



Ministério do Desenvolvimento, Indústria e Comércio Exterior

INSTITUTO NACIONAL DA PROPRIEDADE INDUSTRIAL

RESOLUÇÃO Nº 81, DE 28 DE MARÇO DE 2013
(Publicada no DOU de 3-4-2013)

ANEXO(*)

REGRAS PARA APRESENTAÇÃO E REPRESENTAÇÃO De SEQUÊNCIAS DE AMINOÁCIDOS E DE NUCLEOTÍDEOS na "Listagem de sequências" no formato ompi st.25

1. Das definições:

1.1 Identificador de sequências é um número inteiro único que corresponde a SEQ ID NO: assinalada para cada sequência da listagem de sequências, sendo que a primeira sequência definida na "Listagem de Sequências", SEQ ID NO: 1, deve ser a sequência mais importante da invenção.

1.2 Identificador numérico é um número de três dígitos que representa um elemento específico de dados, alocado entre os símbolos < >.

1.3 Vocabulário linguisticamente neutro corresponde a um vocabulário padrão que se utiliza na listagem de sequências para representar os termos científicos no formato prescrito por provedores de dados de sequências (incluindo o nome científico, os qualificadores e seus valores em relação ao vocabulário, os símbolos das Tabelas 1, 2, 3 e 4 e as chaves de caracterização que figuram nas Tabelas 5 e 6).

1.4 Texto livre é a descrição textual das características de uma sequência em virtude do identificador numérico <223> (Outra informação), na qual se emprega um vocabulário distinto do vocabulário linguisticamente neutro definido no item 1.3.

2. Da representação das sequências biológicas no formato OMPI ST.25:

2.1 Cada sequência deverá ser assinalada com um identificador de sequência distinto. Os identificadores de sequências deverão ser iniciados com o número 1 e irão aumentando sequencialmente por números inteiros tais como "SEQ ID NO:1", "SEQ ID NO:2", "SEQ ID NO:3, etc.

2.2 No relatório descritivo, nas reivindicações e nos desenhos do pedido, as sequências representadas na listagem de sequências deverão ser referidas mediante o identificador de sequência precedido de "SEQ ID NO:".

2.3 As sequências de nucleotídeos e de aminoácidos deverão estar representadas por pelo menos uma das três possibilidades seguintes:

(i) uma sequência de nucleotídeos pura;

(ii) uma sequência de aminoácidos pura;

(iii) uma sequência de nucleotídeos e a correspondente sequência de aminoácidos.

2.4 Nas sequências representadas no formato especificado na opção (iii), a sequência de aminoácidos deverá ser adicionalmente revelada na listagem de sequências como uma sequência de aminoácidos pura e com um identificador de sequência diferente, composto por um número inteiro.

3. Do formato e dos símbolos que devem ser utilizados em sequências de nucleotídeos:

3.1 Toda sequência de nucleotídeos deverá ser representada unicamente por fita simples, no sentido 5' para 3' e da esquerda para a direita.

3.2 Toda sequência de nucleotídeos deverá ser representada por um máximo de 60 bases por linha, tendo um espaço entre cada grupo de 10 bases.

3.3 As bases das regiões codificadoras de uma sequência de nucleotídeos deverão figurar como tripletes (códon).

3.4 As bases de uma sequência de nucleotídeos deverão ser representadas usando o código de uma letra para os caracteres de nucleotídeos de sequência. Somente deverão ser usadas letras minúsculas, em conformidade com a listagem fornecida na Tabela 1.

3.5 As bases modificadas deverão ser representadas mediante as bases correspondentes não modificadas ou mediante o caractere "n" na própria sequência, caso a base modificada é uma das que figurem na Tabela 2.

4. Do formato e dos símbolos que devem ser utilizados em sequências de aminoácidos:

4.1 Toda sequência de proteína ou de peptídeo deverá ser representada com um máximo de 16 aminoácidos por linha, deixando um espaço entre cada aminoácido.

4.2 Os aminoácidos correspondentes aos códon das regiões codificadoras de uma sequência de nucleotídeos, deverão figurar imediatamente abaixo dos códon correspondentes. Quando um códon estiver interrompido por um íntron, o símbolo do aminoácido figurará debaixo da porção do códon que contenha dois nucleotídeos.

4.3 A numeração dos aminoácidos deverá ser iniciada no primeiro aminoácido da sequência com o número 1.

4.4 Alternativamente, os aminoácidos que precedem a proteína madura, por exemplo, as pré-sequências, as pró-sequências e as pré-pró-sequências, assim como as sequências sinal, quando existentes, poderão ter números negativos, contados em forma regressiva, a partir do aminoácido adjacente ao número 1.

4.5 Não se empregará o zero (0) quando a numeração dos aminoácidos empregar números negativos para distinguir a proteína madura.

4.6 Toda sequência de aminoácidos composta por um ou mais segmentos não contínuos de uma sequência maior ou de segmentos de sequências diferentes, deverá ser numerada como uma sequência distinta e com um identificador de sequência diferente.

4.7 Os aminoácidos de uma sequência de proteína ou de peptídeo deverão ser representados no sentido do grupamento amino para o grupamento carboxila e da esquerda para a direita.

4.8 Os aminoácidos deverão ser representados utilizando o código de três letras, sendo a primeira letra uma letra maiúscula, em conformidade com a listagem dada na Tabela 3.

5. Dos elementos de dados obrigatórios:

5.1 A listagem de sequências deverá incluir, em adição a, e imediatamente antes da sequência de nucleotídeos e/ou aminoácidos, os seguintes elementos de informação (elementos de dados obrigatórios):

<110>	Nome do requerente
<120>	Título da invenção
<160>	Número total de SEQ ID NOS
<210>	SEQ ID NO:
#<211>	Comprimento
<212>	Tipo
<213>	Organismo
<400>	Sequência

Quando o nome do requerente (identificador numérico <110>) estiver escrito em caracteres outros que não os pertencentes ao alfabeto latino, também deverá aparecer em caracteres do alfabeto latino, seja como uma simples transliteração do nome ou através da sua tradução para o inglês.

5.2 Se for empregado na sequência o caractere "n" ou Xaa", ou uma base modificada, ou um L-aminoácido modificado ou pouco comum, os seguintes elementos de dados serão obrigatórios:

<220>	Característica
<221>	Nome/chave
<222>	Localização
<223>	Outra informação

5.3 Se o organismo (identificador numérico <213>) é uma "Sequência artificial" ou "Desconhecida", os seguintes elementos de dados são obrigatórios:

<220>	Característica
<223>	Outra informação

5.4 Quando uma listagem de sequências é apresentada em conjunto com o pedido de patente no ato de seu depósito ou em qualquer momento antes da designação de um número de depósito ao mesmo, o seguinte elemento de dados deverá estar incluído obrigatoriamente na listagem de sequências:

<130>	Número de referência pessoal (indicado pelo requerente)
-------	---

5.5 Quando uma listagem de sequências é apresentada em resposta a uma exigência emitida por este INPI ou a qualquer momento após a designação de um número de depósito, os seguintes elementos de dados deverão estar obrigatoriamente incluídos na "Listagem de Sequências":

<140>	Número do pedido de patente em trâmite
<141>	Data de depósito do pedido de patente

5.6 Além dos elementos de dados identificados acima, quando uma listagem de sequências é apresentada em relação a um pedido na qual se reivindica a prioridade de um pedido anterior, os seguintes elementos de dados deverão constar na "Listagem de Sequências":

<150>	Pedido de patente anterior (documento de prioridade)
<151>	Data de depósito do pedido de patente anterior (dia/mês/ano)

6. Da apresentação das características:

6.1 Quando características da sequência são apresentadas (ou seja, identificador numérico <220>), as mesmas deverão ser descritas mediante as "chaves de caracterização" definidas nas Tabelas 5 e 6.

7. Texto Livre:

7.1 A utilização do texto livre deverá estar limitada a uns poucos termos curtos que sejam indispensáveis para o entendimento da sequência.

7.2 Cada elemento de dados não excederá a quatro linhas com um máximo de 65 caracteres por linha.

7.3 Qualquer informação adicional deverá ser incluída na parte principal do relatório descritivo.

Identificadores Numéricos Obrigatórios

identificador numérico	Descrição do identificador numérico	Comentário
<110>	Nome do requerente	Quando o nome do requerente estiver escrito em caracteres diferentes dos que compõem o alfabeto latino, também deverá ser indicado em caracteres do alfabeto latino, seja como simples transliteração ou mediante a sua tradução para o inglês; havendo mais de um requerente, listar um nome por linha.
<120>	Título da invenção	Em língua vernácula
<130>	Número de referência do pedido	Obrigatório somente nas condições especificadas pelo item 5.4.
<140>	Pedido de patente em trâmite	Obrigatório somente nas condições especificadas pelo item 5.5.
<141>	Data de depósito do pedido de patente em trâmite	Obrigatório somente nas condições especificadas pelo item 5.5.
<150>	Pedido de patente anterior (prioridade)	Obrigatório somente na condição especificada pelo item 5.6.
<151>	Data de depósito do pedido de patente anterior (prioridade)	Obrigatório somente na condição especificada pelo item 5.6.
<160>	Número de SEQ ID Nos	Inclui o número total de SEQ ID NOS compreendidas na listagem de sequências
<210>	Informação sobre a SEQ ID NO:	#A resposta deverá estar composta por um número inteiro que represente a SEQ ID NO mostrada
<211>	Comprimento	Comprimento da sequência expressa em número de pares de bases ou de resíduos de aminoácidos
<212>	Tipo	Tipo de molécula DNA/RNA/PROTEÍNA que é mostrada na SEQ ID NO: #, ou seja, DNA, RNA ou PRT (proteína); se a sequência de nucleotídeos contiver fragmentos de DNA e de RNA, o tipo será "DNA"; além disso, a molécula combinada de DNA/RNA também deverá ser objeto de descrição na seção de características <220> a <223>
<213>	Organismo	Gênero e espécie (ou seja, o nome científico) ou "Sequência Artificial" (Artificial Sequence) ou "Desconhecido" (Unknown); adicionalmente, a sequência artificial ou o organismo desconhecido deverá ser também objeto de descrição na seção de características <220> a <223>
<220>	Característica	Obrigatório somente nas condições especificadas pelos itens 5.2 e 5.3. Caso contrário, deixe em branco.
<221>	Nome/chave	Obrigatório somente na condição especificada pelo item 5.2.
<222>	Localização	Obrigatório somente na condição especificada pelo item 5.2.
<223>	Outras informações	Obrigatório somente nas condições especificadas pelos itens 5.2 e 5.3.
<400>	Sequência	O elemento SEQ ID NO: deve ir depois do identificador numérico e deve figurar na linha anterior a sequência de fato

Tabela 1: Listagem de nucleotídeos

Símbolo	Significado	Origem da designação
a	a	adamina
g	g	guanina
c	c	citosina
t	t	timina
u	u	uracila
r	g ou a	purina
y	t/u ou c	pirimidina (pyrimidine)
m	a ou c	amino
k	g ou t/u	ceto (keto)
s	g ou c	interações fortes (strong interactions) 3 (três) pontes de hidrogênio
w	a ou t/u	interações fracas (weak interactions) 2 (duas) pontes de hidrogênio
b	g ou c ou t/u	que não seja a
d	a ou g ou t/u	que não seja c
h	a ou c ou t/u	que não seja g

v	a ou g ou c	que não seja t e nem u
n	a ou g ou c ou t/u, desconhecido ou outro	qualquer (any)

Tabela 2: Listagem de nucleotídeos modificados

Símbolo	Significado
ac4c	4-acetilcitidina
chm5u	5-(carboxihidroximetil)uridina
cm	2'-O-metilcitidina
cmnm5s2u	5-carboximetilaminometil-2-tiouridina
cmnm5u	5-carboximetilaminometiluridina
d	dihidrouridina
fm	2'-O-metilpseudouridina
gal q	beta, D-galactosilqueosine
gm	2'-O-metilguanosina
i	Inosina
i6a	N6-isopenteniladenosina
m1a	1-metiladenosina
m1f	1-metilpseudouridina
m1g	1-metilguanosina
m1i	1-metilinosina
m22g	2,2-dimetilguanosina
m2a	2-metiladenosina
m2g	2-metilguanosina
m3c	3-metilcitidina
m5c	5-metilcitidina
m6a	N6-metiladenosina
m7g	7-metilguanosina
mam5u	5-metilaminometiluridina
mam5s2u	5-metoxiaminometil-2-tiouridina
man q	beta, D-manosilqueosina
mcm5s2u	5-metoxicarbonilmetil-2-tiouridina
mcm5u	5-metoxicarbonilmetiluridina
mo5u	5-metoxiuridina
ms2i6a	2-metil-6-isopenteniladenosina
ms2t6a	N-((9-beta-D-ribofuranosil-2-metilpurina-6-il)carbamoil)treonina
mt6a	N-((9-beta-D-ribofuranosilpurina-6-il)N-metilcarbamoil)treonina
mv	5-metoxicarbonilmetoxiuridina
o5u	uridina-5-ácido oxiacético
osyw	wybutoxosina
p	pseudouridina
q	queosina
s2c	2-tiocitidina
s2t	5-metil-2-tiouridina
s2u	2-tiouridina
s4u	4-tiouridina
t	5-metiluridina
t6a	N-((9-beta-D-ribofuranosilpurina-6-il)-carbamoil)treonina
tm	2'-O-metil-5-metiluridina
um	2'-O-metiluridina
yw	wybutosina
x	3-(3-amino-3-carboxi-propil)uridina, (acp3)u

Tabela 3: Listagem de aminoácidos

Símbolo	Significado
Ala	Alanina
Cys	Cisteína
Asp	Ácido Aspártico
Glu	Ácido Glutâmico
Phe	Fenilalanina
Gly	Glicina
His	Histidina
Ile	Isoleucina
Lys	Lisina
Leu	Leucina
Met	Metionina
Asn	Asparagina
Pro	Prolina
Gln	Glutamina
Arg	Arginina
Ser	Serina
Thr	Treonina
Val	Valina
Trp	Triptofano
Tyr	Tirosina
Asx	Asp ou Asn
Glx	Glu ou Gln
Xaa	desconhecido ou outro

Tabela 4: Listagem de aminoácidos modificados ou pouco usuais

Símbolo	Significado
Aad	Ácido 2-aminoadípico
bAad	Ácido 3-aminoadípico
bAla	beta-Alanina, ácido beta-aminopropiônico
Abu	Ácido 2-aminobutírico
4Abu	Ácido 4-aminobutírico, ácido piperidínico
Acp	Ácido 6-aminocaprício
Ahe	Ácido 2-aminoheptanóico
Aib	Ácido 2-aminoisobutírico
bAib	Ácido 3-aminoisobutírico
Apm	Ácido 2-aminopimélico
Dbu	Ácido 2,4-diaminobutírico
Des	Desmosina
Dpm	Ácido 2,2'-diaminopimélico
Dpr	Ácido 2,3-diaminopropiônico
EtGly	N-etilglicina
EtAsn	N-etilasparagina
Hyl	Hidroxilisina
aHyl	alo-Hidroxilisina
3Hyp	3-Hidroxiprolina
4Hyp	4-Hidroxiprolina
Ide	Isodesmosina
alle	alo-Isoleucina
MeGly	N-metilglicina, sarcosina
Melle	N-metilisoleucina
MeLys	6-N-metilisina

MeVal	N-metilvalina
Nva	Norvalina
Nle	Norleucina
Orn	Ornitina

Tabela 5: Listagem das Chaves de Caracterização de Sequências de Nucleotídeos

Chave	Descrição
allele (alelo)	Existência de indivíduos ou estirpes relacionadas que contém formas estáveis e diferentes do mesmo gene e que diferem da sequência apresentada nesta localização (e talvez em outras)
attenuator (atenuador)	1) região do DNA onde ocorre controle da terminação da transcrição que controla a expressão de certos operadores bacterianos; 2) segmento de sequência localizado entre o promotor e o primeiro gene estrutural que causa terminação parcial da transcrição
C_region (região-C)	Região constante das cadeias leve e pesada das imunoglobulinas e das cadeias alfa, beta e gama do receptor de linfócitos T; inclui um ou mais exons, dependendo da cadeia em particular
CAAT_signal (sinal CAAT)	Região CAAT box; parte de uma sequência conservada situada à cerca de 75 pares de bases a montante do local de iniciação das unidades de transcrição eucarióticas e que pode estar envolvida na ligação da RNA polimerase sequência consenso= GG (C ou T) CAATCT
CDS (sequência codificadora)	Sequência codificadora (<i>coding sequence</i>); sequência de nucleotídeos que se corresponde com a sequência de aminoácidos de uma proteína (a localização inclui o códon de terminação); contém a tradução conceptual dos aminoácidos
conflict (conflito)	Determinações independentes da "mesma" sequência diferem neste local ou nesta região
D-loop (alça de deslocamento)	Alça de deslocamento (<i>Displacement loop</i>); região do DNA mitocondrial na qual uma sequência curta de RNA fita simples é pareada com uma das fitas do DNA, deslocando nesta região a outra fita de DNA pareada; também usada para descrever o deslocamento de uma região de fita simples em um DNA duplex por um invasor fita simples, na reação catalisada pela proteína RecA
D-segment (segmento de diversidade)	Segmento de diversidade (<i>Diversity segment</i>) da cadeia pesada das imunoglobulinas e da cadeia pesada do receptor de linfócitos T
enhancer (acentuador)	<i>Enhancer</i> ou acentuador é uma sequência que aumenta a utilização de (certos) promotores eucarióticos situados na mesma fita de DNA (feito em cis) e cuja ação pode efetuar-se com independência da orientação e da localização (5' ou 3') em relação ao promotor
exon (éxon)	Região do genoma que codifica para a porção do RNA mensageiro processado (<i>spliced mRNA</i>); pode conter a região 5'UTR, todas as sequências codificadoras (CDS) e a região 3'UTR
GC_signal (sinal GC)	Região GC box; região conservada rica em GC e localizada antes do ponto de iniciação das unidades de transcrição eucarióticas e que pode adotar a forma de múltiplas cópias e produzir-se em ambos os sentidos (5' ou 3') sequência consenso= GGGCGG
gene (gene)	Região de interesse biológico identificada como sendo um gene e para a qual foi designado um nome; ácido nucléico codificador
iDNA (DNA de intervenção)	DNA de intervenção (<i>intervening DNA</i>); DNA que é eliminado em diferentes tipos de recombinação
intron (íntron)	Segmento de DNA que é transcrito, porém logo removido da nova molécula de RNA pelo processo de <i>splicing</i> do RNA, ocasionando junção dos exons que flanqueiam os íntrons
J_segment (segmento de ligação)	Segmento de ligação (<i>Joining segment</i>) das cadeias leve e pesada das imunoglobulinas e das cadeias alfa, beta e gama do receptor de célula T
LTR (sequências repetitivas longas)	LTRs (<i>Long Terminal Repeat</i>) são sequências repetitivas longas encontradas em cada extremidade (5' e 3') de uma sequência tal como a que é tipicamente encontrada nos retrovírus
mat_peptide (sequência codificadora de um peptídeo)	Sequência codificadora de um peptídeo ou de uma proteína madura; sequência codificadora do peptídeo ou da proteína em sua condição madura ou final, seguida de modificação pós-tradução; a localização não inclui o códon de terminação (diferentemente da CDS correspondente)
misc_binding	Região em um ácido nucléico que se liga covalentemente ou não com outra molécula e que não pode ser descrito por qualquer outra chave de ligação (<i>primer bind</i> ou <i>protein bind</i>)
misc_difference	A sequência caracterizada é diferente nesta posição, daquela apresentada na entrada e não pode ser descrita por nenhuma outra chave de diferença (<i>conflict</i> , <i>unsure</i> , <i>old sequence</i> , <i>mutation</i> , <i>variation</i> , <i>allele</i> ou <i>modified base</i>)
misc_feature	Região de interesse biológico que não pode ser descrita por nenhuma outra chave de característica; uma característica nova ou pouco comum
misc_recomb	Sítio de qualquer recombinação generalizada, sítio-específica ou replicativa, por onde se produz a excisão e ligação de DNA duplex e que não pode ser descrita por nenhuma outra chave de recombinação (<i>iDNA</i> ou <i>virion</i>) e nem por qualificadores da chave de origem (<i>insertion seq.</i> , <i>transposon</i> , <i>proviral</i>)
misc_RNA	Qualquer porção transcrita ou RNA que não pode ser definida por nenhuma outra chave de RNA (<i>prim transcript</i> , <i>precursor RNA</i> , <i>mRNA</i> , <i>5'clip</i> , <i>3'clip</i> , <i>5'UTR</i> , <i>exon</i> , <i>CDS</i> , <i>sig_peptide</i> , <i>transit_peptide</i> , <i>mat_peptide</i> , <i>intron</i> , <i>polyA_site</i> , <i>rRNA</i> , <i>tRNA</i> , <i>scRNA</i> ou <i>snRNA</i>)
misc_signal	Qualquer região que contenha um sinal que controla ou modifica uma função ou expressão de um gene, que não pode ser descrito por nenhuma outra chave de sinal (<i>promoter</i> , <i>CAAT_signal</i> , <i>TATA_signal</i> , <i>-35_signal</i> , <i>-10_signal</i> , <i>GC_signal</i> , <i>RBS</i> , <i>polyA_signal</i> , <i>enhancer</i> , <i>attenuator</i> , <i>terminator</i> ou <i>rep origin</i>)
misc_structure	Qualquer conformação ou estrutura secundária ou terciária que não pode ser descrita por nenhuma outra chave de estrutura (<i>stem loop</i> ou <i>D-loop</i>)
modified_base (nucleotídeo modificado)	O nucleotídeo indicado é um nucleotídeo modificado e deve ser substituído pela molécula indicada (que figura no valor qualificador de <i>mod_base</i>)
mRNA (RNA mensageiro)	RNA mensageiro; inclui a região 5' não traduzida (5'UTR), a sequência codificadora (CDS, <i>exon</i>) e a região 3' não traduzida (3'UTR)
mutation (mutação)	Uma estirpe relacionada apresenta uma alteração brusca e não transmissível na sequência, nesta localização
região N (N_region)	Região de inserção de nucleotídeos adicionais entre os segmentos reordenados das imunoglobulinas
old_sequence (prévia sequência)	A sequência apresentada é uma versão revisada de uma prévia sequência nesta localização
polyA_signal (sinal de poliadenilação)	Região indispensável de reconhecimento para clivagem por uma endonuclease seguida por poliadenilação de uma porção transcrita de RNA sequência consenso= AATAAA
polyA_site (sítio de poliadenilação)	Região de um transcrito de RNA no qual se adicionam resíduos de adenina por poliadenilação pós-transcricional
precursor_RNA (RNA precursor)	Precursor de RNA, qualquer RNA imaturo; pode incluir a região cortada em 5' (5'clip), a região 5' não traduzida (5'UTR), as sequências codificadoras (CDS, <i>exon</i>), as sequências intervenientes (<i>intron</i>), a região 3' não traduzida (3'UTR) e a região cortada em 3' (3'clip)
prim_transcript (transcrito primário)	Transcrito primário (inicial, não processado); inclui a região cortada em 5' (5'clip), a região 5' não traduzida (5'UTR), as sequências codificadoras (CDS, <i>exon</i>), as sequências intervenientes (<i>intron</i>), a região 3' não traduzida (3'UTR) e a região cortada em 3' (3'clip)
primer_bind (região de ligação de um iniciador)	Região de ligação não covalente de um iniciador (<i>primer</i>) na iniciação da replicação, da transcrição ou da transcrição reversa; inclui as regiões para iniciadores sintéticos, por exemplo, os que são usados na reação em cadeia da polimerase (PCR)
promoter (promotor)	Região de uma molécula de DNA na qual se liga a RNA polimerase para iniciar a transcrição



protein_bind (ligação de proteína)	Região de ligação não covalente de proteínas em um ácido nucleico
RBS (sítio de ligação de ribossomo)	Região de ligação do ribossomo (<i>ribosome binding site</i>)
repeat_region (região repetitiva)	Região do genoma que contém unidades de repetição
repeat_unit (unidade de repetição)	Elemento (unidade de repetição) que se repete na <i>repeat_region</i>
rep_origin (origem de replicação)	Origem de replicação; região onde se inicia a duplicação de um ácido nucleico para obter duas cópias idênticas
rRNA (rRNA)	RNA ribossomal maduro; RNA que compõe a partícula ribonucleoprotéica (ribossomo) que sintetiza proteínas a partir de aminoácidos
S_region (região S)	Região de mudança (<i>switch region</i>) das cadeias pesadas das imunoglobulinas; envolvida no rearranjo do DNA que codifica para a cadeia pesada levando à expressão de uma classe diferente de imunoglobulina por um mesmo linfócito B
satellite (satélite)	Múltiplas repetições em <i>tandem</i> (idênticas ou parecidas) de uma unidade de repetição básica curta; muitas delas têm uma composição de bases ou uma outra propriedade diferente do genoma em geral, o que permite separá-las do resto do DNA genômico (banda principal)
scRNA (RNA citoplasmático pequeno)	RNA citoplasmático de tamanho pequeno (<i>small cytoplasmic RNA</i>); uma das diversas pequenas moléculas de RNA presentes no citoplasma e (algumas vezes) no núcleo de uma célula eucariótica
sig_peptide (peptídeo sinal)	Sequência codificadora para um peptídeo sinal; sequência codificadora do domínio amino-terminal de uma proteína secretada; este domínio está envolvido na integração do polipeptídeo nascente na membrana; sequência <i>leader</i>
snRNA (RNA nuclear pequeno)	RNA nuclear de tamanho pequeno (<i>small nuclear RNA</i>); qualquer uma das muitas espécies de RNA pequeno que estão confinadas no núcleo; vários dos snRNA estão envolvidos em <i>splicing</i> ou em outras reações de processamento de RNA
source (fonte)	Identifica a fonte biológica do intervalo de sequência especificamente indicado; esta chave é obrigatória; cada entrada deve estar composta por no mínimo, de uma chave única de fonte englobando a sequência inteira; é permitido o uso de mais de uma chave de fonte por sequência
stem_loop (alça em forma de grampo)	Alça em forma de grampo (<i>hairpin</i>); região de dupla hélice formada pelo pareamento de bases entre sequências complementares adjacentes (invertidas) que pertencem a uma mesma fita de RNA ou de DNA (pareamento intramolecular)
STS (região marcadora de DNA)	Regiões marcadoras na sequência (<i>Sequence Tagged Site</i>); trata-se de sequências curtas de DNA que ocorrem uma única vez no genoma humano e cuja posição exata e ordem de bases, uma vez conhecidas, identificam um local no genoma, sendo detectadas por PCR; o mapa de uma região do genoma pode efetuar-se determinando a ordem de uma série de STS
TATA_signal (sinal TATA)	TATA-box; Goldberg-Hogness box; é um heptâmero conservado rico em AT, situado a cerca de 25 pares de bases antes do sítio de iniciação de cada unidade transcrita pela RNA polimerase II das células eucarióticas; pode estar envolvido no posicionamento da enzima para a iniciação correta da transcrição; sequência consenso= TATA(A ou T)A(A ou T)
terminator (terminador)	<i>Terminator</i> ou terminador; sequência de DNA localizada no final do transcrito ou adjacente a um promotor e que faz com que a RNA polimerase termine a transcrição; também pode ser o sítio de ligação da proteína repressora
transit_peptide (peptídeo de trânsito)	Sequência codificadora para um peptídeo de trânsito; sequência codificadora do domínio amino-terminal de uma proteína de organela codificada no núcleo; este elemento está envolvido na importação pós-tradução da proteína para dentro da organela

tRNA (RNA transportador)	RNA de transferência maduro, RNA de tamanho pequeno (75-85 bases) que media a tradução de uma sequência de ácido nucleico em uma sequência de aminoácidos
unsure (incerto)	O autor não está seguro sobre a exatidão da sequência nesta região
V_region (região V)	Região variável das cadeias leve e pesada das imunoglobulinas e das cadeias alfa, beta e gama do receptor de linfócitos T; codifica para a região variável na extremidade amino-terminal; pode estar composta por: V_segment, D_segment, N_region e J_segment
V_segment (segmento V)	Segmento variável das cadeias leve e pesada das imunoglobulinas e das cadeias alfa, beta e gama do receptor de linfócitos T; codifica para a maior parte da região variável (V_region) e para os últimos aminoácidos do peptídeo líder (<i>leader peptide</i>)
variation (variante)	Existência de uma estirpe relacionada que contém mutações estáveis do mesmo gene (por exemplo, RFLP, polimorfismos, etc) e que diferem da sequência apresentada nesta localização (e talvez em outras)
3'clip	Região na extremidade 3' de um RNA precursor que é cortado durante processamento
3'UTR	Região na extremidade 3' (posterior ao códon de terminação) de um RNA maduro que não se traduz em proteína
5'clip	Região na extremidade 5' de um RNA precursor que é cortado no processamento
5'UTR	Região na extremidade 5' (anterior ao códon de terminação) de um RNA maduro que não se traduz em proteína
-10_signal (sinal -10)	Sequência -10 (<i>pribnow box</i>); sequência conservada centrada aproximadamente 10 pares de bases antes do sítio de início da transcrição de um gene bacteriano e que pode participar na ligação da RNA polimerase; sequência consenso= TATAAT
-35_signal (sinal -35)	Sequência -35; sequência centrada aproximadamente 35 pares de bases antes do sítio de início da transcrição de um gene bacteriano; sequência consenso= TTGACA ou TGTGACA

Tabela 6: Listagem de Chaves de Caracterização de Sequências de Aminoácidos

Chave	Descrição
CONFLICT (CONFLITO)	Diferentes documentos reportam diferentes sequências
VARIANT (VARIANTE)	Os autores assinalam que existem variações da sequência
VARSPIC (VARIANTE DE EDIÇÃO)	Descrição das variações da sequência produzidas por um <i>splicing</i> alternativo
MUTAGEN (SÍTIO ALTERADO POR MUTAÇÃO)	Sítio que foi experimentalmente alterado
MOD_RES (RESÍDUO PÓS-MODIFICADO)	Modificação pós-tradução de um resíduo
ACETYLTATION (ACETILAÇÃO)	Acetilação na extremidade amino-terminal ou outra
AMIDATION (AMIDAÇÃO)	Amidação geralmente na extremidade carboxi-terminal de um peptídeo maduro e ativo
BLOCKED (SÍTIO BLOQUEADO)	Grupo de bloqueio indeterminado na extremidade amino-terminal ou carboxi-terminal
FORMYLATION (FORMILAÇÃO)	Formilação da metionina da extremidade amino-terminal
GAMMA-CARBOXYGLUTAMIC ACID HYDROXYLTATION (HIDROXILAÇÃO ÁCIDO GAMA-CARBOXYGLUTAMICO)	da asparagina, do ácido aspártico, da prolina ou da lisina
METHYLATION (METILAÇÃO)	Metilação geralmente da lisina ou da arginina
PHOSPHORYLTATION (FOSFORILAÇÃO)	Fosforilação da serina, da treonina, da tirosina, do ácido aspártico ou da histidina

PYRROLIDONE CARBOXYLIC ACID (ÁCIDO CARBOXI PIRROLIDÔNICO)	Glutamato amino-terminal que formou uma lactama cíclica interna
SULFATATION (SULFATAÇÃO)	Sulfatação geralmente da tirosina
LIPID (LÍPIDIO)	Ligação covalente de um fragmento lipídico
MYRISTATE (MIRISTATO)	Grupo miristato unido por uma ligação amida a um resíduo de glicina da extremidade amino-terminal da forma madura de uma proteína ou de um resíduo interno de lisina
PALMITATE (PALMITATO)	Grupo palmitato unido por uma ligação tioéter a um resíduo de cisteína ou por uma ligação éster a um resíduo de serina ou de treonina
FARNESYL (FARNESIL)	Grupo farnesil ligado por uma ligação tioéter a um resíduo de cisteína
GERANYL-GERANYL (GERANIL-GERANIL)	Grupo geranyl-geranyl ligado por uma ligação tioéter a um resíduo de cisteína
GPI-ANCHOR (GRUPO GLICOSIL-FOSFATIDILINOSITOL ANCORADO)	Grupo glicosil-fosfatidilinositol (GPI) unido a um grupo alfa-carboxila do resíduo carboxi-terminal da forma madura de uma proteína
N-ACYL DIGLYCERIDE (N-ACIL DICLIGLICERIDE)	Cisteína amino-terminal da forma madura de uma lipoproteína de procaríoto unida por uma ligação amida a um ácido graxo e um grupo gliceril, na qual dois ácidos graxos estão unidos por ligação éster
DISULFID (PONTE DISSULFETO)	Ponte dissulfeto; os extremos "DE" (" <i>FROM</i> ") e "PARA" (" <i>TO</i> ") representam os dois resíduos que estão ligados por uma ponte dissulfeto intra-cadeia peptídica; se os extremos "DE" (" <i>FROM</i> ") e "PARA" (" <i>TO</i> ") são idênticos, a ponte dissulfeto é uma ligação inter-cadeia peptídica e o campo descritivo indica a natureza das ligações cruzadas (<i>cross-link</i>)
THIOLEST (LIGAÇÃO TIOÉSTER)	Ligação tioéster; os extremos "DE" (" <i>FROM</i> ") e "PARA" (" <i>TO</i> ") representam os dois resíduos que estão unidos pela ligação tioéster
THIOETH (LIGAÇÃO TIOÉTER)	Ligação tioéter; os extremos "DE" (" <i>FROM</i> ") e "PARA" (" <i>TO</i> ") representam os dois resíduos que estão unidos pela ligação tioéter
CARBOHYD (SÍTIO DE GLICOSILAÇÃO)	Sítio de glicosilação; a natureza do carboidrato (se conhecido) está indicada no campo descritivo
METAL (SÍTIO DE LIGAÇÃO DE METAL)	Sítio de ligação para um íon de metal; no campo descritivo é indicada a natureza do metal
BINDING (SÍTIO DE LIGAÇÃO)	Sítio de ligação para qualquer grupo químico (coenzima, grupo prostético, etc.); no campo descritivo é indicada a natureza química do grupo
SIGNAL (SINAL)	Extensão de uma sequência-sinal (pré-peptídeo)
TRANSIT (TRANSITO)	Extensão de um peptídeo de trânsito (mitocondrial, cloroplástico ou destinado para microssoma)
PROPEP (PROPEP)	Extensão de um pró-peptídeo
CHAIN (CADEIA)	Extensão da cadeia polipeptídica na proteína madura
PEPTIDE (PEPTÍDEO)	Extensão de um peptídeo ativo liberado
DOMAIN (DOMÍNIO)	Extensão de um domínio de interesse na sequência; no campo descritivo é indicada a natureza deste domínio
CA_BIND (SÍTIO DE LIGAÇÃO DE CÁLCIO)	Extensão de uma região de ligação de cálcio
TRANSMEM (TRANSMEMBRANA)	Extensão de uma região transmembrana
ZN_FING (MOTIVO DEDO DE ZINCO)	Extensão de uma região contendo o motivo dedo de zinco (<i>zinc finger</i>)
SIMILAR (SIMILAR)	Extensão da similaridade de uma região com uma outra sequência proteica; no campo descritivo são indicadas informações detalhadas sobre esta sequência
REPEAT (SEQUÊNCIA INTERNA REPETITIVA)	Extensão de uma sequência interna repetitiva
HELIX (HELICE)	Estrutura secundária: Hélices, por exemplo, a alfa-hélice, a hélice 310 ou a hélice Pi
STRAND (FITA)	Estrutura secundária: folha beta (folha-b), por exemplo, folha beta-pregueada unida por pontes de hidrogênio, o resíduo isolado em uma ponte beta
TURN (VOLTA)	Estrutura secundária: voltas (<i>turns</i>), por exemplo, voltas mantidas por pontes de hidrogênio (voltas de 3, 4 ou 5 resíduos de aminoácidos)
ACT_SITE (SÍTIO ATIVO)	Aminoácidos envolvidos na atividade de uma enzima
SITE (SÍTIO)	Qualquer outro sítio de interesse na sequência
INIT_MET (INICIA COM METIONINA)	A sequência começa com uma metionina de iniciação
NON_TER (NAO TERMINAL)	O resíduo em uma extremidade da sequência não é o resíduo terminal; se aplicado à posição 1, significa que a primeira posição não é a posição amino-terminal da molécula completa; se aplicado para a última posição, significa que esta posição não é a posição carboxi-terminal da molécula completa; não há nenhum campo descritivo para esta chave
NON_CONS (NAO CONSECUTIVOS)	Resíduos não consecutivos; indica que dois resíduos de uma sequência não são consecutivos e que existem vários resíduos não sequenciados entre eles
UNSURE (INCERTO)	Zonas de incertezas na sequência; usado para descrever as regiões da sequência para as quais os autores não estão certos de sua definição

8. Dos elementos de dados não obrigatórios:

8.1 Todos os elementos de dados citados a seguir são facultativos de comporem a "Listagem de Sequências":

<170>	Programa de computador usado para gerar a listagem de sequências
<300>	Informações sobre publicação; havendo várias publicações, repita a seção para cada publicação relevante
<301>	Autores, especifique um nome por linha, preferencialmente no formato: sobrenome, outros nomes e/ou iniciais
<302>	Título da publicação
<303>	Nome do periódico no qual se publicaram os dados
<304>	Volume do periódico no qual se publicaram os dados
<305>	Número do periódico no qual se publicaram os dados
<306>	Número das páginas do periódico no qual se publicaram os dados
<307>	Data do periódico no qual se publicaram os dados; usar formato Dia/Mês/Ano
<308>	Número de acesso assinalado pela base de dados, incluindo o nome da base de dados
<309>	Data de entrada na base de dados (dia/mês/ano)
<310>	Número do documento de patente, unicamente para as patentes citadas
<311>	Data de submissão do documento de patente, unicamente para as patentes citadas (dia/mês/ano)
<312>	Data de publicação do documento de patente; unicamente para as patentes citadas (dia/mês/ano)
<313>	Resíduos relevantes na SEQ ID NO: #: DE (from) PARA (to)

(*) Publicado nesta data por ter sido omitido do DOU de 3-4-2013, Seção 1, página 59.