C/INSDQualifier_value〉 ズINSDQualifier_value〉mod_C/INSDQualifier_value〉 ズINSDQualifier_value〉mod_C/INSDQualifier_value〉 スINSDQualifier_value〉mod_C/INSDQualifier_value〉 スINSDQualifier_value〉mod_C/INSDQualifier_value〉 スINSDQualifier_value〉mod_C/INSDQualifier_value〉 スINSDQualifier_value〉mod_C/INSDQualifier_value〉 スINSDQualifier_value〉mod_C/INSDQualifier_value〉 スINSDQualifier_value〉mod_C/INSDQualifier_value〉 スメント 本附属書の第2節にない特定の修飾塩基は、qualifier 「mod_base」の値として「OTHER」を		Νů	\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\\
値の形式 フリーテキスト 言語依存: この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。 〈INSDQualifier_value〉MAT-1〈INSDQualifier_value〉 〈INSDQualifier_value〉 不附属書の第2節にない特定の修飾塩基は、qualifier 「mod_base」 の値として「OTHER」 〈  **ATMINITION	6. 36.	qualifier	mating_type
値の形式 フリーテキスト 言語体を:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。 〈INSDQualifier_value〉AUTINSDQualifier_value〉 〈INSDQualifier_value〉HUS〈INSDQualifier_value〉 〈INSDQualifier_value〉dod〈INSDQualifier_value〉 〈INSDQualifier_value〉odd〈INSDQualifier_value〉 〈INSDQualifier_value〉odd〈INSDQualifier_value〉 〈INSDQualifier_value〉odd〈INSDQualifier_value〉 〈INSDQualifier_mating_type」のmale と female は原核生物では有効だが、真核細胞では無効で 詳細は、qualifier 「sex」のコメントを参照のこと。  6.37. qualifier mobile_element_type 「のかはしま記である。 《mobile_element_type に、のよりによりは、以下のいずれかを用いる。		- 定義	配列が得られた生物の交配タイプ;交配タイプは、原核生物および、雌雄同体の配偶子を持たず
言語依存:この値は、国際的/国内的/広坡的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。 〈INSDQualifier_value》AINT-I〈INSDQualifier_value〉 〈INSDQualifier_value〉 (INSDQualifier_value〉 〈INSDQualifier_value〉 (INSDQualifier_value〉 〈INSDQualifier_value〉 (INSDQualifier_value〉 〈INSDQualifier_value〉 (INSDQualifier_value) 〈INSDQualifier_value〉 (INSDQualifier_value) 〈INSDQualifier_value〉 (INSDQualifier_value)  □ メント    Qualifier			に減数分裂を行う真核生物に使用される。
(INSDQualifier_value)MAT-I 〈INSDQualifier_value> 〈INSDQualifier_for_for_for_for_for_for_for_for_for_fo		値の形式	フリーテキスト
《INSDQualifier_value》(INSDQualifier_value》 《INSDQualifier_value》(INSDQualifier_value》 《INSDQualifier_value》 (INSDQualifier_value) 《INSDQualifier_value》 (INSDQualifier_value) 《INSDQualifier_value》 (INSDQualifier_value) 《INSDQualifier_value》 (INSDQualifier_value) 如果			
《INSDQualifier_value〉 《INSDQualifier_value〉 《INSDQualifier_value〉odd〈/INSDQualifier_value〉 《INSDQualifier_value〉even〈/INSDQualifier_value〉*  コメント		例	
《INSDQualifier_value〉odd〈/INSDQualifier_value〉*  (INSDQualifier_value〉evenc\(/INSDQualifier_value\)*  qualifier farting_type の male と female は原核生物では有効だが、真核細胞では無効で詳細は、qualifier 「sex」のコメントを参照のこと。  6.37. qualifier mobile_element_type 定義 親 feature で記述された可動因子の識別子のタイプおよび名称 《mobile_element_type〉[:⟨mobile_element_name⟩] 上記⟨mobile_element_type⟩には、以下のいずれかを用いる。     transposon     retrotransposon     integron     insertion sequence     non-LTR retrotransposons:Inp9⟨/INSDQualifier_value⟩     MITE     LINE     other  〈INSDQualifier_walue〉transposon:Tnp9⟨/INSDQualifier_value⟩     aualifier 「mobile_element_type」は、feature key 「mobile_element」にのみ許される。     因子は、現在可動的な因子と、過去に可動的であった因子の両方を表すために使用されるへある。⟨mobile_element_type⟩の qualifier 値「other」には、⟨mobile_element_name⟩が必ある。  6.38. qualifier 定義 修飾塩基の略語     idの形式 本附属書の第2節から、修飾塩基の略語を選択する。 〈INSDQualifier_value〉m5c⟨/INSDQualifier_value⟩			
Substitute			
ロメント   qualifier   mating_type] の male と female は原核生物では有効だが、真核細胞では無効で詳細は、qualifier   sex」のコメントを参照のこと。   6.37.   qualifier   mobile_element_type   親 feature で記述された可動因子の識別子のタイプおよび名称   (mobile_element_type)[:(mobile_element_name)]   上記〈mobile_element_type〉には、以下のいずれかを用いる。			
###は、qualifier「sex」のコメントを参照のこと。  6.37. qualifier mobile_element_type			
6.37. qualifier 定義 規 feature で記述された可動因子の識別子のタイプおよび名称 値の形式 〈mobile_element_type〉[:〈mobile_element_name〉]		コメント	
定義 親 feature で記述された可動因子の識別子のタイプおよび名称 値の形式 〈mobile_element_type〉[:〈mobile_element_name〉] 上記《mobile_element_type〉には、以下のいずれかを用いる。 transposon retrotransposon integron insertion sequence non-LTR retrotransposon SINE MITE LINE other  (INSDQualifier_value〉transposon:Tnp9〈INSDQualifier_value〉 qualifier 「mobile_element_type」は、feature key「mobile_element」にのみ許される。 因子は、現在可動的な因子と、過去に可動的であった因子の両方を表すために使用されるっ ある。〈mobile_element_type〉の qualifier 値「other」には、〈mobile_element_name〉が必ある。  (INSDQualifier_value〉mobile_element_type〉 の			詳細は、qualifier isex」のコメントを参照のこと。
定義 親 feature で記述された可動因子の識別子のタイプおよび名称 値の形式 〈mobile_element_type〉[:〈mobile_element_name〉] 上記《mobile_element_type〉には、以下のいずれかを用いる。 transposon retrotransposon integron insertion sequence non-LTR retrotransposon SINE MITE LINE other  (INSDQualifier_value〉transposon:Tnp9〈INSDQualifier_value〉 qualifier 「mobile_element_type」は、feature key「mobile_element」にのみ許される。 因子は、現在可動的な因子と、過去に可動的であった因子の両方を表すために使用されるっ ある。〈mobile_element_type〉の qualifier 値「other」には、〈mobile_element_name〉が必ある。  (INSDQualifier_value〉mobile_element_type〉 の	6. 37.	qualifier	mobile_element_type
上記 <mobile_element_type>には、以下のいずれかを用いる。 transposon retrotransposon integron insertion sequence non-LTR retrotransposon SINE MITE LINE other (INSDQualifier_value&gt;transposon:Tnp9  qualifier 「mobile_element_type」は、feature key「mobile_element」にのみ許される。 因子は、現在可動的な因子と、過去に可動的であった因子の両方を表すために使用されるへある。〈mobile_element_type&gt;の qualifier 値「other」には、〈mobile_element_name〉が必ある。  6.38. qualifier mod_base 定義 修飾塩基の略語 値の形式 本附属書の第2節から、修飾塩基の略語を選択する。 〈INSDQualifier_value〉 〈INSDQualifier_value〉OTHER〈INSDQualifier_value〉 〈INSDQualifier_value〉OTHER〈INSDQualifier_value〉 本附属書の第2節にない特定の修飾塩基は、qualifier「mod_base」の値として「OTHER」を</mobile_element_type>			
transposon retrotransposon integron insertion sequence non-LTR retrotransposon SINE MITE LINE other  〈INSDQualifier_value>transposon:Tnp9 qualifier 「mobile_element_type」は、feature key 「mobile_element」にのみ許される。 因子は、現在可動的な因子と、過去に可動的であった因子の両方を表すために使用される~ある。〈mobile_element_type〉の qualifier 値「other」には、〈mobile_element_name〉が必ある。  6.38. qualifier mod_base 定義 修飾塩基の略語		値の形式	<pre><mobile_element_type>[:<mobile_element_name>]</mobile_element_name></mobile_element_type></pre>
retrotransposon integron insertion sequence non-LTR retrotransposon SINE MITE LINE other  (INSDQualifier_value>transposon:Tnp9			上記〈mobile_element_type〉には、以下のいずれかを用いる。
integron insertion sequence non-LTR retrotransposon SINE MITE LINE other  例 〈INSDQualifier_value>transposon:Tnp9〈INSDQualifier_value〉 コメント qualifier 「mobile_element_type」は、feature key「mobile_element」にのみ許される。 因子は、現在可動的な因子と、過去に可動的であった因子の両方を表すために使用される〜ある。〈mobile_element_type〉の qualifier 値「other」には、〈mobile_element_name〉が必ある。  6.38. qualifier mod_base を飾塩基の略語 値の形式 本附属書の第2節から、修飾塩基の略語を選択する。 〈INSDQualifier_value〉m5c〈/INSDQualifier_value〉 〈INSDQualifier_value〉m5c〈/INSDQualifier_value〉 〈INSDQualifier_value〉OTHER〈/INSDQualifier_value〉 本附属書の第2節にない特定の修飾塩基は、qualifier 「mod_base」の値として「OTHER」を			transposon
insertion sequence non-LTR retrotransposon SINE MITE LINE other  《INSDQualifier_value>transposon:Tnp9 コメント のはいます。 のは、現在可動的な因子と、過去に可動的であった因子の両方を表すために使用されるである。 のはは、現在可動的な因子と、過去に可動的であった因子の両方を表すために使用されるである。 のはは、現在可動的な因子と、過去に可動的であった因子の両方を表すために使用されるである。 のははは、 のはははは、 のはははは の形式 を修飾塩基の略語 値の形式 本附属書の第2節から、修飾塩基の略語を選択する。 《INSDQualifier_value>m5c 〈INSDQualifier_value>m5c 本附属書の第2節にない特定の修飾塩基は、qualifier「mod_base」の値として「OTHER」を			retrotransposon
non-LTR retrotransposon SINE MITE LINE other  (INSDQualifier_value>transposon:Tnp9  qualifier 「mobile_element_type」は、feature key「mobile_element」にのみ許される。 因子は、現在可動的な因子と、過去に可動的であった因子の両方を表すために使用されるへある。〈mobile_element_type〉の qualifier 値「other」には、〈mobile_element_name〉が必ある。  6.38. qualifier			
SINE MITE LINE other  (INSDQualifier_value>transposon:Tnp9 コメント qualifier「mobile_element_type」は、feature key「mobile_element」にのみ許される。 因子は、現在可動的な因子と、過去に可動的であった因子の両方を表すために使用されるへある。 <mobile_element_type>の qualifier 値「other」には、<mobile_element_name>が必ある。  6.38. qualifier mod_base</mobile_element_name></mobile_element_type>			
MITE LINE other  (INSDQualifier_value>transposon: Tnp9  (INSDQualifier fmobile_element_type] は、feature key fmobile_element」にのみ許される。 因子は、現在可動的な因子と、過去に可動的であった因子の両方を表すために使用されるへある。 <mobile_element_type>の qualifier 値 fother」には、 mobile_element_name&gt;が必ある。  (InspQualifier_value&gt;mod_base を修飾塩基の略語を選択する。 (INSDQualifier_value&gt;mod_base) (INSDQualifier_value&gt;oTHER コメント 本附属書の第2節にない特定の修飾塩基は、qualifier fmod_base」の値として「OTHER」を</mobile_element_type>			
LINE other  (INSDQualifier_value>transposon: Tnp9			
の			
例 〈INSDQualifier_value〉transposon:Tnp9〈INSDQualifier_value〉 ロメント qualifier「mobile_element_type」は、feature key「mobile_element」にのみ許される。 因子は、現在可動的な因子と、過去に可動的であった因子の両方を表すために使用されるへある。〈mobile_element_type〉の qualifier 値「other」には、〈mobile_element_name〉が必ある。  6.38. qualifier mod_base			
コメント qualifier「mobile_element_type」は、feature key「mobile_element」にのみ許される。 因子は、現在可動的な因子と、過去に可動的であった因子の両方を表すために使用されるへ ある。〈mobile_element_type〉の qualifier 値「other」には、〈mobile_element_name〉が必 ある。  6.38. qualifier mod_base 定義 修飾塩基の略語 値の形式 本附属書の第2節から、修飾塩基の略語を選択する。 〈INSDQualifier_value〉m5c〈INSDQualifier_value〉 〈INSDQualifier_value〉OTHER〈INSDQualifier_value〉  本附属書の第2節にない特定の修飾塩基は、qualifier「mod_base」の値として「OTHER」を		IT-I	
因子は、現在可動的な因子と、過去に可動的であった因子の両方を表すために使用されるである。〈mobile_element_type〉の qualifier 値「other」には、〈mobile_element_name〉が必ある。  6.38. qualifier mod_base			
ある。〈mobile_element_type〉の qualifier 値「other」には、〈mobile_element_name〉が必ある。  6.38. qualifier mod_base 定義 修飾塩基の略語 値の形式 本附属書の第2節から、修飾塩基の略語を選択する。例 〈INSDQualifier_value〉m5c〈/INSDQualifier_value〉 〈INSDQualifier_value〉 OTHER〈/INSDQualifier_value〉 本附属書の第2節にない特定の修飾塩基は、qualifier「mod_base」の値として「OTHER」を		コメント	
ある。  6.38. qualifier mod_base 定義 修飾塩基の略語 値の形式 本附属書の第2節から、修飾塩基の略語を選択する。 例 〈INSDQualifier_value〉m5c〈INSDQualifier_value〉 〈INSDQualifier_value〉 → 本附属書の第2節にない特定の修飾塩基は、qualifier 「mod_base」の値として「OTHER」を			
6.38. qualifier mod_base 定義 修飾塩基の略語 値の形式 本附属書の第2節から、修飾塩基の略語を選択する。 例 〈INSDQualifier_value〉m5c〈/INSDQualifier_value〉 〈INSDQualifier_value〉 OTHER〈/INSDQualifier_value〉 本附属書の第2節にない特定の修飾塩基は、qualifier 「mod_base」の値として「OTHER」を			
定義 修飾塩基の略語 値の形式 本附属書の第2節から、修飾塩基の略語を選択する。 例 〈INSDQualifier_value>m5c 〈INSDQualifier_value>OTHER コメント 本附属書の第2節にない特定の修飾塩基は、qualifier「mod_base」の値として「OTHER」を			
値の形式 本附属書の第2節から、修飾塩基の略語を選択する。 例 <insdqualifier_value>m5c</insdqualifier_value> <insdqualifier_value>0THER</insdqualifier_value> コメント 本附属書の第2節にない特定の修飾塩基は、qualifier「mod_base」の値として「OTHER」を	6. 38.	qualifier	mod_base
例 <insdqualifier_value>m5c</insdqualifier_value>		定義	修飾塩基の略語
<insdqualifier_value>OTHER</insdqualifier_value> コメント 本附属書の第2節にない特定の修飾塩基は、qualifier「mod_base」の値として「OTHER」を		値の形式	本附属書の第2節から、修飾塩基の略語を選択する。
コメント 本附属書の第2節にない特定の修飾塩基は、qualifier「mod_base」の値として「OTHER」を		例	<pre><insdqualifier_value>m5c</insdqualifier_value></pre>
し、その値として修飾塩基の完全名称と共に qualifier「note」を記載することで注釈を付		コメント	本附属書の第2節にない特定の修飾塩基は、qualifier「mod_base」の値として「OTHER」を入力
			し、その値として修飾塩基の完全名称と共に qualifier   note   を記載することで注釈を付す。

6.39. qualifier mol\_type 定義 配列の分子タイプ 値の形式 以下より1つを選択する。 genomic DNA genomic RNA mRNA tRNA rRNA other RNA other DNA transcribed RNA viral cRNA unassigned DNA unassigned RNA 例 <INSDQualifier\_value>genomic DNA</INSDQualifier\_value> <INSDQualifier\_value>other RNA</INSDQualifier\_value> コメント qualifier「mol\_type」はfeature key「source」に必須である;本qualifierのqualifier値「genomic DNA」は、分子が核であることを意味しない(例. 細胞小器官やプラスミド DNA は、「genomic DNA」 を使用して記述する必要がある。); リボソーム RNA 遺伝子は「genomic DNA」を用いなければな らない;「rRNA」は、リボソーム RNA 分子自体の配列が決定されている場合にのみ適用しなければ ならない;「other RNA」および「other DNA」は合成分子にのみ用いなければならず、「unassigned DNA」および「unassignedRNA」は、生体内の分子が不明な場合に適用しなければならない。 6.40. qualifier ncRNA\_class parent key「ncRNA」によって記述されたノンコーディング RNA の分類の構造化された記述。 定義 値の形式 TYPE とは以下の統制語彙または統制フレーズのうちのいずれか1つである。 antisense\_RNA autocatalytically\_spliced\_intron circRNA ribozvme hammerhead\_ribozyme 1ncRNA RNase P RNA RNase\_MRP\_RNA telomerase\_RNA guide\_RNA sgRNA rasiRNA scRNA scaRNA siRNA pre\_miRNA miRNA piRNA snoRNA  ${\tt snRNA}$ SRP\_RNA vault\_RNA Y\_RNA other 例 <INSDQualifier\_value>autocatalytically\_spliced\_intron </INSDQualifier\_value> <INSDQualifier\_value>siRNA</INSDQualifier\_value> <INSDQualifier\_value>scRNA</INSDQualifier\_value> <INSDQualifier value>other</INSDQualifier value> コメント qualifier「ncRNA\_class」に用いられていない特定のncRNAタイプは、qualifier「ncRNA\_class」

に「other」と入力し、qualifier「note」に新規「ncRNA\_class」の簡単な説明を記述することで、

注釈を付す必要がある。

6.41. qualifier note

定義 コメントや追加情報 値の形式 フリーテキスト

言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。

例 <INSDQualifier\_value>A comment about the feature</INSDQualifier\_value>

6.42. qualifier number

定義 5'末端から 3'末端の方向に存在する遺伝因子(例. エクソンまたはイントロン)の順序を示す

数字。

値の形式 フリーテキスト(空白(スペース)文字は用いない)

例 <INSDQualifier\_value>4</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>6B</INSDQualifier\_value>

コメント 文字列には、空白文字を含まないデータ値として表される、整数、文字、または整数と文字の組 み合わせに限定される。追加の用語は情報は qualifier「standard\_name」で記載すべきである;

例:値が「2A」である qualifier「number」や、値が「long」である qualifier「standard\_name」。

6.43. qualifier operon

定義 その feature が属する、単一の転写物に転写された連続した遺伝子群の名称。

値の形式 フリーテキスト

6.44. qualifier organelle

定義配列が取得された膜結合型細胞内構造の種類。

値の形式 以下の統制語彙および統制句の1つを本 qualifier 値として用いる。

chromatophore hydrogenosome mitochondrion nucleomorph plastid

mitochondrion:kinetoplast plastid:chloroplast plastid:apicoplast plastid:chromoplast

plastid:cyanelle plastid:leucoplast plastid:proplastid

例 <INSDQualifier\_value>chromatophore</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>hydrogenosome</INSDQualifier\_value>
<INSDQualifier\_value>mitochondrion</INSDQualifier\_value>
<INSDQualifier\_value>nucleomorph</INSDQualifier\_value>

 $\\ < INSDQualifier\_value \\ > plastid \\ < / INSDQualifier\_value \\ >$ 

<INSDQualifier\_value>mitochondrion:kinetoplast</INSDQualifier\_value>

 $\\ < INSDQualifier\_value > plastid: chloroplast < / INSDQualifier\_value > \\$ 

<INSDQualifier\_value>plastid:apicoplast</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>plastid:chromoplast</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>plastid:cyanelle</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>plastid:leucoplast</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>plastid:proplastid</INSDQualifier\_value>

6.45. qualifier organism

定義 配列された遺伝物質を記載した生物の学名(判明している場合)、またはその生物が分類されてい

ない場合には利用可能な分類学的情報;または配列が人工的に構築された旨の表示。

値の形式 フリーテキスト

言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。

qualifier 定義 値の形式 例	PCR_primers 配列の増幅に使用された PCR プライマー。単一の qualifier「PCR_primers」は、単一の PCR 反応 に使用されるすべてのプライマーを用いるべきである。単一の PCR 反応に複数のフォワードプラ イマーまたはリバースプライマーが存在する場合、複数の fwd_name/fwd_seq やrev_name/rev_seq の組が存在することになる。 [fwd_name: XXX1, ]fwd_seq: xxxxx1, [fwd_name: XXX2, ]fwd_seq: xxxxx2, [rev_name: YYY1, ]rev_seq: yyyyy1, [rev_name: YYY2, ]rev_seq: yyyyy2
	[fwd_name: XXX1, ]fwd_seq: xxxxx1,[fwd_name: XXX2, ]fwd_seq: xxxxx2, [rev_name:
例	
	<pre>Init, fiev_seq. yyyyy1, fiev_name: fil2, fiev_seq. yyyyy2  <insdqualifier_value>fwd_name: C01P1, fwd_seq: ttgattttttggtcayccwgaagt, rev_name: C01R4,</insdqualifier_value></pre>
	rev_seq: ccwvytardcctarraartgttg
	<pre><insdqualifier_value>fwd_name: hoge1, fwd_seq: cgkgtgtatcttact, rev_name: hoge2, rev_seq: cg&lt;i&gt;gtgtatcttact</insdqualifier_value></pre>
	<pre><insdqualifier_value>fwd_name: C01P1, fwd_seq: ttgattttttggtcayccwgaagt, fwd_name:</insdqualifier_value></pre>
	CO1P2, fwd_seq: gatacacaggtcayccwgaagt, rev_name: CO1R4, rev_seq:
コメント	ccwvytardcctarraartgttg fwd_seqとrev_seqはともに必須である;fwd_nameとrev_nameはともに任意である。両配列は5'
	末端から $3$ 末端の方向に示さなければならない。配列は本附属書の第 $1$ 節に記載されている記号を用いなければならず、修飾塩基を除いて、山かっこ(すなわち「〈」または「〉」)の中に記号を記載しなければならない。XML 形式では、山かっこ(「〈」および「〉」)は、XML の予約文字であるため、「 $\&$ 1t;」と「 $\&$ gt;」に置き換えなければならない。
qualifier	phenotype
定義	feature によって与えられる表現型(ここで表現型とは、物理的、生化学的、行動的な特性また
値の形式	は一連の特性と定義される)。 フリーテキスト
匠・ハハンとく	言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。
例	<pre><insdqualifier_value>erythromycin resistance</insdqualifier_value></pre>
qualifier	plasmid
定義	配列が得られた天然のプラスミドの名称。プラスミドは、qualifier「chromosome」または
値の形式	qualifier「segment」では表現できない、独立して複製する遺伝学的単位と定義される。 フリーテキスト
例	<insdqualifier_value>pC589</insdqualifier_value>
qualifier	pop_variant
はの形士	配列の由来となったサンプルの亜集団または表現型の名称。
旭ツ形式	フリーテキスト 言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。
例	<insdqualifier_value>pop1</insdqualifier_value>
	<pre><insdqualifier_value>Bear Paw</insdqualifier_value></pre>
qualifier	product
定義	feature に関連する生成物の名称。例、feature 「mRNA」の mRNA、CDS の polypeptide、mat_peptide
値の形式	のmature peptide など。 フリーテキスト
直・シカンプ	言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。
例	<pre><insdqualifier_value>trypsinogen</insdqualifier_value> (when qualifier appears in CDS</pre>
	feature) <insdqualifier_value>trypsin</insdqualifier_value> (when qualifier appears in
	mat_peptide feature) <insdqualifier_value>XYZ neural-specific transcript</insdqualifier_value> (when
	qualifier appears in mRNA feature)
qualifier	protein_id
	定義 値の形式 例 qualifier 定義 値の形式 例 qualifier 値の形式 例 qualifier に義 値の形式

定義

蛋白質配列番号(対応する feature key「CDS」およびその translation qualifier で特定される コード配列によってコードされた蛋白質の配列を指定するために、配列表で使用される整数)。 値の形式 ゼロより大きい整数

例 〈INSDQualifier value〉89〈/INSDQualifier value〉

6.52. qualifier proviral

定義 本 qualifier は、他の生物のゲノムに組み込まれたウイルスやファージから得られた配列にフラ

グを立てるために使用する。

値の形式 なし

6.53. qualifier pseudo

定義 feature key によって特定されている機能を有していたが、その機能を失った feature であるこ

とを示す qualifier。

値の形式 なし

コメント qualifier「pseudo」は、以前は偽遺伝子と表現されていなかったが現在は機能を失った遺伝子で

あることを示すために用いられるべきである。例として、偽遺伝子化の事象発生以外の理由で翻訳機能を失ったコード領域。他の理由としては、配列決定や構築の誤りなどが考えられる。偽遺伝子に注釈を付すためには、偽遺伝子のタイプを示す qualifier「pseudogene」を使用しなけれ

ばならない。

6.54. qualifier pseudogene

定義 この feature が、feature key で指定された要素の偽遺伝子であることを示す。

値の形式 TYPI

コメント

上記の TYPE は、以下の統制語彙または統制句のうちの1つである。

processed unprocessed unitary allelic

unknown

例 〈INSDQualifier\_value〉processed〈/INSDQualifier\_value〉

<INSDQualifier\_value>unprocessed</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>unitary</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>allelic</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>unknown</INSDQualifier\_value>本 qualifier 値「TYPE」の定義は以下のとおり。:

処理済み(processed) - 偽遺伝子が、mRNAが cDNA に逆転写された後、ゲノムに再統合されて生じたもの。そのため、イントロンやエクソンの構造は失われており、疑似ポリ(A)尾部を有している場合がある。

未処理(unprocessed) - 偽遺伝子が、親遺伝子のコピーから、複製とその後の変則的な突然変異の蓄積によって生じたもの。機能的相同性と比較して、挿入、欠失、未成熟終止コドン、フレームシフトおよび同義置換の逆である非同義置換の割合増加等の変化が見られる。

単一(unitary) - 親遺伝子が存在しない偽遺伝子。偽遺伝子が親遺伝子であり、一部の生物種では機能するが、別の生物種または系統ではなんらかの方法(インデル、変異、組み換え)で破壊されている元の遺伝子。

対立遺伝子(allelic) - ある個体群に常に認められる遺伝子であるが、その個体群は機能的に異なる対立遺伝子も有している。すなわち、ある系統では機能が備わっている遺伝子を有しているが、別の系統は偽遺伝子を有しているという場合もある。主要組織適合抗原複合体(MHC)ハプロタイプには、対立遺伝子の偽遺伝子が存在する。

不明(unknown) - 出願人は、偽遺伝子化の方法を知らない。

6.55. qualifier rearranged

の生殖細胞から受け継いだ再配列されていない配列ではないこと。

値の形式 なし

コメント qualifier「rearranged」は、適応免疫反応に関与しない染色体再配列の注釈に使用してはならない; qualifier「germline」および qualifier「rearranged」は、同じソース(source) feature

で使用してはならない。qualifier「germline」および qualifier「rearranged」は、適応免疫反応の一部として体細胞再配列を起こす可能性のある分子にのみ使用しなければならない。これらは、顎のある脊椎動物の t-細胞受容体 (TCR) および免疫グロブリン遺伝子座、および顎のない魚 (ヤツメウナギとメクラウナギ)の無関係な可変リンパ球受容体 (VLR) 遺伝子座である;qualifier「germline」および qualifier「rearranged」は有頭動物(系統分類 ID = 89593)以外では使用してはならない。

6.56. qualifier recombination\_class

定義配列内の組換えホットスポット領域の分類を構造化して記述したもの。

値の形式 TYP

上記の TYPE は以下の統制語彙または統制句の1つである。

meiotic mitotic

non\_allelic\_homologous
chromosome\_breakpoint

other

例 <INSDQualifier\_value>meiotic</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>chromosome\_breakpoint</INSDQualifier\_value>

コメント 統制語彙 recombination\_class に用いられていない特定の組換えクラスは、qualifier

「recombination\_class」の qualifier 値として「other」を入力し、新規の組換えクラスに関する簡単な説明を qualifier 「note」に記述することにより、注釈を付さなければならない。

6.57. qualifier regulatory\_class

定義
配列内の転写、翻訳、複製、染色体構造に関連する調節エレメントの分類を構造的に記述したも

の。

値の形式 TYPE

上記の TYPE は以下の統制語彙または統制句の1つである。

attenuator CAAT\_signal

DNase\_I\_hypersensitive\_site

enhancer

enhancer\_blocking\_element

GC\_signal

imprinting\_control\_region

insulator

locus\_control\_region
matrix\_attachment\_region

minus\_35\_signal minus\_10\_signal

polyA\_signal\_sequence

promoter

recoding\_stimulatory\_region
recombination\_enhancer

replication\_regulatory\_region

 $response\_element$ 

ribosome\_binding\_site

riboswitch silencer TATA\_box terminator

transcriptional\_cis\_regulatory\_region

uORF other

例 <INSDQualifier\_value>promoter</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>enhancer</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>ribosome\_binding\_site</INSDQualifier\_value>

コメント 統制語彙 regulatory\_class にまだ記載されていない特定の規制クラスは、qualifier

「regulatory\_class」の値として「other」を入力し、新規の規制クラスについての簡単な説明を

qualifier「note」に記述することで注釈を付さなければならない。 6.58. qualifier replace 定義 feature の location で特定された配列が、qualifier「replace」の qualifier 値で示される配列 に置き換えられることを示す; Qualifier に配列が記載されていない (すなわち、 qualifier 値が 記載されていない)場合、欠失を意味する。 値の形式 フリーテキスト 例 <INSDQualifier\_value>a</INSDQualifier\_value> <INSDQualifier\_value></INSDQualifier\_value> - 欠失の場合 6.59. qualifier ribosomal\_slippage 蛋白質の翻訳中に、特定の配列がリボソームにプログラムされ、リボソームスリップと呼ばれる 定義 メカニズムにより、代替のリーディングフレームに変更されることがある。 値の形式 コメント feature 「CDS」の位置には、例えば[join(486..1784,1787..4810)]のような存在位置演算子を使 用して、ribosomal\_slippage の location を示す必要がある。 6.60. qualifier rpt\_family 定義 反復配列の種類、例えば制限酵素アルスロバクター・ルテウス (Alu)またはクレブシエラ・ニュー モニエ(Kpn)。 フリーテキスト 値の形式 例 <INSDQualifier\_value>Alu</INSDQualifier\_value> 6.61. qualifier rpt\_type 定義 反復配列の構造と分布 値の形式 以下の統制語彙または統制句の1つを qualifier 値に用いる。 tandem direct inverted flanking nested terminal dispersed long\_terminal\_repeat  $non\_ltr\_retrotransposon\_polymeric\_tract$ centromeric\_repeat telomeric\_repeat x\_element\_combinatorial\_repeat y prime element other 例 <INSDQualifier\_value>inverted</INSDQualifier\_value> <INSDQualifier\_value>long\_terminal\_repeat</INSDQualifier\_value> コメント 上述の qualifier 値の定義は以下のとおりである。 直列(tandem) - 同一の配列が隣り合って同じ方向で繰り返し配置された配列。 直接(direct) - 同一の配列が必ずしも隣り合って存在しないが、同じ方向で繰り返し配置され た配列。 反転(inverted) - 1 つの分子上で同一の配列が逆方向に繰り返し配置された配列。 隣接(flanking) - 機能上の重要な影響を及ぼす配列の外に存在する反復配列(例 トランスポゾ ンの挿入部位)

入れ子(nested) - 他の要素の挿入により中断されているが、繰り返し配置された配列。

分散(dispersed) - 遺伝子全体に散在している反復配列。

末端(terminal) - 機能上の重要な影響を及ぼす配列上の末端で、繰り返し配置された配列(例末端に長い反復配列を有する(LTR型)トランスポゾン)

long\_terminal\_repeat - 定義された配列の両端で、同じ方向に繰り返し配置された配列。一般的にレトロウイルスの配列上で認められる種類の反復配列。

non\_ltr\_retrotransposon\_polymeric\_tract - 非LTR型レトロトランスポゾンの配列上のポリ (dA)等の、ポリトラクト。

centromeric\_repeat - セントロメアの反復配列の中で認められる、反復配列。

telomeric\_repeat - テロメアの配列の中で認められる、反復配列。

x\_element\_combinatorial\_repeat - Xエレメントとテロメア、またはその隣接する Y' エレメントの間に存在する反復配列。

y\_prime\_element - 1コピーまたは 2 から 4 コピーの縦列反復であるかいずれか一方の、テロメア反復配列または、X エレメントのコンビナトリアル反復配列に隣接して配置された反復配列の領域。

その他(other) - 他の値では表現できない重要な属性を示す反復配列。

6.62. qualifier rpt\_unit\_range

定義 範囲で表現された反復単位の location。

値の形式 〈base\_range〉

上述の lase\_range には、反復ユニットの先頭の塩基の位置と末端の塩基の位置が2つのドットで区切られて示されている。

例 <INSDQualifier\_value>202..245</INSDQualifier\_value>

コメント feature key「oriT」および「repeat\_reagion」で指定された領域内で、反復単位を構成する配列 の塩基の範囲を示すために使用する。

6.63. qualifier rpt\_unit\_seq

定義 反復配列の同一性。 値の形式 フリーテキスト

<INSDQualifier\_value>ag(5)tg(8)</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value> (AAAGA) 6 (AAAA) 1 (AAAGA) 12</INSDQualifier\_value>

コメント feature key「oriT」および「repeat\_region」で指定された領域内の反復単位を構成する文字と おりの配列を示すために使用する。

6.64 qualifier satellite

定義 サテライト DNA マーカーの識別子であり、短い基本反復単位の多数のタンデム反復(同一または 関連)で構成される。

値の形式 〈satellite\_type〉[:〈class〉][〈identifier〉]

上記の〈satellite\_type〉は以下のいずれかの1つである。

satellite;
microsatellite;
minisatellite

例 <INSDQualifier\_value>satellite: S1a</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>satellite: alpha</INSDQualifier\_value>
<INSDQualifier\_value>satellite: gamma III</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>microsatellite: DC130</INSDQualifier\_value>

コメント 多くのサテライトは、塩基組成やその他の特性が他のゲノムと異なるため、それらを識別することができる。

6.65. qualifier segment

定義配列されたウイルスまたはファージのセグメントの名称。

値の形式 フリーテキスト

例 <INSDQualifier\_value>6</INSDQualifier\_value>

6.66. qualifier serotype

定義 抗原性を特徴とする種の血清学的多様性。

値の形式 フリーテキスト

言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。

コメント feature key「source」と共にのみ用いられる;国際原核生物命名規約(bacteriological Code)

では、原核生物には「血清型」ではなく「血液型亜型」という用語を使用することを推奨してい

る;国際原核生物命名規約(1990年版)、附属書10.8、「種内用語」を参照のこと。

6.67. qualifier serovar

定義 抗原性を特徴とする種(通常は原核生物)の血清学的変異体

値の形式 フリーテキスト

言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。

例 <INSDQualifier\_value>0157:H7</INSDQualifier\_value>

コメント feature key「source」と共にのみ用いられる;国際原核生物命名規約では、原核生物に対して

「serotype」の代わりに「serovar」という用語を使用することを推奨している。

6.68. qualifier sex

定義 配列が得られた生物の性別;真核生物で減数分裂を行い、性的に異なる配偶子を持つ場合は性別

が用いられる。

値の形式 フリーテキスト

言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。

例 <INSDQualifier\_value>female</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>male</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>hermaphrodite</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>unisexual</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>bisexual</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>asexual</INSDQualifier\_value>

 $\verb| \langle INSDQualifier_value \rangle| monoecious \\| \langle INSDQualifier_value \rangle| [or monecious]| \\|$ 

<INSDQualifier\_value>dioecious</INSDQualifier\_value> [or diecious]

コメント qualifier 「sex」 (qualifier 「mating\_type」ではなく)は、後生動物、有胚植物類、紅藻類&

褐藻類に関して用いるべきである;細菌、古細菌&菌類界に関しては、qualifier「mating\_type」(qualifier「sex」ではなく)を用いるべきである;ウイルスに関しては、qualifier「sex」および qualifier「mating\_type」は用いるべきではない;その他(上述の分類群以外)の詳細情報を記載する場合で、上の例で用いられている用語を qualifier「sex」の qualifier 値として用いない

場合は、qualifier「mating\_type」を用いるべきである。

6.69. qualifier standard name

定義 この feature の標準的な名称。

値の形式 フリーテキスト

言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。

例 <INSDQualifier\_value>dotted</INSDQualifier\_value>

コメント 遺伝子名を省略せずに記載する場合は qualifier「standard\_name」を使用し、qualifier「gene」

を用いて遺伝子コードを与える (例えば、上の例では、qualifier「gene」の値は「Dt」)。

6.70. qualifier strain

定義 配列が得られた strain

値の形式 フリーテキスト

言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。

例 <INSDQualifier\_value>BALB/c</INSDQualifier\_value>

コメント qualifier「strain」を記載する feature エントリには、qualifier「environmental\_sample」を

用いてはならない。

6.71. qualifier sub\_clone

定義 配列が得られたサブクローン

値の形式 フリーテキスト

言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。

例 <INSDQualifier\_value>lambda-hIL7.20g</INSDQualifier\_value>

コメント ソース(source) feature は、2つ以上の qualifier [sub\_clone] を用いてはならない;複数のサ

ブクローンから得られた配列であることを示すために、複数のソース(source)を feature key

「misc\_feature」およびその qualifier「note」を用いて詳細情報を記載しても良い。

6.72. qualifier sub\_species

定義配列が得られた生物の亜種の名称。

値の形式 フリーテキスト

言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。

例 <INSDQualifier\_value>lactis</INSDQualifier\_value>

6.73. qualifier sub\_strain

定義 親 strain (qualifier「strain」に注釈を付すべき)から派生した、配列が得られた遺伝子的ま

たはその他の方法で改変された sub\_strain の名称または識別子。

値の形式 フリーテキスト

言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。

例 <INSDQualifier\_value>abis</INSDQualifier\_value>

コメント ソース(source) feature の qualifier「strain」と共に用いられなければならない;親の系統が

与えられていない場合は、qualifier「sub\_strain」ではなく qualifier「strain」を用いて亜系統に注釈を付すべきである。例えば、qualifier「strain」(qualifier 値は K-12)、qualifier「sub\_strain」(qualifier 値は MG1655)または、qualifier「strain」(qualifier 値は MG1655)

のいずれかである。

6.74. qualifier tag\_peptide

定義 tmRNA のタンパク質分解タグ用ポリペプチドをコードする塩基位置とその終止コドン。

値の形式 〈base\_range〉

上述の 
と対の 
大速の 
大変の 
大

の位置が2つのドットで区切られて示されている。

例 <INSDQualifier\_value>90..122</INSDQualifier\_value>

コメント タグ\_ペプチドに対応するアミノ酸配列は、5'末端の部分的な feature「CDS」を示すものとして

注釈を付すべきことを推奨する;例: <90...122>の location にある CDS。

6.75. qualifier tissue\_lib

定義配列が得られた組織ライブラリ。

値の形式 フリーテキスト

言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。

例 <INSDQualifier\_value>tissue library 772</INSDQualifier\_value>

6.76. qualifier tissue\_type

定義 配列が得られた組織のタイプ

値の形式 フリーテキスト

言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。

例 <INSDQualifier\_value>liver</INSDQualifier\_value>

6.77. qualifier transl\_except

定義 翻訳上の例外;ある1つのコドンの翻訳が、qualifier「organism」または qualifier

「transl\_table」に記載されている遺伝コードと一致しない状態。

値の形式 (pos: <location, aa>:<amino\_acid>)

ここで、〈amino\_acid〉は、base\_range の位置にあるコドンによってコードされるアミノ酸の3文

字の略語である。

例 <INSDQualifier\_value>(pos:213..215, aa:Trp)</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>(pos:462..464, aa:0THER)</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>(pos:1017, aa:TERM)</INSDQualifier\_value>

<INSDQualifier\_value>(pos:2000..2001, aa:TERM)</INSDQualifier\_value>

6.78. qualifier transl\_table

定義 普遍的または標準的な遺伝暗号表以外の場合に使用される遺伝暗号表の定義。使用されるテーブ

ルは本附属書に記載がある。

値の形式 〈integer〉

上記の〈integer〉とは、遺伝暗号表に割り振られた番号である。

例 <INSDQualifier\_value>3</INSDQualifier\_value>

上記の例では、酵母のミトコンドリアの遺伝暗号表を用いて配列表を作成している。

feature key「CDS」の詳細情報が qualifier「transl\_table」に記載されていない場合は、CDS は標準コード (すなわち Universal Genetic Code) を使用して翻訳されます。指定されたテーブルの範囲外の遺伝子コードの例外は qualifier「transl\_except」で報告される。

6.79. qualifier trans\_splicing

定義 2つの RNA 分子のエクソンが連結し、成熟 RNA を形成することを示している。

値の形式 なし

コメント

コメント

トランススプライシングの結果産生された feature (例えば CDS、mRNA 等) の詳細情報を記載するために本 qualifier を用いるべきである。またこの qualifier は、スプライシングの発生が feature location の演算子「joint」、例 joint (complement (69611..69724),139856..140087) を用いて示されている場合にのみ使用されなければならない。

6.80. qualifier translation

定義 標準(またはユニバーサル)遺伝コード、または qualifier「transl\_table」で指定された遺伝 暗号表や qualifier「transl\_except」の例外によって決められた遺伝暗号表のいずれかに準じた

1 文字の略号によるアミノ酸配列。

値の形式 本附属書の第3節に記載されている1文字のアミノ酸の記号を用いて記載した、連続した1本の

アミノ酸配列。記号「X」は AA 等の例外的なアミノ酸に用いる記号である。

例 <INSDQualifier\_value>MASTFPPWYRGCASTPSLKGLIMCTW</INSDQualifier\_value>

コメント CDS feature と共にのみ使用される;翻訳産物に4つ以上の特定のアミノ酸が含まれる場合、

qualifier「protein\_id」を付さなければならない;遺伝暗号表の定義および location についてtransl\_table を参照されたい;feature「CDS」を追加で注釈を付すには、translation qualifier、

「pseudo」、「pseudogene」のいずれかのみが許容されている。

6.81. qualifier variety

定義 配列の元となった生物の種類(=変種、正式なリンネ式分類法の階級)

値の形式 フリーテキスト

言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。

例 <INSDQualifier\_value>insularis</INSDQualifier\_value>

コメント 植物の栽培品種(すなわち人為的な選択により栽培された植物)を記載するには qualifier

「cultivar」を用いる;植物および菌類の変種以外の変種は、qualifier「note」を用いて注釈を

付すべきであり、その際、qualifier 値として例えば次を用いる;

<INSDQualifier\_value>breed:Cukorova</INSDQualifier\_value>。

## 第7節:アミノ酸配列の feature keys

ここでは、アミノ酸配列に使用できる feature key の一覧を示している。 feature key はアルファベット順に並んでいる。

7. 1.	feature key	ACT_SITE
	定義 1:6:	酵素の活性に関与するアミノ酸
	任意の qualifier コメント	qualifier「note」  延伸如体に存在さるマミノ輸産基は、fton-lon-[ACT CITE」も用いて便則に注
	コメント	活性部位に存在するアミノ酸残基は、feature key「ACT_SITE」を用いて個別に注 釈を付さなければならない。また対応するアミノ酸残基の番号を、feature
		Nancationの要素に存在位置記述子として記載しなければならない。
		100dt10II の 安米に行任匠自己型 1 C C C L 戦 しなり 4 0なならない。
7. 2.	feature key	BINDING
	定義	任意の化学基(補酵素、補欠分子族等)の結合部位。基の化学的な性質は qualifier 「note」を用いて記載する。
	必須 qualifier	qualifier <sup>「</sup> note」
	コメント	qualifier「note」の値の例としては、「Heme(covalent))」および「Chloride」がある。必要に応じてfeature key「BINDING」ではなく、feature key「CA_BIND」、feature key「METAL」およびfeature key「NP_BIND」
		を用いるべきである。
7. 3.	feature key	CA BIND
	定義	カルシウム結合の領域の範囲
	任意の qualifier	qualifier [note]
7. 4.	feature key	CARBOHYD
	定義	グリコシル化した部位
	必須 qualifier	qualifier [note]
	コメント	本 key は、糖類(単糖または多糖)が蛋白質の残基に付加していることを示して
		いる。この様な種類の蛋白質への付加(C-, N- または 0-結合グルコシル化)は、
		qualifier「note」に記載する。還元末端糖の性質が分かっている場合は、その略
		語を括弧の間に記載する。還元末端糖の略語の後に3つのドット「…」が続く場合は、糖鎖がさらに続いていることを示している。それとは逆に、ドットが1つも付いていない場合は単糖類が結合していることを意味している。qualifier「note」のqualifier値の例には、次がある;N-結合(GlcNAc…);O-結合(GlcNAc);
		O-結合(Glc…); C-結合(Man)部分; O-結合(Ara…)。
7. 5.	feature key	CHAIN
	定義	成熟蛋白質のポリペプチド鎖の長さ
	任意の qualifier	qualifier <sup>[note]</sup>
7. 6.	feature key	COILED
	定義	二重コイル構造を有する領域の範囲
	任意の qualifier	qualifier <sup>[note]</sup>
7. 7.	feature key	COMPBIAS
	定義	compositionally biased region(CBR。組成の偏った領域)
	任意の qualifier	qualifier <sup>「</sup> note」
7. 8.	feature key	CONFLICT
	定義	異なるソースが異なる配列を報告すること
	任意の qualifier	qualifier [note]
	コメント	qualifier「note」の qualifier 値の例; Missing; K -> Q; GSDSE -> RIRLR; V -> A.
7. 9.	feature key	CROSSLNK
	定義	翻訳語に形成されたアミノ酸同士の結合

	必須 qualifier コメント	qualifier 「note」 2つの蛋白質の間(鎖間架橋)、または同じ蛋白質の 2 つの部分の間(鎖内架橋)に形成される様々なタイプの共有結合。但しジスフィルド結合により形成される架橋には、feature key「DISULFID」が使用される。鎖間架橋の場合、feature location 要素の存在位置記述子は、他の蛋白質に架橋されたアミノ酸の残基番号となる。鎖内架橋の場合、feature location 要素の存在位置記述子は、架橋されたアミノ酸の残基番号を「xy」形式で表したもので、例えば、「 $42\cdots50$ 」のようになる。qualifier 「note」は、架橋の性質を示すもので、少なくとも結合体の名前と関係する 2 つのアミノ酸の同一性を明示する。qualifier 「note」の値の例。「イソグルタミルシステインチオエステル( $Cys$ - $Gln$ )」、「 $\beta$ - $y$
7. 10.	feature key 定義 必須 qualifier コメント	DISULFID ジスフィルド結合 qualifier 「note」 鎖間ジスルフィド結合の場合、feature location の要素の存在位置記述子は、他 の蛋白質に結合しているシステインの残基番号となる。鎖内架橋の場合、feature location の要素の存在位置記述子は、リンクされたシステインの残基番号を「xy」形式で表したもので、例えば「4250」のようになる。鎖間ジスルフィド結合の場合、note qualifier は、他の蛋白質を特定することで、架橋の性質を示す。
7. 11.	feature key 定義 必須 qualifier コメント	DNA_BIND DNA 結合領域の範囲 qualifier 「note」 DNA 結合領域の性質は、qualifier 「note」を用いて記載する。その際の qualifier 値の例としては、qualifier 「note」の例として、「Homeobox」および 「Myb 2」がある。
7. 12.	feature key 定義 必須 qualifier コメント	DOMAIN 特徴的な三次元構造または折り畳まれた構造を有する、二次構造の特殊な組み合 わせとして定義されるドメインの範囲。 qualifier「note」 ドメインのタイプは qualifier「note」を用いて記載する。ドメインのコピーが 複数存在する場合は番号を付与する。この qualifier「note」の qualifier 値の 例としては、「Ras-GAP」および「Cadherin1」がある。
7. 13.	feature key 定義 任意の qualifier コメント	HELIX 二次構造、すなわちヘリックス(例 $\alpha$ ヘリックス、 $3(10)$ ヘリックスまたは Pi ヘリックス(TT ヘリックス) qualifier 「note」 feature key「HELIX」は三次構造が判明している蛋白質にのみ用いる。二次構造 は 3 種類のみ指定されている(ヘリックス [key「HELIX」]、 $\beta$ ストランド [key「STRAND」]およびターン [key「TURN])。これらの種類の $1$ つに該当しない残基 は、「look」または「random-coil」構造である。
7. 14.	feature key 定義 任意の qualifier コメント	INIT_MET イニシエーターメチオニン qualifier「note」 feature location の要素の存在位置記述子は「1」である。本 feature key は、N 末端のメチオニンが切断されていることを示している。イニシエーターメチオニ ンが切断されていない場合は使用されない。
7. 15.	feature key 定義 任意の qualifier	INTRAMEM 細胞膜に位置する領域の範囲で、細胞膜を横切らないもの。 qualifier「note」

- T 10		LIDID
7. 16.	feature key	LIPID EEEの可以上のサイヤム
	定義	脂質の部分との共有結合
	必須 qualifier コメント	qualifier「note」
	コメント	共有結合している脂質の部分の化学的性質は、qualifier「note」を用いて記載するが、少なくとも脂質修飾を受けたアミノ酸の名称を記載する。qualifier「note」
		るが、タなくとも加貝形師を支げたアミア酸の石杯を記載する。quaititer note」 の値の例には、
		「N-myristoyl glycine」、「GPI-anchor amidated serine」、「S-diacylglycerol
		cysteine」など。
		cysternej /2 C o
7. 17.	feature key	METAL
	定義	金属イオンの結合部位
	必須 qualifier	qualifier [note]
	コメント	qualifier「note」は金属の性質を示す。qualifier「note」の qualifier 値の例
		には、「Iron (heme axial ligand)」 および 「Copper」がある。
7. 18.	footure key	MOD_RES
1. 10.	feature key 定義	MOD_RES 残基の翻訳後修飾
	必須 qualifier	スをジャルでは qualifier 「note」
	必須 qualifier コメント	修飾を受けた残基の化学的性質は qualifier 「note」を用いて記載するが、少な
		くとも翻訳後修飾を受けたアミノ酸の名称を示す。修飾アミノ酸が本附属書の第
		4節に記載されている場合は、完全な名称の代わりに略語を使用しても良い。
		qualifier 「note」の qualifier 値の例には、「3-Hyp」および「MeLys」および
		「N-6-methyllysine」がある。
7. 19.	feature key	MOTIF
	定義	生物学的に関心のある、短い配列モチーフ(最大で20個のアミノ酸が連続した配
		列)
	任意の qualifier	qualifier <sup>「</sup> note」
7. 20.	feature key	MUTAGEN
	定義	変異により実験的に変化した部位
	任意の qualifier	qualifier \[ \text{note} \]
7. 21.	feature key	NON_STD
1.21.	reacure key 定義	非標準アミノ酸
	た我 任意の qualifier	qualifier「note」
	ユメント	この key は、アミノ酸配列内の非標準アミノ酸であるセレノシステイン(U)およ
		びピロリシン(0)の出現率のみを表している。
		Not, and
7. 22.	feature key	NON_TER
	定義	配列の端にある残基は末端の残基ではないこと。
	任意の qualifier	qualifier [note]
	コメント	配列の先頭に適用する場合、これは最初の位置が完全な分子のN-末端ではないこ
		とを意味している。最後の位置に適用する場合、この位置が完全な分子の C-末端
		ではないことを意味している。
7. 23.	feature key	NP_BIND
	定義	塩基のリン酸結合領域の範囲
	必須 qualifier	qualifier [note]
	コメント	塩基のリン酸の性質は、qualifier「note」を用いて記載する。その際の qualifier
		値の例には、「ATP」および「FAD」がある。
7. 24.	feature key	PEPTIDE
1. 41.	定義	放出された活性ポリペプチドの範囲
	た我 任意の qualifier	qualifier [note]
	17750 -> dagititoi	decentation model

7.05	0 1	DDADDD
7. 25.	feature key	PROPEP
	定義	プロペプチドの範囲
	任意の qualifier	qualifier [note]
7. 26.	feature key	REGION
	定義	配列内の関心領域の範囲
	任意の qualifier	qualifier [note]
7. 27.	feature key	REPEAT
	定義	内部配列の反復の範囲
	任意の qualifier	qualifier [note]
7. 28.	feature key	SIGNAL
	定義	シグナル配列の長さ (プレペプチド)
	任意の qualifier	qualifier [note]
7. 29.	feature key	SITE
	定義	他の feature key で定義されていない、配列上の関心のある単一のアミノ酸部位。
	必須 qualifier	2 つの隣接するアミノ酸の位置で示される、アミノ酸の結合にも適用できる。 qualifier「note」
	必須 qualifier コメント	qualifier「note」 修飾アミノ酸の注釈に使用される場合、qualifier「note」の値は、本附属書の第
	コンクト	4節で示した略語か、もしくは完全で、省略されていない修飾アミノ酸の名称の
		いずれかでなければならない。
7. 30.	feature key	source
7. 30.	reature key 定義	その配列の起源(source)を示す。この key は必須である。全ての配列には、配列
	<b>/</b> C 抄	全体にまたがる単一の feature 「source」がある。
	必須 qualifier	mol_type
	22.57. 4	organism
	任意の qualifier	qualifier [note]
7. 31.	featurekey	STRAND
	定義	$2$ 次構造; $\beta$ ストランド; 例えば水素結合した $\beta$ ストランドまたは孤立した $\beta$ ブ
		リッジの残基
	任意の qualifier	qualifier [note]
	コメント	この key は、三次構造が判明している蛋白質にのみ使用する。二次構造は3種類
		のみに指定されている(ヘリックス構造 [key HELIX]、βストランド構造 [key
		STRAND]およびターン構造 [key TURN])。これらのクラスのいずれかに該当しない
		残基は、「ループ」または「ランダムコイル」構造である。
7. 32.	feature key	TOPO_DOM
	定義	トポロジカルドメイン
	任意の qualifier	qualifier [note]
7. 33.	feature key	TRANSMEM
	定義	膜貫通領域の範囲
	任意の qualifier	qualifier [note]
7. 34.	feature key	TRANSIT
	定義	トランジットペプチドの範囲(ミトコンドリア、葉緑体、チラコイド、シアネル、
	t a sta	ペルオキシソーム等)
	任意の qualifier	qualifier [note]
7. 35.	feature key	TURN
	定義	二次構造のターン。例えば、水素結合したターン(3-ターン、4-ターンまたは 5-
		ターン)

	任意の qualifier コメント	qualifier「note」 このfeature は、三次構造が判明している蛋白質にのみ使用する。二次構造は3 種類のみに指定されている(ヘリックス構造 [key HELIX]、βストランド構造 [key STRAND]およびターン構造 [key TURN])。これらのクラスのいずれかに該当 しない残基は、「ループ」または「ランダムコイル」構造である。
7. 36.	feature key 定義 任意の qualifier コメント	UNSURE 配列内の不確実な点 qualifier「note」 アミノ酸配列内で、著者が配列表示について確信が持てない領域を記述するため に仕様する。
7. 37.	feature key 定義 任意の qualifier	VARIANT 配列内の変異体の存在を著者が報告する qualifier「note」
7. 38.	feature key 定義 任意の qualifier	VAR_SEQ 選択的スプライシング、代替プロモーターの使用、代替開始およびリボソームフ レームシフトによって生じた配列変異体の説明 qualifier「note」
7. 39.	feature key 定義 任意の qualifier コメント	ZN_FING ジンクフィンガー領域の範囲 qualifier「note」 ジンクフィンガーのタイプは、qualifier「note」に記載する。例えば、「GATA-type」、 「NR C4-type」がある。

第8節:アミノ酸配列の qualifiers

本節では、アミノ酸配列に使用できる qualifier の一覧を示している。

値の形式が言語に依存するフリーテキストの場合、以下のいずれかを使用しなければならない。

- 1) 要素 INSDQualifier\_value、または
- 2) 要素 NonEnglishQualifier\_value、または
- 3)要素 INSDQualifier\_value と要素 NonEnglishQualifier\_value の両方。

値のフォーマットが言語依存のフリーテキストとして識別されない場合、要素 INSDQualifier\_value を 使用しなければならず、要素 NonEnglishQualifier\_value は使用してはならない。

注意:言語に依存するフリーテキスト値形式を有する qualifier に対して提供される qualifier 値は、 国際的、国内的または広域的な手続きのために翻訳が必要な場合がある。次の表に示す qualifier は、 言語に依存したフリーテキストの値を持つとみなされる。

表 6: 言語に依存したフリーテキスト値を持つアミノ酸配列の qualifier の一覧

節	言語に依存したフリーテキスト qualifier
8. 2	note
8.3	organism

8. 1.	qualifier 定義 値の形式 例 コメント	mol_type 配列の生体内における分子型 protein <insdqualifier_value>protein</insdqualifier_value> feature key sourceの必須 qualifier は 「mol_type」。
8. 2.	qualifier 定義 値の形式	note コメントおよび追記のすべて フリーテキスト 言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合 がある。
	例 コメント	《INSDQualifier_value》Heme (covalent)《/INSDQualifier_value》 以下の feature key の必須 qualifier は qualifier 「note」である。 feature key「BINDING」, feature key「CARBOHYD」、featurekey「CROSSLNK」、feature key「DISULFID」、feature key「DNA_BIND」、feature key「DOMAIN」、feature key 「LIPID」、feature key「METAL」、feature key「MOD_RES」、feature key「NP_BIND」、 feature key「SITE」および、feature key「ZN_FING」。
8. 3.	qualifier 定義 値の形式	organism ペプチドを有する生物の学名 フリーテキスト 言語依存:この値は、国際的/国内的/広域的な手続きのために翻訳が必要な場合 がある。
	例 コメント	くINSDQualifier_value>Homo sapiens qualifier「organism」は、feature key「source」の必須 qualifier である。

#### 第9節:遺伝暗号表

表7は、コードされた配列を翻訳するために使用される遺伝暗号表を再現している。 qualifier 「trans\_table」の値は、対応する遺伝暗号表に割り当てられた番号である。 feature「CDS」に translation qualifier が記載されていても qualifier「transl\_table」が記載されていない場合は、デフォルトで1 - Standard Code が翻訳に使用される(注:遺伝暗号表7、8、15、17から20は存在しないため、これらの番号は表7には記載されていない)。

#### 表7:遺伝暗号表

```
1 - Standard Code
AAS = FFLLSSSSYY**CC*WLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG.
Base2 = ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaagggg...
2 - Vertebrate Mitochondrial Code
AAS = FFLLSSSSYY**CCWWLLLLPPPPHHQQRRRRIIMMTTTTNNKKSS**VVVVAAAADDEEGGGG.
Base2 = ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaagggg...
3 - Yeast Mitochondrial Code ₽
AAS = FFLLSSSSYY**CCWWTTTTPPPPHHQQRRRRIIMMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG.
Base2 = ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaagggg...
4 - Mold, Protozoan, Coelenterate Mitochondrial Code & ₽
            Mycoplasma/Spiroplasma Code₽
AAS = FFLLSSSSYY**CCWWLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG.
Base2 = ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaagggg...
5 - Invertebrate Mitochondrial Code ₽
AAS = FFLLSSSSYY**CCWWLLLLPPPPHHQQRRRRIIMMTTTTNNKKSSSSVVVVAAAADDEEGGGG.
Base2 = ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggtttttccccaaaagggg...
6 - Ciliate, Dasycladacean and Hexamita Nuclear Code €
AAS = FFLLSSSSYYQQCC*WLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG.
Starts =
Base2 = ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaagggg...
```

```
9 - Echinoderm and Flatworm Mitochondrial Code ₽
AAS = FFLLSSSSYY**CCWWLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNNKSSSSVVVVAAAADDEEGGGG.
Base2 = ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaagggg...
AAS = FFLLSSSSYY**CCCWLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG.
Base2 = ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaagggg.
11 - Bacterial, Archaeal, and Plant Plastid Code₽
AAS = FFLLSSSSYY**CC*WLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG.
Base2 = ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaagggg...
12 - Alternative Yeast Nuclear Code
AAS = FFLLSSSSYY**CC*WLLLSPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG.
   Base2 = ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaagggg...
13 - Ascidian Mitochondrial Code ₽
AAS = FFLLSSSSYY**CCWWLLLLPPPPHHQQRRRRIIMMTTTTNNKKSSGGVVVVAAAADDEEGGGG.
{\tt Base2} \quad = \quad {\tt ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaagggg} \ . \\
14 - Alternative Flatworm Mitochondrial Code ₽
AAS = FFLLSSSSYYY*CCWWLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNNKSSSSVVVVAAAADDEEGGGG.
ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaagggg...
16 - Chlorophycean Mitochondrial Code ₽
AAS = FFLLSSSSYY*LCC*WLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG.
Base2 = ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaagggg...
```

```
21 - Trematode Mitochondrial Code ₽
   FFLLSSSSYY**CCWWLLLLPPPPHHQQRRRRIIMMTTTTNNNKSSSSVVVVAAAADDEEGGGG.
   Starts =
Base2 = ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaagggg.
22 - Scenedesmus obliquus Mitochondrial Code 

AAS = FFLLSS*SYY*LCC*WLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG.
Base2 = ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaagggg.
AAS = FF*LSSSSYY**CC*WLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG.
   Starts =
Base2 = ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaagggg.
AAS = FFLLSSSSYY**CCWWLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSSKVVVVAAAADDEEGGGG.
Base2 = ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaagggg.
AAS = FFLLSSSSYY**CCGWLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG.
Base2 = ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaagggg...
AAS = FFLLSSSSYY**CC*WLLLAPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG.
Base2 = ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaagggg...
27 - Karyorelict Nuclear Code ₽
AAS = FFLLSSSSYYQQCCWWLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG.
Starts = -----*----*------M------M------
Base2 = ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaagggg...
```

```
28 - Condylostoma Nuclear Code ₽
AAS = FFLLSSSSYYQQCCWWLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG.
Base2 = ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaagggg...
29 - Mesodinium Nuclear Code
AAS = FFLLSSSSYYYYCC*WLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG.
Base2 = ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaagggg.
30 - Peritrich Nuclear Code ₽
AAS = FFLLSSSSYYEECC*WLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG ..
Base2 = ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaagggg...
31 - Blastocrithidia Nuclear Code ₽
AAS = FFLLSSSSYYEECCWWLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG.
Base2 = ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaagggg...
33 - Cephalodiscidae Mitochondrial UAA-Tyr Code₽
AAS = FFLLSSSSYYY*CCWWLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSSKVVVVAAAADDEEGGGG.
Base2 = ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaagggg...
```

# 附属書Ⅱ 配列表の文書型定義(DTD)

Ver. 1.3

<pre><?xml version="1.0" encoding="UTF-8"?> <!--Annex II of WIPO Standard ST.26, Document Type Definition (DTD) for Sequence Listing</pre--></pre>
This entity may be identified by the PUBLIC identifier:  ***********************************
PUBLIC "-//WIPO//DTD SEQUENCE LISTING 1.3//EN" "ST26SequenceListing_V1_3.dtd" ***********************************
* PUBLIC DTD URL
* https://www.wipo.int/standards/dtd/ST26SequenceListing_V1_3.dtd
* Revision of Annex II to WIPO Standard ST.26 was approved by the Committee on WIPO * Standards (CWS) at its tenth session.
**************************************
**************************************
**************************************
**************************************
**************************************
**************************************
Changes: - Optional originalFreeTextLanguageCode attribute added to to allow applicants to indicate the language of the free text in the original sequence listing.
<ul> <li>Optional nonEnglishFreeTextLanguageCode attribute added to to allow applicants to indicate the language of the free text provided in the element .</li> <li>Optional id attribute added to INSDQualifier to facilitate comparison of language - dependent</li> </ul>
qualifier values between sequence listings.  - Optional element added to element to allow applicants to type language-dependent qualifiers in a non-English Language with the characters set forth in paragraph 40(a) of the ST.26 main body document.
2018-10-19: Version 1.2 approved at CWS/6.
Changes: <insdqualifier*> changed to <insdqualifier+> for alignment with business needs and advice from NCBI (an INSDFeature_quals element (if present) should have one or more INSDQualifier elements).</insdqualifier+></insdqualifier*>
2017-06-02: Version 1.1 approved at the CWS/5 Changes:

```
Comments added to <INSDSeq length>, <INSDSeq division> and <INSDSeq sequence> to clarify the
reason of the differences between the INSDC DTD v.1.5 and ST26 Sequence Listing DTD V1 1.
2016-03-24: Version 1.0 adopted at the CWS/4Bis
2014-03-11: Final draft for adoption.
***************
ST26SequenceListing
***********************
*******************
<!ELEMENT ST26SequenceListing ((ApplicantFileReference | (ApplicationIdentification,
ApplicantFileReference?)), EarliestPriorityApplicationIdentification?, (ApplicantName,
ApplicantNameLatin?)?, (InventorName, InventorNameLatin?)?, InventionTitle+,
SequenceTotalQuantity, SequenceData+)>
<!--The elements ApplicantName and InventorName are optional in this DTD to facilitate
the conversion between various encoding schemes-->
<!--originalFreeTextLanguageCode:
The language code (see reference in paragraph 9 to ISO 639-1:2002) for the single original language
in which the language-dependent free text qualifiers (NonEnglishQualifier value) were prepared.
-->
<!--nonEnglishFreeTextLanguageCode:
The language code (see reference in paragraph 9 to ISO 639-1:2002) for the language in which
the language-dependent free text qualifiers (NonEnglishQualifier value) currently correspond.
<!--fileName:
By default the file name will be set to the value provided for the project name in WIPO Sequence.
If the value is identical to the actual ST.26 XML filename, it should be noted that Offices
may enforce their requirements for the filename used which may restrict which characters are
allowable for submitted electronic files. It is also acceptable for the value of the filename
attribute and the actual file name to be different. Please refer to the WIPO Sequence and ST.26
Knowledge Base for further details on Offices' naming conventions for electronic files
<!ATTLIST ST26SequenceListing
           dtdVersion CDATA #REQUIRED
           fileName CDATA #IMPLIED
            softwareName CDATA #IMPLIED
            softwareVersion CDATA #IMPLIED
            productionDate CDATA #IMPLIED
            originalFreeTextLanguageCode CDATA #IMPLIED
            nonEnglishFreeTextLanguageCode CDATA #IMPLIED
<!--ApplicantFileReference
Applicant's or agent's file reference, mandatory if application identification not provided.
<!ELEMENT ApplicantFileReference (#PCDATA)>
<!--ApplicationIdentification
Application identification for which the sequence listing is submitted, when available.
<!ELEMENT ApplicationIdentification (IPOfficeCode, ApplicationNumberText, FilingDate?)>
<!--EarliestPriorityApplicationIdentification
Identification of the earliest priority application, which contains IPOfficeCode,
ApplicationNumberText and FilingDate elements.
<!ELEMENT EarliestPriorityApplicationIdentification (IPOfficeCode, ApplicationNumberText,
FilingDate?)>
```

```
<!--ApplicantName
The name of the first mentioned applicant in characters set forth in paragraph 40(a) of the
ST.26 main body document.
-->
<!--languageCode: Appropriate language code from ISO 639-1-Codes for the representation of names
of languages - Part 1: Alpha-2
<!ELEMENT ApplicantName (#PCDATA)>
<!ATTLIST ApplicantName
            languageCode CDATA #REQUIRED
<!--ApplicantNameLatin
Where ApplicantName is typed in characters other than those as set forth in paragraph 40(b),
a translation or transliteration of the name of the first mentioned applicant must also be typed
in characters as set forth in paragraph 40(b) of the ST.26 main body document.
<!ELEMENT ApplicantNameLatin (#PCDATA)>
<!--InventorName
Name of the first mentioned inventor typed in the characters as set forth in paragraph 40(a).-->
<!--languageCode: Appropriate language code from ISO 639-1-Codes for the representation of names
of languages - Part 1: Alpha-2
<!ELEMENT InventorName (#PCDATA)>
<!ATTLIST InventorName
            languageCode CDATA #REQUIRED
<!--InventorNameLatin
Where InventorName is typed in characters other than those as set forth in paragraph 40(b),
a translation or transliteration of the first mentioned inventor may also be typed in characters
as set forth in paragraph 40(b).
-->
<!ELEMENT InventorNameLatin (#PCDATA)>
<!--InventionTitle
Title of the invention typed in the characters as set forth in paragraph 40(a) in the language
of filing. A translation of the title of the invention into additional languages may be typed
in the characters as set forth in paragraph 40(a) using additional InventionTitle elements.
The title of invention is should be between two to seven words.
<!--languageCode: Appropriate language code from ISO 639-1 - Codes
for the representation of names of languages - Part 1: Alpha-2
<!ELEMENT InventionTitle (#PCDATA)>
<!ATTLIST InventionTitle
            languageCode CDATA #REQUIRED
<!--SequenceTotalQuantity
Indicates the total number of sequences in the document.
Its purpose is to be quickly accessible for automatic processing.
-->
<!ELEMENT SequenceTotalQuantity (#PCDATA)>
<!--SequenceData
Data for individual Sequence.
For intentionally skipped sequences see the ST.26 main body document.
<!ELEMENT SequenceData (INSDSeq)>
<!ATTLIST SequenceData
```

```
sequenceIDNumber CDATA #REQUIRED
<!--IPOfficeCode
ST.3 code. For example, if the application identification is PCT/IB2013/099999, then IPOfficeCode
value will be "IB" for the International Bureau of WIPO.
<!ELEMENT IPOfficeCode (#PCDATA)>
<!--ApplicationNumberText
The application identification as provided by the office of filing (e.g. PCT/IB2013/099999)
<!ELEMENT ApplicationNumberText (#PCDATA)>
<!--FilingDate
The date of filing of the patent application for which the sequence listing is submitted in
ST.2 format "CCYY-MM-DD", using a 4-digit calendar year, a 2-digit calendar month and a 2-digit
day within the calendar month, e.g., 2015-01-31. For details, please see paragraphs 7 (a) and
11 of WIPO Standard ST.2.
-->
<!ELEMENT FilingDate (#PCDATA)>
<!--*****************************
* INSD Part
*******************
The purpose of the INSD part of this DTD is to define a customized DTD for sequence listings
to support the work of IP offices while facilitating the data exchange with the public repositories.
The INSD part is subset of the INSD DTD v1.5 and as such can only be used to generate an XML
instance as it will not support the complete INSD structure.
This part is based on:
The International Nucleotide Sequence Database (INSD) collaboration.
INSDSeq provides the elements of a sequence as presented in the GenBank/EMBL/DDBJ-style flatfile
formats. Not all elements are used here.
-->
<!--INSDSeq
Sequence data. Changed INSD V1.5 DTD elements, INSDSeq division and INSDSeq sequence from optional
to mandatory per business requirements.
-->
<!ELEMENT INSDSeq (INSDSeq length, INSDSeq moltype, INSDSeq division, INSDSeq other-seqids?,
INSDSeq feature-table?, INSDSeq sequence)>
<!--INSDSeq length
The length of the sequence. INSDSeq length allows only integer.
-->
<!ELEMENT INSDSeq length (#PCDATA)>
<!--INSDSeq moltype
Admissible values: DNA, RNA, AA
<!ELEMENT INSDSeq_moltype (#PCDATA)>
<!--INSDSeq division
Indication that a sequence is related to a patent application. Must be populated with the value
PAT.
<!ELEMENT INSDSeq division (#PCDATA)>
<!--INSDSeq other-seqids
```

In the context of data exchange with database providers, the IPOs should populate for each sequence the element INSDSeq other-seqids with one INSDSeqid containing a reference to the corresponding published patent and the sequence identification. --> <!ELEMENT INSDSeq other-seqids (INSDSeqid?)> <!--INSDSeq feature-table Information on the location and roles of various regions within a particular sequence. Whenever the element INSDSeq\_feature-table is used, it must contain at least one feature. <!ELEMENT INSDSeq\_feature-table (INSDFeature+)> <!--INSDSeq sequence The residues of the sequence. The sequence must not contain numbers, punctuation or whitespace characters. --> <!ELEMENT INSDSeq\_sequence (#PCDATA)> <!--INSDSegid Intended for the use of IPOs in data exchange only. Format: pat|{office code}|{publication number}|{document kind code}|{Sequence identification number} where office code is the code of the IP office publishing the patent document, publication number is the publication number of the application or patent, document kind code is the letter codes to distinguish patent documents as defined in ST.16 and Sequence identification number is the number of the sequence in that application or patent Example: pat|WO|2013999999|A1|123456 This represents the 123456th sequence from WO patent publication No. 2013999999 (A1) <!ELEMENT INSDSeqid (#PCDATA)> <!--INSDFeature Description of one feature. <!ELEMENT INSDFeature (INSDFeature\_key, INSDFeature\_location, INSDFeature\_quals?)> <!--INSDFeature key A word or abbreviation indicating a feature. <!ELEMENT INSDFeature key (#PCDATA)> <!--INSDFeature location Region of the presented sequence which corresponds to the feature. <!ELEMENT INSDFeature location (#PCDATA)> <!--INSDFeature quals List of qualifiers containing auxiliary information about a feature. <!ELEMENT INSDFeature quals (INSDQualifier+)> <!--INSDOualifier Additional information about a feature. For coding sequences and variants see the ST.26 main body document. <!--id Unique identifier for the INSDQualifier to facilitate comparison of versions of a sequence listing

85

specifically having language-dependent qualifier values in different languages.

-->

```
<!ELEMENT INSDQualifier (INSDQualifier name, INSDQualifier value?,
NonEnglishQualifier value?)>
<!ATTLIST INSDQualifier
            id ID #IMPLIED
<!--INSDQualifier name
Name of the qualifier.
-->
<!ELEMENT INSDQualifier name (#PCDATA)>
<!--INSDQualifier_value
Value of the qualifier. Where the qualifier is language dependent its value must be in the English
language and typed with the characters set forth in paragraph 40 (b).
<!ELEMENT INSDQualifier_value (#PCDATA)>
<!--NonEnglishQualifier_value
Value of a language-dependent qualifier in a language that is not English and typed with the
characters set forth in paragraph 40 (a). The language is indicated with the attribute
{\tt nonEnglishFreeTextLanguageCode.}
-->
<!ELEMENT NonEnglishQualifier_value (#PCDATA)>
```

86

附属書Ⅲ 配列表の実例(XMLファイル)

Ver. 1.4

附属書Ⅲは以下のサイトで閲覧可能。:

 $\frac{\text{https://www.wipo.int/standards/en/xml\_material/st26/st26-annex-iii-sequence-listing-specimen}{.\,xml}$ 

#### Ver. 1.3

アンパサンド文字(&のこと)(0026)は、予め定義された文字実体の一部としてのみ許可される。引用符(0022)、アポストロフィ(0027)、不等号(小号、003C)および不等号(大号、003E)は、それぞれ定義済み実体で表示しなければならない。また、アンパサンド文字(&のこと)(0026)は、属性値や要素の内容の中でアンパサンドとして使用される場合には、予め定義された文字実体で表されなければならない。

Unicode	Character	Name
code point	Character	Name
0020		SPACE
0021	į.	EXCLAMATION MARK
0022	п	QUOTATION MARK
0023	#	NUMBER SIGN
0024	\$	DOLLAR SIGN
0025	%	PERCENT SIGN
0026	&	AMPERSAND
0027		APOSTROPHE
0028	(	LEFT PARENTHESIS
0029	)	RIGHT PARENTHESIS
002A	*	ASTERISK
002B	+	PLUS SIGN
002C	,	COMMA
002D	-	HYPHEN-MINUS
002E		FULL STOP
002F	1	SOLIDUS
0030	0	DIGIT ZERO
0031	1	DIGIT ONE
0032	2	DIGIT TWO
0033	3	DIGIT THREE
0034	4	DIGIT FOUR
0035	5	DIGIT FIVE
0036	6	DIGIT SIX
0037	7	DIGIT SEVEN
0038	8	DIGIT EIGHT
0039	9	DIGIT NINE
003A	:	COLON
003B	;	SEMICOLON
003C	<	LESS-THAN-SIGN
003D	=	EQUALS SIGN
003E	>	GREATER-THAN-SIGN
003F	?	QUESTION MARK
0040	@	COMMERCIAL AT
0041	A	LATIN CAPITAL LETTER A
0042	В	LATIN CAPITAL LETTER B
0043	С	LATIN CAPITAL LETTER C
0044	D	LATIN CAPITAL LETTER D
0045	E	LATIN CAPITAL LETTER E
0046	F	LATIN CAPITAL LETTER F
0047	G	LATIN CAPITAL LETTER G
0048	Н	LATIN CAPITAL LETTER H
0049	I	LATIN CAPITAL LETTER I
004A	J	LATIN CAPITAL LETTER J

Unicode code point	Character	Name
004B	K	LATIN CAPITAL LETTER K
004C	L	LATIN CAPITAL LETTER L
004D	M	LATIN CAPITAL LETTER M
004E	N	LATIN CAPITAL LETTER N
004F	0	LATIN CAPITAL LETTER O
0050	P	LATIN CAPITAL LETTER P
0051	Q	LATIN CAPITAL LETTER Q
0052	Ř	LATIN CAPITAL LETTER R
0053	S	LATIN CAPITAL LETTER S
0054	Ť	LATIN CAPITAL LETTER T
0055	Ü	LATIN CAPITAL LETTER U
0056	V	LATIN CAPITAL LETTER V
0057	W	LATIN CAPITAL LETTER W
0058	X	LATIN CAPITAL LETTER X
0059	Y	LATIN CAPITAL LETTER Y
005A		LATIN CAPITAL LETTER Z
005A	1	LEFT SQUARE BRACKET
005C	<u> </u>	REVERSE SOLIDUS
005D	1	RIGHT SQUARE BRACKET
005E		CIRCUMFLEX ACCENT
005E		LOW LINE
0060	<del>,</del>	GRAVE ACCENT
0061		LATIN SMALL LETTER A
0062	a	LATIN SMALL LETTER B
	b	
0063	C	LATIN SMALL LETTER C
0064 0065	d	LATIN SMALL LETTER D LATIN SMALL LETTER E
0066	<u>e</u> f	LATIN SMALL LETTER F
0067 0068	<u>g</u>	LATIN SMALL LETTER G LATIN SMALL LETTER H
0069	h :	LATIN SMALL LETTER I
006A	<u> </u>	LATIN SMALL LETTER I
006B	k	LATIN SMALL LETTER K
006C	ı	LATIN SMALL LETTER L
006D	m	LATIN SMALL LETTER M
006E 006F	n	LATIN SMALL LETTER N LATIN SMALL LETTER O
006F	0	LATIN SMALL LETTER O  LATIN SMALL LETTER P
0070	p g	LATIN SMALL LETTER Q
0071	q r	LATIN SMALL LETTER Q  LATIN SMALL LETTER R
0072	S	LATIN SMALL LETTER R
0074	t	LATIN SMALL LETTER T
0074	u	LATIN SMALL LETTER U
0076	v	LATIN SMALL LETTER V
0077	w	LATIN SMALL LETTER W
0078	X	LATIN SMALL LETTER X
0079	У	LATIN SMALL LETTER Y
007A	Z	LATIN SMALL LETTER Z
007B	{	LEFT CURLY BRACKET
007C		VERTICAL LINE
007D	}	RIGHT CURLY BRACKET
007E	~	TILDE

(補足資料1)

配列表の提出について

1. 提出方法の概要

出は不要。

配列表の提出方法は以下のとおりです。

- (1) 国内出願
  - ①出願時(特許法施行規則第27条の5第1項及び第15項) (書面手続)配列表を記録した磁気ディスクを願書に添付して提出 (OL手続)配列表ファイルを明細書の【配列表】の下にリンクして提出
  - ②外国語書面出願の翻訳文提出時(特許法施行規則第27条の5第11項及び第15項) (書面手続)配列表を記録した磁気ディスクを翻訳文提出書に添付して提出 (OL手続)配列表ファイルを明細書翻訳文の【配列表】の下にリンクして提出 ※本ガイドラインに準拠し、かつ、言語依存フリーテキストを含まない又は言語依存フリーテキストが少なくとも英語で記載された配列表を願書に添付して提出した場合、翻訳文提出時の提
  - ③日本語特許出願の国内移行時(特許法施行規則第38条の13の2第1項、15項及び特許法施行規則第27条の5第10項)

(書面手続) 配列表を記録した磁気ディスクを陳述書とともに物件提出書に添付して提出

- (OL手続) 電子特殊申請において、配列表ファイルを陳述書とともに物件提出書の添付物件 として提出
- ※国際出願時に、本ガイドラインに準拠し、かつ、言語依存フリーテキストを含まない又は言 語依存フリーテキストが少なくとも英語で記載された配列表を提出した場合、国内移行時の 提出は不要。
- ④外国語特許出願の国内移行時(特許法施行規則第38条の13の2第2項及び第14項) (書面手続)配列表を記録した磁気ディスクを国内書面又は国際出願翻訳文提出書に添付して提 出
  - (OL手続) 配列表ファイルを明細書翻訳文の【配列表】の下にリンクして提出
  - ※国際出願時に、本ガイドラインに準拠し、かつ、言語依存フリーテキストを含まない又は言語 依存フリーテキストが少なくとも英語で記載された配列表を提出した場合、国内移行時の提出 は不要。
- ⑤手続補正又は誤訳訂正時(特許法施行規則第27条の5第3項、第4項及び第15項) (書面手続)配列表を記録した磁気ディスクを手続補正書又は誤訳訂正書に添付して提出 (OL手続)配列表ファイルを手続補正書又は誤訳訂正書の【補正の内容】又は【訂正の内容】 の下にリンクして提出
- ⑥明細書の一部とみなされない配列表の提出時(特許法施行規則第27条の5第9項、第10項及び 第16項)

(書面手続) 配列表を記録した磁気ディスクを陳述書とともに物件提出書に添付して提出

(OL手続) 電子特殊申請において、配列表ファイルを陳述書とともに物件提出書の添付物件と して提出

- ⑦手続補完又は明細書等補完時(特許法施行規則第27条の5第5項、第7項及び第15項) (書面手続)配列表を記録した磁気ディスクを手続補完書又は明細書等補完書に添付して提出 (OL手続)電子特殊申請において、配列表ファイルを手続補完書又は明細書等補完書の添付物 件として提出
- ⑧先願参照出願の明細書等提出時(特許法施行規則第27条の5第6項及び第15項)(書面手続)配列表を記録した磁気ディスクを明細書等提出書に添付して提出(OL手続)電子特殊申請において、配列表ファイルを明細書等提出書の添付物件として提出

# (2) 国際出願

①出願時(特許協力条約に基づく国際出願等に関する法律施行規則(以下、「国際出願法施行規則」 という)第50条の3第1項及び第10項)

(書面手続) 配列表を記録した磁気ディスクを願書に添付して提出

(OL手続) 配列表ファイルを明細書の【配列表】の下にリンクして提出

②手続補正又は訂正請求時(国際出願法施行規則第50条の3第5項及び第10項)

(書面手続) 配列表を記録した磁気ディスクを手続補正書又は訂正請求書に添付して提出

- (OL手続)電子特殊申請において、配列表ファイルを手続補正書又は訂正請求書の添付物件と して提出
- ③手続補完又は手続補充時(国際出願法施行規則第50条の3第3項及び第10項)

(書面手続) 配列表を記録した磁気ディスクを手続補完書又は手続補充書に添付して提出

- (OL手続)電子特殊申請において、配列表ファイルを手続補完書又は手続補充書の添付物件と して提出
- ④命令に基づく配列表の提出時(国際出願法施行規則第50条の3第7項及び第11項)

(書面手続) 配列表を記録した磁気ディスクを陳述書とともに提出書に添付して提出

(OL手続) 電子特殊申請において、配列表ファイルを陳述書とともに提出書の添付物件として 提出

## 2. 磁気ディスクによる提出について

平成9年4月より、特許庁では、遺伝子関連出願の増加に対処して審査処理を迅速に行うと共に、三極特許庁(日本国特許庁、欧州特許庁、米国特許庁)間での遺伝子配列データ交換及び一般への遺伝子配列データ公開を円滑に行うために、塩基配列又はアミノ酸配列を含む出願の際、配列表のコードデータ提出を求めています。

一方、配列表に関する PCT 規則及び WIPO 標準 ST. 25 が改正されたのに伴い、特許庁では、コードデータをフレキシブルディスク (FD) で提出する際の FD への記録方式を一部改正し、平成 10 年 7 月 1 日以降の出願に適用していました。また、平成 13 年 6 月 1 日より、コードデータを提出する際の媒体として従来の FD に加え、CD-R も利用できるように改正されました。さらに、令和 4 年 7 月 1 日より、媒体として DVD-R も利用できるように改正されました。

◎提出する磁気ディスクは、望ましくは、CD-R (日本産業規格 X6282 に準拠する直径 120mm のもの)、DVD-R (日本産業規格 X6249 に準拠する直径 120mm のもの)又は DVD-R for DL (日本産業規格 X6252 に準拠する直径 120mm のもの)を用いて下さい。

- ◎一つの磁気ディスクに一つの出願分の配列表が入りきらないときは、〈/SequenceData〉タグの直後で分断して記録してください。
- ◎CD-R、DVD-R 又は DVD-R for DL の場合はラベル面(データの記録面と反対側の面)に以下の事項を記載してください。
  - (1) 標題(「配列表を記録した磁気ディスク」)
  - (2) 事件の表示(出願番号等)
  - (3) 提出者(出願人又は代理人)
  - (4) 磁気ディスクの通し番号
  - 3. 陳述書について 陳述書は以下の書式で作成してください。
  - (1) 国内出願

(書面手続の場合)

#### 陳述書

特許庁長官殿

本書に添付した磁気ディスクに記録した塩基配列又はアミノ酸配列は、願書に最初に添付した明細書、特許請求の範囲又は図面に記載した事項の範囲を超えていないことを陳述します。

令和 年 月 日

事件の表示 発明の名称 特許出願人 ・代理人

## (OL手続の場合)

## 陳述書

特許庁長官殿

本書とともに提出する塩基配列又はアミノ酸配列は、願書に最初に添付した明細書、特許請求の範囲又は図面に記載した事項の範囲を超えていないことを陳述します。

令和 年 月 日

事件の表示 発明の名称 特許出願人 ・代理人

※国内出願時及び国際出願の国内移行段階に提出する陳述書においては、押印不要です(特許法施 行規則様式第22)。

# (2) 国際出願

陳述書

特許庁長官殿

本書とともに提出する塩基配列又はアミノ酸配列は、国際出願の出願時における明細書、請求の範囲又は図面に記載した事項の範囲を超えていないことを陳述します。

令和 年 月 日

国際出願の表示 発明の名称 特許出願人 ・代理人

(署名: )

※国際出願時に提出する陳述書においては、特許出願人・代理人の署名が必要です(国際出願法施行規則様式第15)。

1. についての問合せ先:調整課審査基準室(電話:03-3581-1101 内線3112) 2. 及び3. についての問合せ先:調整課審査推進室(電話:03-3581-1101 内線2456)

# (補足資料2)

配列表作成支援ツールについて

WIPO は、ST. 26 に準拠した配列表の作成を支援するツール "WIPO Sequence"を開発しています。 出願日等の必要情報を入力することで、XML を自動生成することが可能となります。また、入力され た配列を可読形式で整形表示する機能や、入力された情報が ST. 26 に準拠しているか否かを検証し、準 拠していない場合にエラーレポートを生成する機能も搭載されています。

WIPO のホームページからダウンロードできますので、ご利用ください。

WIPO Sequence Suite (<a href="https://www.wipo.int/standards/ja/sequence/index.html">https://www.wipo.int/standards/ja/sequence/index.html</a>)

問合せ先:調整課審査推進室(電話:03-3581-1101 内線 2456)