ДОДАТОК I

СТАНДАРТИЗОВАНА ЛЕКСИКА

Версія 1.6

Редакція затверджена Комітетом зі стандартів ВОІВ (КСВ)
на його десятій сесії 25 листопада 2022 року

ЗМІСТ

РОЗДІЛ 1: ПЕРЕЛІК НУКЛЕОТИДІВ 2
РОЗДІЛ 2: ПЕРЕЛІК МОДИФІКОВАНИХ НУКЛЕОТИДІВ 3
РОЗДІЛ 3: ПЕРЕЛІК АМІНОКИСЛОТ 5
РОЗДІЛ 4: ПЕРЕЛІК МОДИФІКОВАНИХ АМІНОКИСЛОТ 7
РОЗДІЛ 5: КЛЮЧІ ФУНКЦІЙ ДЛЯ НУКЛЕОТИДНИХ ПОСЛІДОВНОСТЕЙ 8
РОЗДІЛ 6: КВАЛІФІКАТОРИ ДЛЯ НУКЛЕОТИДНИХ ПОСЛІДОВНОСТЕЙ 26
РОЗДІЛ 7: КЛЮЧІ ФУНКЦІЙ ДЛЯ АМІНОКИСЛОТНИХ ПОСЛІДОВНОСТЕЙ 53
РОЗДІЛ 8: КВАЛІФІКАТОРИ ДЛЯ АМІНОКИСЛОТНИХ ПОСЛІДОВНОСТЕЙ 61
РОЗДІЛ 9: ТАБЛИЦІ ГЕНЕТИЧНОГО КОДУ 63

РОЗДІЛ 1: ПЕРЕЛІК НУКЛЕОТИДІВ

Коди для нуклеотидних основ, які слід використовувати в переліках послідовностей, представлені у Таблиці 1. Символ "t" тлумачиться як тимін у ДНК і як урацил у РНК, якщо використовується без додаткового опису. Якщо доцільно використати неоднозначний символ (що представляє собою дві або більше основ у варіанті), слід скористатися найбільш обмежувальним символом. Наприклад, якщо основа у певному положенні може бути "a або g", слід використовувати "r", а не "n". Символ "n" тлумачиться як "a або c, або g, або t/u", якщо використовується без додаткового опису.

Таблиця 1: Перелік нуклеотидів

Символ	Нуклеотид
a	аденін (adenine)
c	цитозин (cytosine)
g	гуанін (guanine)
t	тимін (thymine) в ДНК/урацил в РНК (t/u)
m	a або c
r	a або g
w	a або t/u
s	c або g
y	c або t/u
k	g або t/u
v	a або c, або g; не t/u
h	a або c, або t/u; не g
d	a або g, або t/u; не c
b	c або g, або t/u; не a
n	a або c, або g, або t/u; невідомий або інший

РОЗДІЛ 2: ПЕРЕЛІК МОДИФІКОВАНИХ НУКЛЕОТИДІВ

Скорочення, наведені у Таблиці 2, є виключними допустимими значеннями для кваліфікатора "mod_base". Якщо певний модифікований нуклеотид відсутній у таблиці нижче, його значенням повинне бути "OTHER". Якщо значенням є "OTHER", в кваліфікаторі "note" повинна наводитися повна нескорочена назва модифікованої основи. Скорочення, наведені у Таблиці 2, не повинні зазначатися безпосередньо у послідовності.

Таблиця 2: Перелік модифікованих нуклеотидів

Скорочення	Модифікований нуклеотид
ac4c	4-ацетилцитидин
chm5u	5-(карбоксигідроксиметил)уридин
cm	2'-O-метилцитидин
cmnm5s2u	5-карбоксиметиламінометил-2-тіоуридин
cmnm5u	5-карбоксиметиламінометилуридин
dhu	дигідроуридин
fm	2'-O-метилпсевдоуридин
gal q	бета,D-галактозилквеуозин
gm	2'-O-метилгуанозин
i	інозин
i6a	N6-ізопентениладенозин
m1a	1-метиладенозин
m1f	1-метилпсевдоуридин
m1g	1-метилгуанозин
m1i	1-метилінозин
m22g	2,2-диметилгуанозин
m2a	2-метиладенозин
m2g	2-метилгуанозин
m3c	3-метилцитидин
m4c	N4-метилцистозин
m5c	5-метилцитидин
m6a	N6-метиладенозин
m7g	7-метилгуанозин
mam5u	5-метиламінометилуридин
mam5s2u	5- метиламінометил-2-тіоуридин
man q	бета-D-манозилквеуозин
mcm5s2u	5-метоксикарбонілметил-2-тіоуридин
mcm5u	5-метоксикарбонілметилуридин

Скорочення	Модифікований нуклеотид
mo5u	5-метоксиуридин
ms2i6a	2-метилтіо-N6-ізопентениладенозин
ms2t6a	N-((9-бета-D-рибофуранозил-2-метилтіопурин-6-їл)карбамоїл)треонін
mt6a	N-((9-бета-D-рибофуранозилпурин-6-їл)N-метилкарбамоїл)треонін
mv	уридин-5-оксиоцтова кислота-метилефір
o5u	уридин-5-оксиоцтова кислота (v)
osyw	вибутоксозин
p	псевдоуридин
q	квеуозин
s2c	2-тіоцитидин
s2t	5-метил-2-тіоуридин
s2u	2-тіоуридин
s4u	4-тіоуридин
m5u	5- метилуридин
t6a	N-((9-бета-D-рибофуранозилпурин-6-їл)-карбамоїл)треонін
tm	2'-O-метил-5-метилуиридин
um	2'-O-метилуридин
yw	вибутозин
x	3-(3-аміно-3-карбокси-пропіл)уродин, (acp3)u
OTHER	(вимагає зазначення кваліфікатора "note").

РОЗДІЛ 3: ПЕРЕЛІК АМІНОКИСЛОТ

Коди амінокислот для використання у послідовностях наведено у Таблиці 3. Якщо може бути використаний двозначний символ (для представлення двох або більше амінокислот у варіанті), слід використовувати найбільш обмежувальний символ. Наприклад, якщо амінокислота у певному положенні може бути як аспарагіновою кислотою, так і аспарагіном, слід використовувати символ "B", а не "X". Символ "X" тлумачиться як "A", "R", "N", "D", "C", "Q", "E", "G", "H", "I", "L", "K", "M", "F", "P", "O", "S", "U", "T", "W", "Y", або "V", коли він використовується без додаткового

опису. Таблиця 3: Перелік амінокислот

Символ	Амінокислота
A	аланін
R	аргінін
N	аспарагін
D	аспарагінова кислота (аспартат)
C	цистеїн
Q	глутамін
E	глутамінова кислота (глутамат)
G	гліцин
H	гістидин
I	ізолейцин
L	лейцин
K	лізин
M	метіонін
F	фенілаланін
P	пролін
O	пірролізин
S	серин
U	селеноцистеїн
T	треонін
W	триптофан
Y	тирозин
V	валін
B	аспарагінова кислота або аспарагін
Z	глутамін або глутамінова кислота

Символ	Амінокислота
J	лейцин або ізолейцин
X	A або R або N або D або C або Q або E або G або H або Iабо L або K або M або F або P або O або S або U або T або W або Y або V; "невідома" або "інша"

РОЗДІЛ 4: ПЕРЕЛІК МОДИФІКОВАНИХ АМІНОКИСЛОТ

У Таблиці 4 наведено виключні допустимі скорочення для модифікованої або нестандартної амінокислоти в обов'язковому кваліфікаторі "NOTE" для ключів функцій "MOD_RES" або "SITE". Значенням для кваліфікатора "NOTE" повинне бути, за можливості, скорочення з цієї таблиці або повна, нескорочена назва модифікованої амінокислоти. Скорочення (або повні назви), наведені у цій таблиці, не повинні зазначатися безпосередньо у послідовності.

Таблиця 4: Перелік модифікованих амінокислот

Скорочення	Модифікована або нестандартна амінокислота
Aad	2-аміноадипінова кислота
bAad	3-аміноадипінова кислота
bAla	бета-аланін, бета-амінопропіонова кислота
Abu	2-аміномасляна кислота
4Abu	4-аміномасляна кислота, піперидинова кислота
Acp	6-амінокапронова кислота
Ahe	2-аміногептанова кислота
Aib	2-аміноізомасляна кислота
bAib	3-аміноізомасляна кислота
Apm	2-амінопімелінова кислота
Dbu	2,4-диаміномасляна кислота
Des	десмозин
Dpm	2,2'-диамінопімелінова кислота
Dpr	2,3-диамінопропіонова кислота
EtGly	N-етилгліцин
EtAsn	N-етиласпарагін
Hyl	гідроксилізин
aHyl	алло-гідроксилізин
3Hyp	3-гідроксипролін
4Hyp	4-гідроксипролін
Ide	ізодесмозин
alle	алло-ізолейцин
MeGly	N-метилгліцин, саркозин
Melle	N-метилізолейцин
MeLys	6-N-метиллізин
MeVal	N-метилвалін
Nva	норвалін
Nle	норлейцин
Orn	орнітин

РОЗДІЛ 5: КЛЮЧІ ФУНКЦІЙ ДЛЯ НУКЛЕОТИДНИХ ПОСЛІДОВНОСТЕЙ

Цей розділ містить перелік допустимих ключів функцій для нуклеотидних послідовностей, а також обов'язкові та необов'язкові кваліфікатори. Ключі функцій наведені в абетковому порядку. Ключі функцій можуть використовуватись як для ДНК, так і для РНК, якщо в графі "Тип молекули" не зазначено інше. Деякі ключі функцій можуть підходити для використання із штучними послідовностями на додачу до ключа функції "вид організму".

Ключі функцій в екземплярі XML переліку послідовностей повинні називатися так само як і в описі нижче під заголовком "Ключ функції", окрім ключів функцій "3'UTR" і "5'UTR". Див. "Примітки" в описі до ключів функцій "3'UTR" і "5'UTR".

5.1.	Ключ функції	C_region
	Визначення	Константна область легких і важких ланцюгів імуноглобуліну, альфа-, бета- і гама-ланцюгів Т-клітинного рецептора; включає один або більше екзонів залежно від ланцюга
	Необов'язкові кваліфікатори	allele gene gene_synonym map note product pseudo pseudogene standard_name
	Вид організму	еукаріоти

5.2.	Ключ функції	CDS
	Визначення	Кодуюча послідовність; послідовність нуклеотидів, що відповідає послідовності амінокислот у білку (локалізація включає термінальний кодон); функція може включати концептуальну трансляцію амінокислоти
	Необов'язкові кваліфікатори	allele codon_start EC_number exception function gene gene_synonym map note number operon product protein_id pseudo pseudogene ribosomal_slippage

		standard_name translation transl_except transl_table trans_splicing
	Примітки	Кваліфікатор "codon_start" має дійсне значення "1", "2" або "3", що вказує на зміщення, де розташований перший повний кодон кодуючої функції відносно першої основи цієї функції; кваліфікатор "transl_table" визначає використовувану таблицю генетичного коду, якщо вона відрізняється від стандартної або універсальної таблиці генетичного коду; винятки генетичного коду поза межами визначеної таблиці наводяться в кваліфікаторі "transl_except"; лише один з кваліфікаторів "translation", "pseudogene" або "pseudo" допустимий для використання з ключем функції "CDS"; коли використовується кваліфікатор "translation", кваліфікатор "protein_id" є обов'язковим, якщо продукт трансляції містить чотири і більше специфічно визначені амінокислоти
5.3.	Ключ функції	centromere
	Визначення	Біологічно досліджувана область, ідентифікована як центромера і досліджена експериментальним шляхом
	Необов'язкові кваліфікатори	note standard_name
	Примітки	Функція "centromere" описує інтервал ДНК, що відповідає області, де утримуються хроматиди і формується кінетохор
5.4.	Ключ функції	D-loop
	Визначення	Петля зміщення; область в межах мітохондріальної ДНК, на якій короткий проміжок РНК парується з одним ланцюгом ДНК, витісняючи оригінальний парний ланцюг ДНК з цієї області; також використовується для опису заміщення у реакції області одного ланцюга двоспіральної ДНК іншим ланцюгом, прискореного RecA-протеїном
	Необов'язкові кваліфікатори	allele gene gene_synonym map note
	Тип молекули	ДНК
5.5.	Ключ функції	D_segment
	Визначення	D-ділянка важкого ланцюга імуноглобуліну і бета-ланцюга Т-клітинного рецептора
	Необов'язкові кваліфікатори	allele gene gene_synonym

		map note product pseudo pseudogene standard_name
	Вид організму	еукаріоти
5.6.	Ключ функції	exon
	Визначення	Область генома, в якій закодована частина сплайсованої мРНК, рРНК або тРНК; може містити нетрансльовані ділянки на 5'-кінці (5'UTR), усі CDS і нетрансльовані ділянки на 3'-кінці (3'UTR)
	Необов'язкові кваліфікатори	allele EC_number function gene gene_synonym map note number product pseudo pseudogene standard_name trans_splicing
5.7.	Ключ функції	gene
	Визначення	Область біологічної важливості, що визначається як ген і якій була присвоєна назва
	Необов'язкові кваліфікатори	allele function gene gene_synonym map note operon product pseudo pseudogene phenotype standard_name trans_splicing
	Примітки	Функція "gene" описує інтервал ДНК, що відповідає генетичній ознаці або генетичному фенотипу; функція по суті не зв'язана зі своїм положенням на кінцях; її мета – представляти область, де розташований ген.
5.8.	Ключ функції	iDNA

	Визначення	Проміжна ДНК; ДНК, що знищується у процесі будь-якої рекомбінації
	Необов'язкові кваліфікатори	allele function gene gene_synonym map note number standard_name
	Тип молекули	ДНК
	Примітки	Наприклад, у соматичній обробці імуноглобулінових генів.
5.9.	Ключ функції	intron
	Визначення	Ділянка ДНК, що транскрибується, але видаляється з транскрипта шляхом сплайсингу послідовностей (екзонів) з усіх її сторін
	Необов'язкові кваліфікатори	allele function gene gene_synonym map note number pseudo pseudogene standard_name trans_splicing
5.10.	Ключ функції	J_segment
	Визначення	З'єднувальна ділянка легких і важких ланцюгів імуноглобуліну, альфа-, бета- і гама-ланцюгів Т-клітинного рецептора
	Необов'язкові кваліфікатори	allele gene gene_synonym map note product pseudo pseudogene standard_name
	Вид організму	еукаріоти
5.11.	Ключ функції	mat_peptide
	Визначення	Кодуюча послідовність зрілого пептиду або білка; кодуюча послідовність для зрілого або кінцевого пептиду або білка, що є продуктом пост-трансляційної модифікації; локалізація не охоплює термінуючий кодон (на відміну від відповідної

		кодуючої послідовності)
	Необов'язкові кваліфікатори	allele EC_number function gene gene_synonym map note product pseudo pseudogene standard_name
5.12.	Ключ функції	misc_binding
	Визначення	Сайт нуклеїнової кислоти, що ковалентно або нековалентно зв'язує другий компонент, який не можна описати будь-яким іншим ключем зв'язування ("primer_bind" або "protein_bind")
	Обов'язкові кваліфікатори	bound_moiety
	Необов'язкові кваліфікатори	allele function gene gene_synonym map note
	Примітки	Слід зазначити, що регуляторний ключ функції та кваліфікатор "regulatory_class" зі значенням "ribosome_binding_site" повинні використовуватися для опису сайтів зв'язування рибосом
5.13.	Ключ функції	misc_difference
	Визначення	У цьому місці вибрана послідовність відрізняється від представленої послідовності і не може бути описана жодним іншим диференціальним ключем ("variation" або "modified_base")
	Необов'язкові кваліфікатори	allele clone compare gene gene_synonym map note phenotype replace standard_name
	Примітки	Ключ функції "misc_difference" повинен використовуватись для опису мінливості, закладеної штучно, наприклад, шляхом генетичного маніпулювання або хімічного синтезування; для опису видалення, вставки або заміщення повинен використовуватись кваліфікатор "replace". Варіативний ключ

		функції повинен використовуватись для опису природної генетичної мінливості.
5.14.	Ключ функції	misc_feature
	Визначення	Біологічно досліджувана область, яку не можна описати жодним іншим ключем функції; нова або рідкісна функція
	Необов'язкові кваліфікатори	allele function gene gene_synonym map note number phenotype product pseudo pseudogene standard_name
	Примітки	Цей ключ не повинен використовуватись лише для простого позначення ділянки з метою надання зауважень до неї або використання її в локалізації іншої функції
5.15.	Ключ функції	misc_recomb
	Визначення	Сайт будь-якої узагальненої, сайт-специфічної події, або події реплікативної рекомбінації, на якій присутній розрив і відновлення двоспіральної ДНК, що не можуть бути описані іншими ключами рекомбінації або кваліфікаторами вихідного ключа (proviral)
	Необов'язкові кваліфікатори	allele gene gene_synonym map note recombination_class standard_name
	Тип молекули	ДНК
5.16.	Ключ функції	misc_RNA
	Визначення	Будь-який транскрипт або продукт РНК, який не можна визначити іншими ключами РНК (prim_transcript, precursor_RNA, mRNA, 5’UTR, 3’UTR, exon, CDS, sig_peptide, transit_peptide, mat_peptide, intron, polyA_site, ncRNA, rRNA, tRNA)
	Необов'язкові кваліфікатори	allele function gene gene_synonym map note

		operon product pseudo pseudogene standard_name trans_splicing
5.17.	Ключ функції	misc_structure
	Визначення	Будь-яка вторинна або третинна структура чи конформація, яку не можна описати іншими ключами структури (stem_loop або D-loop)
	Необов'язкові кваліфікатори	allele function gene gene_synonym map note standard_name
5.18.	Ключ функції	mobile_element
	Визначення	Область генома, що містить мобільні елементи
	Обов'язкові кваліфікатори	mobile_element_type
	Необов'язкові кваліфікатори	allele function gene gene_synonym map note rpt_family rpt_type standard_name
5.19.	Ключ функції	modified_base
	Визначення	Вказаний нуклеотид є модифікованим нуклеотидом і має бути замінений на вказану молекулу (зазначену під кваліфікатором mod_base)
	Обов'язкові кваліфікатори	mod_base
	Необов'язкові кваліфікатори	allele frequency gene gene_synonym map note

	Примітки	Значення обов'язкового кваліфікатора "mod_base" обмежено визначеним словником скорочень для модифікованих основ, наведеним у Розділі 2 цього додатку.
5.20.	Ключ функції	mRNA
	Визначення	Матрична РНК; включає нетрансльовану область 5'-кінця ("5'UTR"), кодуючі послідовності ("CDS", "exon") і нетрансльовану область 3'-кінця ("3'UTR")
	Необов'язкові кваліфікатори	allele function gene gene_synonym map note operon product pseudo pseudogene standard_name trans_splicing
5.21.	Ключ функції	ncRNA
	Визначення	Білок-некодуючий ген, окрім рибосомної РНК і транспортної РНК, функціональною молекулою якого є транскрипт РНК
	Обов'язкові кваліфікатори	ncRNA_class
	Необов'язкові кваліфікатори	allele function gene gene_synonym map note operon product pseudo pseudogene standard_name trans_splicing
	Примітки	Функція "ncRNA" не повинна використовуватися для опису рибосомної і транспортної РНК, для яких повинні використовуватись ключі функцій "rRNA" і "tRNA" відповідно
5.22.	Ключ функції	N_region
	Визначення	Додаткові нуклеотиди, що вставляються між перегрупованими фрагментами імуноглобуліну
	Необов'язкові кваліфікатори	allele gene gene_synonym map

		note product pseudo pseudogene standard_name
	Вид організму	еукаріоти
5.23.	Ключ функції	operon
	Визначення	Область, що містить поліцистронний транскрипт, який включає кластер генів, що контролюються одними і тими ж регуляторними послідовностями / одним промотором в одному біологічному шляху
	Обов'язкові кваліфікатори	operon
	Необов'язкові кваліфікатори	allele function map note phenotype pseudo pseudogene standard_name
5.24.	Ключ функції	oriT
	Визначення	Точка початку перенесення; область молекули ДНК, в якій починається перенесення під час процесу кон'югації або мобілізації
	Необов'язкові кваліфікатори	allele bound_moiety direction gene gene_synonym map note rpt_family rpt_type rpt_unit_range rpt_unit_seq standard_name
	Тип молекули	ДНК
	Примітки	Ключ функції "rep_origin" повинен використовуватись для опису точок початку реплікації; кваліфікатор "direction" має дійсні значення "left", "right"і "" "both", проте лише "left" і "right"є допустимими для використання у поєднанні з функцією "oriT"; точки початку переносу можуть знаходитися в хромосомі; плазміди можуть містити множину точок початку переносу
5.25.	Ключ функції	polyA_site

	Визначення	Сайт транскрипта РНК, до якої будуть додані аденінові залишки шляхом пост-транскрипційного поліаденілування
	Необов'язкові кваліфікатори	allele gene gene_synonym map note
	Вид організму	еукаріоти та еукаріотичні віруси
5.26.	Ключ функції	precursor_RNA
	Визначення	Будь-який тип РНК, який не є зрілим продуктом РНК; може охоплювати нкРНК, рРНК, тРНК, нетрансльовану область 5'-кінця ("5'UTR"), кодуючі послідовності ("CDS", "exon"), вставні послідовності ("intron") і нетрансльовану область 3'-кінця ("3'UTR")
	Необов'язкові кваліфікатори	allele function gene gene_synonym map note operon product standard_name trans_splicing
	Примітки	Використовується для РНК, яка може бути результатом пост-транскрипційної обробки; якщо відомо, що вказана РНК не є обробленою, повинен використовуватись ключ "prim_transcript"
5.27.	Ключ функції	prim_transcript
	Визначення	Первинний (початковий, необроблений) транскрипт; може охоплювати нкРНК, рРНК, тРНК, нетрансльовану область 5'-кінця ("5'UTR"), кодуючі послідовності ("CDS", "exon"), вставні послідовності ("intron") і нетрансльовану область 3'-кінця ("3'UTR")
	Необов'язкові кваліфікатори	allele function gene gene_synonym map note operon standard_name
5.28.	Ключ функції	primer_bind
	Визначення	Сайт нековалентного зв'язування праймера для ініціації реплікації, транскрипції або зворотної транскрипції; охоплює сайт (сайти) для синтетичних елементів, наприклад праймерів

		для ПЛР
	Необов'язкові кваліфікатори	allele gene gene_synonym map note standard_name
	Примітки	Використовується для опису сайта заданої послідовності, з яким зв'язана молекула праймера – не призначений для представлення послідовності власне молекули праймера; оскільки в реакціях ПЛР зазвичай беруть участь пари праймерів, один ключ "primer_bind" може використовувати оператор "order(location,location)" з двома локалізаціями, або ж можна використовувати пару ключів "primer_bind"
5.29.	Ключ функції	propeptide
	Визначення	Кодуюча послідовність пропептиду; кодуюча послідовність для домену протеїну, тобто розщеплюється, щоб сформувати зрілий білковий продукт
	Необов'язкові кваліфікатори	allele function gene gene_synonym map note product pseudo pseudogene standard_name
5.30.	Ключ функції	protein_bind
	Визначення	Сайт нековалентного білкового зв'язку в нуклеїновій кислоті
	Обов'язкові кваліфікатори	bound_moiety
	Необов'язкові кваліфікатори	allele function gene gene_synonym map note operon standard_name
	Примітки	Слід зазначити, що ключ характеристики та кваліфікатор "regulatory_class" зі значенням "ribosome_binding_site" повинен використовуватися для опису сайтів зв'язування рибосом
5.31.	Ключ функції	regulatory

	Визначення	Будь-яка область послідовності, що функціонує при регуляції транскрипції, трансляції, реплікації або структура хроматину;
	Обов'язкові кваліфікатори	regulatory_class
	Необов'язкові кваліфікатори	allele bound_moiety function gene gene_synonym map note operon phenotype pseudo pseudogene standard_name
5.32.	Ключ функції	repeat_region
	Визначення	Область генома, що містить повторювані одиниці
	Необов'язкові кваліфікатори	allele function gene gene_synonym map note rpt_family rpt_type rpt_unit_range rpt_unit_seq satellite standard_name
5.33.	Ключ функції	rep_origin
	Визначення	Джерело реплікації; сайт початку подвоювання нуклеїнової кислоти для отримання двох ідентичних копій
	Необов'язкові кваліфікатори	allele direction function gene gene_synonym map note standard_name
	Примітки	Кваліфікатор напрямку має такі допустимі значення: left, right або both
5.34.	Ключ функції	rRNA

	Визначення	Зріла рибосомна РНК; компонент РНК рибонуклеопротеїнової частки (рибосоми), яка збирає амінокислоти в білки
	Необов'язкові кваліфікатори	allele function gene gene_synonym map note operon product pseudo pseudogene standard_name
	Примітки	Розміри рРНК мають бути зазначені в кваліфікаторі "product"
5.35.	Ключ функції	s_region
	Визначення	Область перемикання важких ланцюгів імуноглобуліну; бере участь в перебудові важких ланцюгів ДНК, що призводить до експресії імуноглобуліну іншого класу з тієї ж самої В-клітини
	Необов'язкові кваліфікатори	allele gene gene_synonym map note product pseudo pseudogene standard_name
	Вид організму	еукаріоти
5.36.	Ключ функції	sig_peptide
	Визначення	Кодуюча послідовність сигнального пептиду; кодуюча послідовність для N-кінцевого домену виділеного білка; цей домен бере участь у приєднуванні поліпептиду, що збільшується, до лідерної послідовності мембрани
	Необов'язкові кваліфікатори	allele function gene gene_synonym map note product pseudo pseudogene standard_name
5.37.	Ключ функції	source
	Визначення	Ідентифікує джерело послідовності; цей ключ є обов'язковим; кожна послідовність повинна містити один ключ "source", що охоплює всю послідовність

	Обов'язкові кваліфікатори	organism mol_type
	Необов'язкові кваліфікатори	cell_line cell_type chromosome clone clone_lib collected_by collection_date cultivar dev_stage ecotype environmental_sample germline haplogroup haplotype host identified_by isolate isolation_source lab_host lat_lon macronuclear map mating_type 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
	Тип молекули	будь-який

5.38.	Ключ функції	stem_loop
	Визначення	"Шпилька"; двоспіральна область, утворена шляхом парування основ між суміжними (інвертованими) комплементарними послідовностями в одному ланцюгу РНК або ДНК
	Необов'язкові кваліфікатори	allele function gene gene_synonym map note

		operon standard_name
5.39.	Ключ функції	STS
	Визначення	ДНК-маркувальний сайт; коротка унікальна послідовності ДНК, що описує картування генома і може бути виявлена за допомогою ПЛР; область генома може бути картована шляхом визначення порядку серій ДНК-маркувальних сайтів
	Необов'язкові кваліфікатори	allele gene gene_synonym map note standard_name
	Тип молекули	ДНК
	Примітки	Локалізація ДНК-маркувального сайта для включення праймера (-ів) до ключа "primer_bind" або до праймерів
5.40.	Ключ функції	telomere
	Визначення	Біологічно досліджувана область, ідентифікована як теломера і досліджена експериментальним шляхом
	Необов'язкові кваліфікатори	note rpt_type rpt_unit_range rpt_unit_seq standard_name
	Примітки	Функція "telomere" описує інтервал ДНК, що відповідає певній структурі наприкінці лінійної еукаріотичної хромосоми, необхідній для забезпечення цілісності й підтримки кінця; ця область є унікальною у порівнянні з іншими ділянками хромосоми і представляє собою фізичний кінець хромосоми
5.41.	Ключ функції	tmRNA
	Визначення	Транспортна матрична РНК; тмРНК спершу діє як тРНК, а потім як мРНК, що кодує пептидну мітку; рибосома транслює цю область мРНК до тмРНК і приєднує закодовану пептидну мітку до С-кінця незавершеного білка; ця приєднана мітка визначає білок для деструкції або протеолізу
	Необов'язкові кваліфікатори	allele function gene gene_synonym map note product pseudo pseudogene

		standard_name tag_peptide
5.42.	Ключ функції	transit_peptide
	Визначення	Кодуюча послідовність транзитного пептиду; кодуюча послідовність для N-кінцевого домену ядерно-кодованого органоїдного білка; цей домен бере участь у пост-трансляційному перенесенні білка до органели
	Необов'язкові кваліфікатори	allele function gene gene_synonym map note product pseudo pseudogene standard_name
5.43.	Ключ функції	tRNA
	Визначення	Зріла транспортна РНК; мала молекула РНК (довжиною 75-85 основ), яка допомагає в процесі трансляції послідовності нуклеїнових кислот в амінокислотну послідовність
	Необов'язкові кваліфікатори	allele anticodon function gene gene_synonym map note operon product pseudo pseudogene standard_name trans_splicing
5.44.	Ключ функції	unsure
	Визначення	Невелика область секвенованих основ, як правило, довжиною 10, або менше, яку не можна впевнено ідентифікувати. Така область може містити названі основи (a, t, g, або c), або суміш названих основ та неназваних основ ('n').
	Необов'язкові кваліфікатори	allele compare gene gene_synonym map note replace

	Примітки	для видалення, вставки або заміни слід використовувати кваліфікатор "replace".
5.45.	Ключ функції	V_region
	Визначення	Варіабельна область легких і важких ланцюгів імуноглобуліну, а також альфа-, бета- і гама-ланцюгів Т-клітинного рецептора; коди для варіабельної термінальної аміно-частини; може складатися з таких ключів: "V_segment", "D_segment", "N_region" і "J_segment"
	Необов'язкові кваліфікатори	allele gene gene_synonym map note product pseudo pseudogene standard_name
	Вид організму	еукаріоти
5.46.	Ключ функції	V_segment
	Визначення	Варіабельна ділянка легких і важких ланцюгів імуноглобуліну, а також альфа-, бета- і гама-ланцюгів Т-клітинного рецептора; коди для більшої частини варіабельної області ("V_region") та декількох останніх амінокислот лідерного пептиду
	Необов'язкові кваліфікатори	allele gene gene_synonym map note product pseudo pseudogene standard_name
	Вид організму	еукаріоти
5.47.	Ключ функції	variation
	Визначення	Споріднений штам містить стабільні мутації з того ж гена (наприклад ПДРФ, поліморфізми тощо), які відрізняються від наведеної послідовності в цій локалізації (а, можливо, і в інших)
	Необов'язкові кваліфікатори	allele compare frequency gene gene_synonym map note

		phenotype product replace standard_name
	Примітки	Використовується для опису алелів, ПДРФ та інших природних мутацій і поліморфізмів; для опису видалення, вставки або заміщення використовується кваліфікатор "replace"; мінливість, що виникає внаслідок генетичного маніпулювання (наприклад, спрямованого мутагенезу), повинна описуватися за допомогою функції "misc_difference"
5.48.	Ключ функції	3'UTR
	Визначення	1) Область на 3'-кінці зрілого транскрипта (після стоп-кодона), що не транслюється у білок; 2) Область на 3'-кінці РНК-вірусу (після останнього стоп-кодона), що не транслюється у білок;
	Необов'язкові кваліфікатори	allele function gene gene_synonym map note standard_name trans_splicing
	Примітки	Знак апострофа має особливе значення в XML, тож у значенні елемента він повинен замінятися на "'". Таким чином, "3'UTR" у файлі XML повинне бути представлено як "3'UTR", тобто <INSDFeature_key>3'UTR</INSDFeature_key>.
5.49.	Ключ функції	5'UTR
	Визначення	1) Область на 5'-кінці зрілого транскрипта (перед ініціювальним кодоном), що не транслюється у білок; 2) Область на 5'-кінці РНК-вірусу (перед першим ініціювальним кодоном), що не транслюється у білок;
	Необов'язкові кваліфікатори	allele function gene gene_synonym map note standard_name trans_splicing
	Примітки	Знак апострофа має особливе значення в XML, тож у значенні елемента він повинен замінятися на "'". Таким чином, "5'UTR" у файлі XML повинне бути представлено як "5'UTR", тобто <INSDFeature_key>5'UTR</INSDFeature_key>.

РОЗДІЛ 6: КВАЛІФІКАТОРИ ДЛЯ НУКЛЕОТИДНИХ ПОСЛІДОВНОСТЕЙ

Цей розділ містить перелік кваліфікаторів для використання з функціями у нуклеотидних послідовностях. Кваліфікатори наведені в абетковому порядку.

Якщо формат значення – “none”, елементи `INSDQualifier_value` та `NonEnglishQualifier_value` не повинні використовуватись.

Якщо формат значення – це довільний текст, який визначається як залежний від мови, слід використовувати один з наступних елементів

1) елемент `INSDQualifier_value`; або
2) елемент `NonEnglishQualifier_value`; або
3) обидва елементи `INSDQualifier_value` та `NonEnglishQualifier_value`.

Якщо формат значення – це щось інше, ніж “none”, але визначений як залежний від мови довільний текст, то повинен використовуватись елемент `INSDQualifier_value`, а елемент `NonEnglishQualifier_value` не повинен використовуватись.

СЛІД ЗАУВАЖИТИ, ЩО: Будь-яке значення кваліфікатора, передбачене для кваліфікатора з форматом значення залежного від мови довільного тексту може вимагати перекладу для міжнародних, національних або регіональних процедур. Кваліфікатори, наведені в наступній таблиці, вважаються такими, що мають значення залежного від мови довільного тексту:

Таблиця 5: Список кваліфікаторів із залежними від мови значеннями довільного тексту для нуклеотидних послідовностей

Секція	Кваліфікатор залежного від мови довільного тексту
6.3	bound_moiety
6.5	cell_type
6.7	clone
6.8	clone_lib
6.10	collected_by
6.13	cultivar
6.14	dev_stage
6.17	ecotype
6.21	frequency
6.23	gene_synonym
6.25	haplogroup

6.27	host
6.28	identified_by
6.29	isolate
6.30	isolation_source
6.31	lab_host
6.35	mating_type
6.40	note
6.44	organism
6.46	phenotype
6.48	pop_variant
6.49	product
6.65	serotype
6.66	serovar
6.67	sex
6.68	standard_name
6.69	strain
6.70	sub_clone
6.71	sub_species
6.72	sub-strain
6.75	tissue_lib
6.76	tissue_type
6.81	variety

6.1.	Кваліфікатор	allele
	Визначення	Назва алеля певного гена
	Формат обов’язкового значення	довільний текст
	Приклади	<INSDQualifier_value>adh1-1</INSDQualifier_value>
	Примітки	Всі функції, пов'язані з певним геном ("exon", "CDS" тощо), мають поділяти те саме значення кваліфікатора "allele"; як усталено, значення кваліфікатора "allele" повинне відрізнятися від значення кваліфікатора "gene"; значення кваліфікатора "allele" має відповідати такому ж значенню у варіанті.
6.2.	Кваліфікатор	anticodon
	Визначення	Локалізація антикодона тРНК і амінокислоти, яку вона кодує
	Формат обов’язкого значення	(pos:<location>,aa:<amino_acid>,seq:<text>), де "<location>" є положенням антикодона, "<amino_acid>" є трибуквеною скороченою назвою закодованої амінокислоти, а "<text>" є послідовністю антикодона
	Приклади	<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.	Кваліфікатор	bound_moiety
	Визначення	Назва молекули/комплекса, що можуть бути пов'язані з відповідною функцією
	Формат обов’язкого значення	довільний текст (Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур)
	Приклади	<INSDQualifier_value>GAL4</INSDQualifier_value>
	Примітки	Для функцій "misc_binding", "oriT" і "protein_bind" допустимий один кваліфікатор "bound_moiety".
6.4.	Кваліфікатор	cell_line
	Визначення	Клітинна лінія, з якої було отримано послідовність
	Формат обов’язкого значення	довільний текст
	Приклади	<INSDQualifier_value>MCF7</INSDQualifier_value>
6.5.	Кваліфікатор	cell_type
	Визначення	Тип клітини, з якої було отримано послідовність

	Формат обов’язкого значення	довільний текст (Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур)
	Приклади	<INSDQualifier_value>leukocyte</INSDQualifier_value>
6.6.	Кваліфікатор	chromosome
	Визначення	Хромосома (наприклад, номер хромосоми), з якої було отримано послідовність
	Формат обов’язкого значення	довільний текст
	Приклади	<INSDQualifier_value>1</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>X</INSDQualifier_value>
6.7.	Кваліфікатор	circular_RNA
	Визначення	вказує на те, що екзони не впорядковані або перекриваються, оскільки ця сплайсифікована РНК є циркулярною РНК (цирРНК), створеною шляхом зворотного сплайсингу, наприклад, коли наступний за ним екзон у гені розташований за 5' від попереднього екзону в РНК-продукті
	Формат обов’язкого значення	відсутній
	Примітки	слід використовувати для таких елементів, як CDS, мРНК, тРНК та інших елементів, які утворюються в результаті події зворотного сплайсингу. Цей кваліфікатор слід використовувати лише коли подія сплайсингу вказана в операторі "join", наприклад join(complement(69611..69724),139856..140087)
6.8.	Кваліфікатор	clone
	Визначення	Клон, з якого було отримано послідовність
	Формат обов’язкого значення	довільний текст (Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для мніжнародних/національних/регіональних процедур)
	Приклади	<INSDQualifier_value>lambda-hIL7.3</INSDQualifier_value>
	Примітки	Функція "source" не повинна містити більше одного кваліфікатора клону; якщо послідовність було отримано з множини клонів, це можна додатково описати в таблиці функцій, використовуючи ключ функції "misc_feature" та кваліфікатор "note" для зазначення множини клонів.
6.9.	Кваліфікатор	clone_lib
	Визначення	Бібліотека клонів, з якої було отримано послідовність
	Формат обов’язкого значення	довільний текст (Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для мніжнародних/національних/регіональних процедур)
	Приклади	<INSDQualifier_value>lambda-hIL7</INSDQualifier_value>
6.10.	Кваліфікатор	codon_start

	Визначення	Вказує на зміщення, де розташований перший повний кодон, відносно першої основи відповідної функції.
	Формат обов’язкого значення	1, або 2, або 3
	Приклади	<INSDQualifier_value>2</INSDQualifier_value>
6.11.	Кваліфікатор	collected_by
	Визначення	Ім'я особи або назва установи, яка зберігає зразок
	Формат обов’язкого значення	довільний текст (Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для національних/регіональних процедур)
	Приклади	<INSDQualifier_value>Dan Janzen</INSDQualifier_value>
6.12.	Кваліфікатор	collection_date
	Визначення	Дата, коли зразок був прийнятий на збереження
	Формат обов’язкого значення	PPPP-MM-ДД, PPPP-MM або PPPP
	Приклади	<INSDQualifier_value>1952-10-21</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>1952-10</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>1952</INSDQualifier_value>
	Примітки	"PPPP" – представлення року у форматі чотиризначного числа. "MM" – представлення місяця у форматі двозначного числа. "ДД" - представлення дня місяця у форматі двозначного числа
6.13.	Кваліфікатор	compare
	Визначення	Відомості про існуючий публічний запис в INSD, з яким здійснюється порівняння
	Формат обов’язкого значення	[accession-number.sequence-version]
	Приклади	<INSDQualifier_value>AJ634337.1</INSDQualifier_value>
	Примітки	Цей кваліфікатор може використовуватися з такими функціями: misc_difference, unsure і variation. В межах однієї функції допустимі декілька кваліфікаторів "compare" з різним вмістом. Цей кваліфікатор не призначений для масштабного описування варіантів, таких як однонуклеотидні поліморфізми.
6.14.	Кваліфікатор	cultivar
	Визначення	сорт (культурний сорт) рослин, з якого було отримано послідовність
	Формат обов’язкого значення	довільний текст (Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для мніжнародних/національних/регіональних процедур)

	Приклади	<INSDQualifier_value>Nipponbare</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>Tenuifolius</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>Candy Cane</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>IR36</INSDQualifier_value>
	Примітки	Кваліфікатор "cultivar" застосовується виключно для продуктів штучної селекції; для відомих природних сортів рослин і грибів слід використовувати кваліфікатор "variety".
6.15.	Кваліфікатор	dev_stage
	Визначення	Якщо послідовність було отримано з організму на певній стадії розвитку, це зазначається в цьому кваліфікаторі
	Формат обов’язкого значення	довільний текст (Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур)
	Приклади	<INSDQualifier_value>fourth instar larva</INSDQualifier_value>
6.16.	Кваліфікатор	direction
	Визначення	Напрямок реплікації ДНК
	Формат обов’язкого значення	"left", "right" або "both", де "left" означає напрямок до 5'-кінця послідовності (як показано), а "right" означає напрямок до 3'-кінця
	Приклади	<INSDQualifier_value>left</INSDQualifier_value>
	Примітки	Значення "left", "right" і "both" дозволяється використовувати, якщо кваліфікатор "direction" використовується для опису ключа функції "rep_origin". Проте, якщо кваліфікатор "direction" використовується для опису ключа функції "oriT", дозволяється використовувати лише значення "left" і "right".
6.17.	Кваліфікатор	EC_number
	Визначення	Шифр КФ для ферментного продукту послідовності
	Формат обов’язкого значення	довільний текст
	Приклади	<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>
	Примітки	Чинні значення шифрів КФ визначено у списку, підготовленому Номенклатурним комітетом Міжнародного союзу біохімії та молекулярної біології (NC-IUBMB) (опублікований в Номенклатурі ферментів 1992 року (видавництво Academic Press, Сан Дієґо) або у новішій її редакції). Формат представляє собою рядок із чотирьох цифр, розділених крапками; щонайбільше три цифри з кінця рядка можуть бути замінені на тире "–" для позначення непевного присвоєння. Символи, що включають символ "n", наприклад, "n", "n1" і т.п., можуть використовуватись в останньому положенні замість цифри, якщо шифр КФ очікує присвоєння. Слід зауважити, що подібні неповні шифри КФ не схвалюються NC-IUBMB.

6.18.	Кваліфікатор	ecotype
	Визначення	Популяція у межах певного виду, що демонструє генетичні фенотипові ознаки, які відображають адаптацію до локального навколишнього середовища
	Формат обов’язкого значення	довільний текст (Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур)
	Приклади	<INSDQualifier_value>Columbia</INSDQualifier_value>
	Примітки	Прикладом такої популяції є популяція, що адаптувала свій листяний опушений покрив трихом у відповідь на особливо сонячне навколишнє середовище. Кваліфікатор "ecotype" зазвичай застосовується до стандартного генетичного фонду Arabidopsis thaliana, але може застосовуватись до будь-якого безчерешкового організму.
6.19.	Кваліфікатор	environmental_sample
	Визначення	Визначає послідовності, отримані прямою молекулярною ізоляцією із значного середовищного зразка ДНК (шляхом ПЛР з або без подальшого клонування продукту, DGGE або іншими невідомими методами) без надійної ідентифікації первинного організму. Середовищні зразки включають клінічні зразки, вміст кишківника та інші послідовності з невідомих організмів, які можуть бути пов'язані з певним хазяїном. Вони не включають ендосимбіонти, які можуть бути напевно виділені з конкретного хазяїна, організми з робочих зразків, які легко ідентифікуються, проте не є культивованими (наприклад чимало ціанобактерій), або фітоплазми, які можуть бути легко виділені з хворих рослин (навіть незважаючи на те, що їх не можна виростити в чистих культурах)
	Формат значення	немає
	Примітки	Використовується лише з ключем функції "source"; ключі функції "source", які містять кваліфікатор "environmental_sample", також мають включати кваліфікатор "isolation_source"; функція "source", що включає кваліфікатор "environmental_sample" не повинна включати кваліфікатор "strain".
6.20.	Кваліфікатор	exception
	Визначення	Вказує на те, що кодуючу ділянку не можливо транслювати за стандартними біологічними правилами
	Формат обов’язкого значення	Один із таких стандартизованих висловів: RNA editing rearrangement required for product annotated by transcript or proteomic data
	Приклади	<INSDQualifier_value>RNA editing</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>rearrangement required for product</INSDQualifier_value>

	Примітки	Повинен використовуватись лише для опису біологічних механізмів на кшталт "редагування" РНК; білкова трансляція кодуючої послідовності з кваліфікатором "exception" відрізнятиметься від відповідної концептуальної трансляції; не повинен використовуватись, якщо кваліфікатор "transl_except" буде повноцінним, наприклад, у випадку використання стоп-кодона.
6.21.	Кваліфікатор	frequency
	Визначення	Частота повторюваності функції
	Формат обов’язкого значення	довільний текст, що показує співвідношення популяції з функцією, у вигляді дробу Залежить від мови: це значення може потребувати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур
	Приклади	<INSDQualifier_value>23/108</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>1 з 12</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>0.85</INSDQualifier_value>
6.22.	Кваліфікатор	function
	Визначення	Функція, що відноситься до послідовності
	Формат обов’язкого значення	довільний текст (Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для національних/регіональних процедур) Залежить від мови: це значення може потребувати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур
	Приклади	<INSDQualifier_value>essential for recognition of cofactor </INSDQualifier_value>
	Примітки	Кваліфікатор "function" використовується, якщо назва гена та/або назва продукту не передають функцію, що відноситься до послідовності.
6.23.	Кваліфікатор	gene
	Визначення	Символ гена, що відповідає ділянці послідовності
	Формат обов’язкового значення	довільний текст
	Приклади	<INSDQualifier_value>ilvE</INSDQualifier_value>
	Примітки	Для зазначення символу гена використовується кваліфікатор "gene"; для зазначення повної назви гена використовується кваліфікатор "standard_name".
6.24.	Кваліфікатор	gene_synonym
	Визначення	Синонімічний, заміщуваний, застарілий або колишній символ гена
	Формат обов’язкового значення	довільний текст (Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур)

	Приклади	<INSDQualifier_value>Hox-3.3</INSDQualifier_value> у функції, в якій значенням кваліфікатора гена є "Hoxc6"
	Примітки	Використовується, якщо він корисний для зазначення синоніма символу гена; при використанні кваліфікатора "gene_synonym", основний символ гена повинен завжди зазначатися в кваліфікаторі "gene"
6.25.	Кваліфікатор	germline
	Визначення	Представлена послідовність не піддавалася соматичній перебудові як частині адаптивної імунної реакції; це неперебудована послідовність, успадкована від батьківської генеративної лінії
	Формат значення	немає
	Примітки	Кваліфікатор "germline" не повинен використовуватись для позначення того, що джерелом послідовності є гамета або статева клітина; кваліфікатори "germline" і "rearranged" не повинні використовуватись в одній функції "source"; кваліфікатори "germline" і "rearranged" повинні використовуватись лише для молекул, що здатні до соматичної перебудови як частини адаптивної імунної реакції; до них належать локуси Т-клітинних рецепторів (ТКР) та імуноглобулінові локуси у щелепних хребетних, а також непов'язані локуси варіабельних лімфоцитних рецепторів (ВЛР) у безщелепних риб (міног і міксин); кваліфікатори "germline" і "rearranged" не повинні використовуватись за межами класу Craniata (taxid=89593)
6.26.	Кваліфікатор	haplogroup
	Визначення	Назва групи однакових гаплотипів, що поділяють певну зміну послідовності. Гаплогрупи часто використовуються для відстежування міграції популяційних груп.
	Формат обов’язкового значення	довільний текст (Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур)
	Приклади	<INSDQualifier_value>H*</INSDQualifier_value>
6.27.	Кваліфікатор	haplotype
	Визначення	Назва певної групи алелів, зв'язаних разом на одній фізичній хромосомі. За відсутності рекомбінації, кожен гаплотип успадковується як окрема одиниця і може використовуватись для відстежування потоку генів у популяціях.
	Формат обов’язкового значення	довільний текст
	Приклади	<INSDQualifier_value>Dw3 B5 Cw1 A1</INSDQualifier_value>
6.28.	Кваліфікатор	host
	Визначення	природний (на відміну від лабораторного) організм-хазяїн, з якого було отримано секвеновану молекулу

	Формат обов’язкового значення	довільний текст (Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для національних/регіональних процедур)
	Приклади	<INSDQualifier_value>Homo sapiens</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>Homo sapiens 12 year old girl</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>Rhizobium NGR234</INSDQualifier_value>
6.29.	Кваліфікатор	identified_by
	Визначення	Ім'я фахівця, який таксономічно ідентифікував зразок.
	Формат обов’язкового значення	довільний текст (Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур)
	Приклади	<INSDQualifier_value>John Burns</INSDQualifier_value>
6.30.	Кваліфікатор	isolate
	Визначення	Окремий ізолят, з якого було отримано послідовність.
	Формат обов’язкового значення	довільний текст (Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур)
	Приклади	<INSDQualifier_value>Patient #152</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>DGGE band PSBAC-13</INSDQualifier_value>
6.31.	Кваліфікатор	isolation_source
	Визначення	Описує фізичне, середовищне та/або місцеве географічне джерело біологічного зразка, з якого було отримано послідовність.
	Формат обов’язкового значення	довільний текст (Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур)
	Приклади	<INSDQualifier_value>rumen isolates from standard Pelleted ration-fed steer #67</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>permanent Antarctic sea ice</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>denitrifying activated sludge from carbon_limited continuous reactor</INSDQualifier_value>
	Примітки	Використовується лише з ключем функції "source"; ключі функцій "source", що містять кваліфікатор "environmental_sample", мають також містити кваліфікатор "isolation_source".
6.32.	Кваліфікатор	lab_host
	Визначення	Наукова назва лабораторного хазяїна, що використовується для поширювання вихідного організму, з якого було отримано секвеновану молекулу
	Формат обов’язкового значення	довільний текст (Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур)

	Приклади	<INSDQualifier_value>Gallus gallus</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>Gallus gallus embryo</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>Escherichia coli strain DH5 alpha</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>Homo sapiens HeLa cells</INSDQualifier_value>
	Примітки	Якщо відомо, має використовуватись повна біноміальна назва організму-хазяїна; також може включатись додаткова умовна інформація стосовно хазяїна
6.33.	Кваліфікатор	lab_lon
	Визначення	Географічні координати місцезнаходження, де було прийнято зразок на збереження
	Формат обов’язкового значення	довільний текст – градуси широти і довготи у форматі "г[гг.гггг] пн.ш.|пд.ш. г[гг.гггг] зх.д.|сх.д."
	Приклади	<INSDQualifier_value>47.94 N 28.12 W</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>45.0123 S 4.1234 E</INSDQualifier_value>
6.34.	Кваліфікатор	macronuclear
	Визначення	Якщо представлена послідовність є ДНК і отримана з організму, що піддається хромосомній диференціації між макронуклеарною і мікронуклеарною стадіями, цей кваліфікатор використовується для позначення того, що послідовність отримана з макронуклеарної ДНК
	Формат значення	немає
6.35.	Кваліфікатор	map
	Визначення	Положення функції на геномній карті
	Формат обов’язкового значення	довільний текст
	Приклади	<INSDQualifier_value>8q12-q13</INSDQualifier_value>
6.36.	Кваліфікатор	mating_type
	Визначення	Тип парування організму, з якого було отримано послідовність; тип парування застосовується до прокаріотів, а також до еукаріотів, здатних до мейозу без статево диморфних гамет
	Формат обов’язкового значення	довільний текст (Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для національних/регіональних процедур)
	Приклади	<INSDQualifier_value>MAT-1</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>plus</INSDQualifier_value>

		<INSDQualifier_value>-</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>odd</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>even</INSDQualifier_value>
	Примітки	Значення "male" і "female" кваліфікатора "mating_type" дійсні для прокаріотів, а не для еукаріотів; детальна інформація міститься у записі стосовно кваліфікатора "sex".
6.37.	Кваліфікатор	mobile_element_type
	Визначення	Тип і назва або кваліфікатор мобільного елемента, що описується первинною функцією
	Формат обов’язкового значення	<mobile_element_type>[:<mobile_element_name>], де <mobile_element_type> є одним із наступних термінів: transposon retrotransposon integron insertion sequence non-LTR retrotransposon SINE MITE LINE other
	Приклади	<INSDQualifier_value>transposon:Tnp9</INSDQualifier_value>
	Примітки	Кваліфікатор "mobile_element_type" дійсний лише для ключа функції "mobile_element". Мобільний елемент має використовуватись для представлення обох елементів, що наразі є мобільними, а також елементів, які були мобільними раніше. Значення "other" для <mobile_element_type> потребує зазначення <mobile_element_name>
6.38.	Кваліфікатор	mod_base
	Визначення	скорочення для модифікованої нуклеотидної основи
	Формат обов’язкового значення	Одне із скорочень для модифікованих основ, наведених у Розділі 2 цього додатку
	Приклади	<INSDQualifier_value>m5c</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>OTHER</INSDQualifier_value>
	Примітки	Певні модифіковані нуклеотиди, не зазначені у Розділі 2 цього Додатку, описуються словом "OTHER", що вказується як значення кваліфікатора "mod_base", і шляхом включення кваліфікатора "note" з повною назвою модифікованої основи як його значенням
6.39.	Кваліфікатор	mol_type
	Визначення	Молекулярний тип послідовності
	Формат обов’язкового значення	Одне із таких значень: genomic DNA

		genomic RNA mRNA tRNA rRNA other RNA other DNA transcribed RNA viral cRNA unassigned DNA unassigned RNA
	Приклади	<INSDQualifier_value>genomic DNA</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>other RNA</INSDQualifier_value>
	Примітки	Кваліфікатор "mol_type" є обов'язковим для ключа функції "source"; значення "genomic DNA" не означає, що молекула є ядерною (наприклад, органельна і плазмідна ДНК повинні описуватися, використовуючи значення "genomic DNA"); гени рибосомної ДНК повинні описуватися, використовуючи значення "genomic DNA"; значення "rRNA" повинна використовуватись, лише якщо було секвеновано власне молекулу рибосомної ДНК; значення "other RNA" і "other DNA" повинні застосовуватись до синтетичних молекул, значення "unassigned DNA" і "unassigned RNA" повинні застосовуватись, якщо молекула *in vivo* невідома.

6.40.	Кваліфікатор	ncRNA_class
	Визначення	Структурний опис класифікації некодуючої РНК, описаний первинним ключем "ncRNA"
	Формат обов’язкового значення	TYPE де "TYPE" є одним із таких стандартизованих термінів або висловів: antisense_RNA autocatalytically_spliced_intron ribozyme hammerhead_ribozyme lncRNA RNase_P_RNA RNase_MRP_RNA telomerase_RNA guide_RNA sgRNA rasiRNA scRNA scaRNA siRNA pre_miRNA miRNA piRNA snoRNA snRNA SRP_RNA vault_RNA Y_RNA other
	Приклади	<INSDQualifier_value>autocatalytically_spliced_intron</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>siRNA</INSDQualifier_value>

		<INSDQualifier_value>scRNA</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>other</INSDQualifier_value>
	Примітки	Певні типи некодованих РНК, позначення яких відсутні у стандартизованій лексиці для кваліфікатора "ncRNA_class", повинні бути описані шляхом наведення "other" як значення кваліфікатора "ncRNA_class" і надання відповідного стислого пояснення в кваліфікаторі "note"
6.41.	Кваліфікатор	note
	Визначення	Будь-які примітки або додаткова інформація
	Формат обов’язкового значення	довільний текст (Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур)
	Приклади	<INSDQualifier_value>A comment about the feature</INSDQualifier_value>
6.42.	Кваліфікатор	number
	Визначення	Число для позначення порядку генетичних елементів (наприклад, екзонів або інтронів) у напрямку від 5'-кінця до 3'-кінця
	Формат обов’язкового значення	довільний текст (без пробілів)
	Приклади	<INSDQualifier_value>4</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>6B</INSDQualifier_value>
	Примітки	Текст, обмежений цілими числами, буквами або комбінаціями цілих чисел і/або букв, що представляються як значення даних, які не містять пробілів; будь-які додаткові терміни слід включати до кваліфікатора "standard_name". Приклад: кваліфікатор "number" із значенням "2A" та кваліфікатор "standard_name" із значенням "long"
6.43.	Кваліфікатор	operon
	Визначення	Назва групи безперервних генів, транскрибованих в один транскрипт, до якого належить функція
	Формат обов’язкового значення	довільний текст
	Приклади	<INSDQualifier_value>lac</INSDQualifier_value>
6.44.	Кваліфікатор	organelle
	Визначення	Тип внутрішньоклітинної структури, зв'язаної з мембраною, з якої було отримано послідовність
	Формат обов’язкового значення	Один із таких стандартизованих термінів або висловів: chromatophore

		hydrogenosome mitochondrion nucleomorph plastid mitochondrion:kinetoplast plastid:chloroplast plastid:apicoplast plastid:chromoplast plastid:cyanelle plastid:leucoplast plastid:proplastid
	Приклади	<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.	Кваліфікатор	organism
	Визначення	Наукова назва організму, що надав генетичний матеріал послідовності, якщо відомо, або доступна таксономічна інформація, якщо організм не є класифікованим; або зазначення того, що послідовність є синтетичним конструктом
	Формат обов’язкового значення	довільний текст (Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур)
	Приклади	<INSDQualifier_value>Homo sapiens</INSDQualifier_value>
6.46.	Кваліфікатор	PCR_primers
	Визначення	Праймери ПЛР, використані для ампліфікації послідовності. Один кваліфікатор "/PCR_primers" має містити всі праймери, що використовуються для ПЛР. Якщо в одній ПЛР присутні декілька прямих або зворотних праймерів, має бути присутня множина наборів значень "fwd_name/fwd_seq or rev_name/rev_seq"
	Формат обов’язкового значення	[fwd_name: XXX1,]fwd_seq: xxxxx1,[fwd_name: XXX2,]fwd_seq: xxxxx2, [rev_name: YYY1,]rev_seq: yyyyy1,[rev_name: YYY2,]rev_seq: yyyyy2
	Приклади	<INSDQualifier_value>fwd_name: CO1P1, fwd_seq: ttgatttttggtcayccwgaagt,rev_name: CO1R4, rev_seq: ccwvytardcctarraartgttg</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>fwd_name: hoge1, fwd_seq: cgkgtgtatcttact, rev_name: hoge2, rev_seq: cg<i>gtgtatcttact</INSDQualifier_value>

		<INSDQualifier_value>fwd_name: CO1P1, fwd_seq: ttgatttttggtcayccwgaagt, fwd_name: CO1P2, fwd_seq: gatacacaggtcayccwgaagt, rev_name: CO1R4, rev_seq: ccwvytardcctarraartgttg</INSDQualifier_value>
	Примітки	"fwd_seq" і "rev_seq" є обов'язковими; "fwd_name" і "rev_name" є необов'язковими. Обидві послідовності повинні представлятися у порядку 5'>3'. Послідовності повинні представлятися символами, наведеними у Розділі 1 цього Додатка, окрім модифікованих основ, які повинні поміщатися в кутові дужки (< >). У коді XML, кутові дужки "<" і ">" повинні замінюватися на "<" і ">", оскільки в XML вони є зарезервованими символами.
6.47.	Кваліфікатор	phenotype
	Визначення	Фенотип, що підтверджується функцією, причому фенотип визначається як фізична, біохімічна або поведінкова характеристика чи сукупність характеристик
	Формат обов’язкового значення	довільний текст (Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур)
	Приклади	<INSDQualifier_value>erythromycin resistance</INSDQualifier_value>
6.48.	Кваліфікатор	plasmid
	Визначення	Назва природної плазміди, з якої було отримано послідовність; плазміда визначається як незалежно реплікаційна генетична одиниця, що не може бути описана кваліфікаторами "chromosome" або "segment"
	Формат обов’язкового значення	довільний текст
	Приклади	<INSDQualifier_value>pC589</INSDQualifier_value>
6.49.	Кваліфікатор	pop_variant
	Визначення	Назва субпопуляції або фенотипу зразка, з якого походить послідовність
	Формат обов’язкового значення	довільний текст (Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур)
	Приклади	<INSDQualifier_value>pop1</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>Bear Paw</INSDQualifier_value>
6.50.	Кваліфікатор	product
	Визначення	Назва продукту, пов'язаного з функцією, наприклад, мРНК функції "mRNA", поліпептид функції "CDS", зрілий пептид функції "mat_peptide" тощо.

	Формат обов’язкового значення	довільний текст (Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур)
	Приклади	<INSDQualifier_value>trypsinogen</INSDQualifier_value> (якщо кваліфікатор присутній у функції "CDS") <INSDQualifier_value>trypsin</INSDQualifier_value> (якщо кваліфікатор присутній у функції "mat_peptide") <INSDQualifier_value>XYZ neural-specific transcript</INSDQualifier_value> (якщо кваліфікатор присутній у функції "mRNA")
6.51.	Кваліфікатор	protein_id
	Визначення	Ідентифікаційний номер білкової послідовності; ціле число, що використовується в переліку послідовностей для позначення білкової послідовності, закодованої кодуючою послідовністю, визначеною відповідним ключем функції "CDS" та кваліфікатором "translation"
	Формат обов’язкового значення	ціле число більше нуля
	Приклади	<INSDQualifier_value>89</INSDQualifier_value>
6.52.	Кваліфікатор	proviral
	Визначення	Цей кваліфікатор використовується для позначення послідовності, отриманої з вірусу або бактеріофагу, інтегрованого в геном іншого організму
	Формат значення	немає
6.53.	Кваліфікатор	pseudo
	Визначення	Вказує на те, що ця функція є нефункціональною версією елемента, названого ключем функції
	Формат значення	немає
	Примітки	Кваліфікатор "pseudo" має використовуватись для опису нефункціональних генів, які формально не описуються як псевдогени, наприклад, кодуюча послідовність не має трансляції з інших причин ніж псевдогенетичні події. Інші причини можуть включати помилки секвенування або складання Для опису псевдогенів повинен використовуватись кваліфікатор "pseudogene" із зазначенням типу (TYPE) псевдогена.
6.54.	Кваліфікатор	pseudogene
	Визначення	Вказує на те, що ця функція є псевдогеном елемента, названого ключем функції
	Формат обов’язкового	TYPE

	значення	де "TYPE" є одним із таких стандартизованих термінів або висловів: processed unprocessed unitary allelic unknown
	Приклади	<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>
	Примітки	Визначення значень "TYPE": processed – псевдоген з'явився унаслідок зворотної транскрипції мРНК у кДНК з подальшою реінтеграцією в геном. Таким чином, він утратив будь-яку інтронну/екзонну структуру і можливо набув псевдо-полі(А) хвіст. unprocessed – псевдоген з'явився з копії батьківського гена внаслідок дублювання з подальшим накопиченням випадкових мутацій. Зміни, порівняно з їх функціональним гомологом, включають вставки, видалення, передчасні стоп-кодони, зсуви рамки і більшу частку несинонімічних (проти синонімічних) замін. unitary – псевдоген не має першоджерела. Він є оригінальним геном, функціональним в одному виді, проте порушеним якимось чином в іншому виді або штамі. allelic – (унітарний) псевдоген, стабільний в популяції та, щонайважливіше, має функціональний альтернативний алель, що також знаходиться у популяції. Тобто, один штам може мати ген, а інший штам може мати псевдоген. Гаплотипи МНС мають алельні псевдогени. unknown – подавець не знає способу псевдогенізації.

6.55.	Кваліфікатор	rearranged
	Визначення	Послідовність, представлена у записі, піддавалася соматичній перебудові як частині адаптивної імунної реакції; вона не є неперебудованою послідовністю, успадкованою від батьківської генеративної лінії
	Формат значення	немає
	Примітки	Кваліфікатор "rearranged" не повинен використовуватись для анотування хромосомних перебудов, які не беруть участь в адаптивній імунній реакції; кваліфікатори "germline" і "rearranged" не повинні використовуватись в одній функції "source"; кваліфікатори "germline" і "rearranged" повинні використовуватись лише для молекул, здатних до соматичної перебудови як частини адаптивної імунної реакції; до них належать локуси Т-клітинних рецепторів (ТКР) та імуноглобулінові локуси у щелепних хребетних, а також непов'язані локуси варіабельних лімфоцитних рецепторів (ВЛР) у безщелепних риб (міног і міксин); кваліфікатори "germline" і "rearranged" не повинні використовуватись за межами класу Craniata (taxid=89593)

6.56.	Кваліфікатор	recombination_class

	Визначення	структурований опис класифікації області гарячих точок рекомбінації в межах послідовності
	Формат обов’язкового значення	TYPE де "TYPE" є одним із таких стандартизованих термінів або висловів: meiotic mitotic_recombination non_allelic_homologous_recombination_region chromosome_breakpoint other
	Приклади	<INSDQualifier_value>meioticrecombination</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>chromosome_breakpoint</INSDQualifier_value>
	Примітки	Певні класи рекомбінації, позначення яких відсутні у стандартизованій лексиці для кваліфікатора "recombination_class", повинні бути описані шляхом наведення "other" як значення кваліфікатора "recombination_class" і надання відповідного стислого пояснення в кваліфікаторі "note"
6.57.	Кваліфікатор	regulatory_class
	Визначення	структурований опис класифікації транскрипційних, трансляційних, реплікаційних та регуляторних елементів, що стосуються структури хроматину, в послідовності
	Формат обов’язкового значення	TYPE де "TYPE" є одним із таких стандартизованих термінів або висловів: 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 replication_regulatory_region response_element ribosome_binding_site riboswitch silencer TATA_box terminator transcriptional_cis_regulatory_region other
	Приклади	<INSDQualifier_value>promoter</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>enhancer</INSDQualifier_value>

		<INSDQualifier_value>ribosome_binding_site</INSDQualifier_value>
	Примітки	Певні регуляторні класи, позначення яких відсутні у стандартизованій лексиці для кваліфікатора "regulatory_class", повинні бути описані шляхом наведення "other" як значення кваліфікатора "regulatory_class" і надання відповідного стислого пояснення в кваліфікаторі "note"
6.58.	Кваліфікатор	replace
	Визначення	Вказує на те, що послідовність, ідентифікована в локалізації функції, заміщується послідовністю, наведеною у значенні кваліфікатора; якщо кваліфікатор не містить жодної послідовності (тобто, не має значення), це означає видалення
	Формат обов’язкового значення	довільний текст
	Приклади	<INSDQualifier_value>a</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value></INSDQualifier_value> – для видалення
6.59.	Кваліфікатор	ribosomal_slippage
	Визначення	Під час білкової трансляції певні послідовності можуть програмувати рибосоми на перехід до альтернативної рамки зчитування за допомогою механізму, відомого як рибосомне прослизання
	Формат значення	немає
	Примітки	Оператор "join", наприклад: [join(486..1784,1787..4810] повинен використовуватись в локалізації функції кодуючої послідовності для позначення локалізації "ribosomal_slippage"
6.60.	Кваліфікатор	rpt_family
	Визначення	Тип повторюваної послідовності; наприклад, "Alu" або "Kpn"
	Формат обов’язкового значення	довільний текст
	Приклади	<INSDQualifier_value>Alu</INSDQualifier_value>
6.61.	Кваліфікатор	rpt_type
	Визначення	Структура та розподіл повторюваної послідовності
	Формат обов’язкового значення	Один із таких стандартизованих термінів або висловів: 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
	Приклади	<INSDQualifier_value>inverted</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>long_terminal_repeat</INSDQualifier_valu e>
	Примітки	Визначення значень: tandem – повтор, суміжний з іншим повтором у тій самій орієнтації; direct – повтор, не завжди суміжний, проте у тій самій орієнтації; inverted – пара повторів, що зустрічається у зворотній орієнтації один до одного у тій самій молекулі; flanking – повтор поза межами послідовності, для якої він є функціонально важливим (наприклад, цільовий сайт вставки транспозонів); nested – повтор, який порушується шляхом вставки іншого елемента; dispersed – повтор, розосереджений по всьому геному; terminal – повтор на кінцях і в межах послідовності, для якої він є функціонально важливим (наприклад, довгий кінцевий повтор транспозонів); long_terminal_repeat - послідовність, яка безпосередньо повторюється на обох кінцях певної послідовності, зокрема, що зустрічається в ретровірусах; non_ltr_retrotransposon_polymeric_tract - полімерний тракт, такий як полі(дА), в межах недовгого кінцевого повтору (LTR) ретротранспозону; centromeric_repeat - область повтору, що знаходиться в межах модульного центромера; telomeric_repeat - область повтору, що знаходиться в межах теломера; x_element_combinatorial_repeat – область повтору, розташована між елементом "X" та теломером або суміжним елементом "Y'"; y_prime_element – область повтору, розташована поряд з теломерними повторами або комбінаторними повторами елемента "X" як одна копія або як тандемний повтор від двох до чотирьох копій; other – повтор, що виявляє важливі властивості, які не можуть бути описані іншими значеннями.

6.62.	Кваліфікатор	rpt_unit_range
	Визначення	Локалізація повторюваної одиниці, виражена як діапазон
	Формат обов’язкового значення	<base_range>, де <base_range> є першою та останньою основами (розділеними двома крапками) повторюваної одиниці
	Приклади	<INSDQualifier_value>202..245</INSDQualifier_value>
	Примітки	Використовується для позначення меж основи послідовності, що

		є повторюваною одиницею, в межах ділянки, визначеної ключами функцій "oriT" і "repeat_region".
6.63.	Кваліфікатор	rpt_unit_seq
	Визначення	Ідентифікація повторюваної послідовності
	Формат обов’язкового значення	довільний текст
	Приклади	<INSDQualifier_value>aagggc</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>ag(5)tg(8)</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>(AAAGA)6(AAAA)1(AAAGA)12</INSDQualifier_value>
	Примітки	Використовується для позначення буквеної послідовності, що становить повторювану одиницю в межах області, визначеної ключами функцій "oriT" і "repeat_region"
6.64.	Кваліфікатор	satellite
	Визначення	Кваліфікатор ДНК-маркера сателіта, що складається з множини тандемних повторів (ідентичних або пов'язаних) короткої базової повторюваної одиниці
	Формат обов’язкового значення	<satellite_type>[:<class>][<identifier>], де <satellite_type> є одним із наступних термінів: satellite; microsatellite; minisatellite
	Приклади	<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>
	Примітки	Багато сателітів мають нуклеотидний склад або інші властивості, які відрізняються від складу і властивостей решти генома, що дозволяє ідентифікувати їх.
6.65.	Кваліфікатор	segment
	Визначення	Назва секвенованого вірусного або бактеріофагового фрагменту
	Формат обов’язкового значення	довільний текст
	Приклади	<INSDQualifier_value>6</INSDQualifier_value>
6.66.	Кваліфікатор	serotype
	Визначення	Серологічне різноманіття видів, що відрізняється своїми антигенними властивостями

	Формат обов’язкового значення	довільний текст (Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур)
	Приклади	<INSDQualifier_value>B1</INSDQualifier_value>
	Примітки	Використовується лише з ключем функції "source"; Бактеріологічний кодекс рекомендує використовувати термін 'серовар' замість терміну 'серотип' для прокаріотів; див. Доповнення 10.B "Внутрішньовидові терміни" Міжнародного кодексу номенклатури бактерій (редакція 1990 року).
6.67.	Кваліфікатор	serovar
	Визначення	Серологічне різноманіття видів (зазвичай прокаріотична), що характеризується своїми антигенними властивостями
	Формат обов’язкового значення	довільний текст (Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур)
	Приклади	<INSDQualifier_value>O157:H7</INSDQualifier_value>
	Примітки	Використовується лише з ключем функції "source"; Бактеріологічний кодекс рекомендує використовувати термін 'серовар' замість терміну 'серотип' для прокаріотів; див. Доповнення 10.B "Внутрішньовидові терміни" Міжнародного кодексу номенклатури бактерій (редакція 1990 року).
6.68.	Кваліфікатор	sex
	Визначення	Стать організму, з якого було отримано послідовність; стать застосовується до еукаріотичних організмів, які здатні до мейозу і мають статево диморфні гамети
	Формат обов’язкового значення	довільний текст Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур
	Приклади	<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> <INSDQualifier_value>monoecious</INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>dioecious</INSDQualifier_value>
	Примітки	Кваліфікатор "sex" має використовуватись (замість кваліфікатора "mating_type") для багатоклітинних тварин, ембріофітів, червоних і бурих водоростей; кваліфікатор "mating_type" має використовуватись (замість кваліфікатора "sex") для бактерій, архей і грибів; ні кваліфікатор "sex", ні кваліфікатор "mating_type" не мають використовуватися для вірусів; за межами таксонів, перелічених вище, має використовуватись кваліфікатор "mating_type", за винятком, якщо значення кваліфікатора взяте із словника у прикладах, наведених вище

6.69.	Кваліфікатор	standard_name
	Визначення	Загальноприйнята назва цієї функції
	Формат обов’язкового значення	довільний текст це значення може вимагати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур
	Приклади	<INSDQualifier_value>dotted</INSDQualifier_value>
	Примітки	Кваліфікатор "standard_name" використовується для зазначення повної назви гена, а кваліфікатор "gene" – для зазначення символу гена (у прикладі, наведеному вище, значенням кваліфікатора "gene" є "Dt").

6.70.	Кваліфікатор	strain
	Визначення	Штам, з якого було отримано послідовність
	Формат обов’язкового значення	довільний текст Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур
	Приклади	<INSDQualifier_value>BALB/c</INSDQualifier_value>
	Примітки	Записи функцій, що включають кваліфікатор "strain", не повинні включати кваліфікатор "environmental_sample"

6.71.	Кваліфікатор	sub_clone
	Визначення	Субклон, з якого було отримано послідовність
	Формат обов’язкового значення	довільний текст Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур
	Приклади	<INSDQualifier_value>lambda-hIL7.20g</INSDQualifier_value>
	Примітки	Функція "source" не повинна містити більше одного кваліфікатора "sub_clone"; для позначення того, що послідовність було отримано з множини субклонів, множина джерел може бути додатково описана, використовуючи ключ функцій "misc_feature" та кваліфікатор "note"

6.72.	Кваліфікатор	sub_species
	Визначення	Назва підвиду організму, з якого було отримано послідовність
	Формат обов’язкового значення	довільний текст Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур
	Приклади	<INSDQualifier_value>lactis</INSDQualifier_value>

6.73.	Кваліфікатор	sub_strain
	Визначення	Назва або ідентифікатор штаму, модифікованого генетично або іншим чином, з якого було отримано послідовність; походить з батьківського штаму (має бути зазначено в кваліфікаторі "strain"). Субштам, з якого було отримано послідовність
	Формат обов’язкового значення	довільний текст Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур
	Приклади	<INSDQualifier_value>abis</INSDQualifier_value>
	Примітки	Повинен супроводжуватися кваліфікатором "strain" у функції "source"; Якщо батьківський штам не зазначено, модифікований штам має бути описано в кваліфікаторі "strain", а не в кваліфікаторі "substrain". Наприклад, може бути вказано кваліфікатор "strain" із значенням "K-12" та кваліфікатор "substrain" із значенням "MG1655" або ж лише кваліфікатор "strain" із значенням "MG1655"

6.74.	Кваліфікатор	tag_peptide
	Визначення	Локалізація основи, яка кодує поліпептид для маркера протеолізу тмРНК і його термінуючий кодон
	Формат обов’язкового значення	<base_range>, де у <base_range> вказується перша та остання основи (розділені двома крапками) локалізації для маркера протеолізу
	Приклади	<INSDQualifier_value>90..122</INSDQualifier_value>
	Примітки	Рекомендовано, щоб амінокислотна послідовність, яка відповідає кваліфікатору "tag_peptide", анотувалася частковою функцією "CDS" 5'-кінця; наприклад, кодуюча послідовність з локалізацією <90..122

6.75.	Кваліфікатор	tissue_lib
	Визначення	Бібліотека тканин, з якої було отримано послідовність
	Формат обов’язкового значення	довільний текст Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур
	Приклади	<INSDQualifier_value>tissue library 772</INSDQualifier_value>

6.76.	Кваліфікатор	tissue_type
	Визначення	Тип тканини, з якої було отримано послідовність
	Формат обов’язкового значення	довільний текст Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур
	Приклади	<INSDQualifier_value>liver</INSDQualifier_value>

6.77.	Кваліфікатор	transl_except
	Визначення	Трансляційний виняток: один кодон, трансляція якого не відповідає генетичному коду, визначеному в кваліфікаторі "organism" або "transl_table"
	Формат обов’язкового значення	(pos:location,aa:<amino_acid>), де "<amino_acid>" є трибуквеним скороченням для амінокислоти, закодованої кодоном у положенні "base_range"
	Приклади	<INSDQualifier_value>(pos:213..215,aa:Trp) </INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>(pos:462..464,aa:OTHER) </INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>(pos:1017,aa:TERM) </INSDQualifier_value> <INSDQualifier_value>(pos:2000..2001,aa:TERM) </INSDQualifier_value>
	Примітки	Якщо амінокислота не є однією з певних амінокислот, наведених у переліку в Розділі 3 цього Додатка, слід використовувати значення "OTHER" як "<amino_acid>" і вказувати назву нестандартної амінокислоти в кваліфікаторі "note"; для модифікованого амінокислотного селеноцистеїну слід використовувати трибуквене скорочення 'Sec' (однобуквений символ 'U' в амінокислотній послідовності) як "<amino_acid>"; для модифікованого амінокислотного пірролізину слід використовувати трибуквене скорочення 'Pyl' (однобуквений символ 'O' в амінокислотній послідовності) як "<amino_acid>"; для часткових кінцевих кодонів, якщо стоп-кодон ТАА доповнений шляхом додаванням залишків 3'А до мРНК, одне значення "<base_position>" або "<base_range>" використовується для локалізації (див. третій і четвертий приклади вище) у поєднанні з кваліфікатором "note", де зазначається наступне: 'стоп-кодон, доповнений шляхом додавання залишків 3'А до мРНК'.

6.78.	Кваліфікатор	transl_table
	Визначення	Визначення використовуваної таблиці генетичного коду, якщо вона не є універсальною або стандартною таблицею генетичного коду. Таблиці для використання наведено в цьому Додатку.
	Формат обов’язкового значення	<integer>, де "<integer>" є номером присвоєної таблиці генетичного коду
	Приклади	<INSDQualifier_value>3</INSDQualifier_value>
	Примітки	Якщо кваліфікатор "transl_table" не використовується для додаткового опису ключа функції "CDS", то кодуюча послідовність транслюється за допомогою стандартного коду (тобто Універсального генетичного коду). Винятки з генетичного коду поза межами визначених таблиць наводяться в кваліфікаторі "transl_except".

6.79.	Кваліфікатор	transl_splicing

	Визначення	Вказує на те, що екзони з двох молекул РНК лігуються під час міжмолекулярної реакції для утворення зрілої РНК
	Формат значення	немає
	Примітки	Має використовуватись для таких функцій як CDS, mRNA та інших функцій, отриманих унаслідок транс-сплайсинга. Цей кваліфікатор повинен використовуватись, лише якщо сплайсинг указаний в операторі "join", наприклад, join(complement(69611..69724),139856..140087) в локалізації функції
6.80.	Кваліфікатор	translation
	Визначення	Однобуквене скорочення назви амінокислотної послідовності, узяте із стандартного (або універсального) генетичного коду або таблиці, як зазначено в кваліфікаторі "transl_table" і як визначено винятком в кваліфікаторі "transl_except"
	Формат обов’язкового значення	безперервний рядок однобуквених скорочень назв амінокислот з Розділу 3 цього Додатка, "X" повинен використовуватись для AA-винятків
	Приклади	<INSDQualifier_value>MASTFPPWYRGCASTPSLKGLIMCTW</INSDQualifier_value>
	Примітки	Має використовуватись лише з функцією "CDS"; повинен супроводжуватися кваліфікатором "protein_id", якщо продукт трансляції містить чотири або більше специфічно визначені амінокислоти; визначення і місце розташування таблиць генетичного коду містяться у записі стосовно кваліфікатора "transl_table"; для додаткового опису функції "CDS" допускається використання лише одного з кваліфікаторів "translation", "pseudo" і "pseudogene".
6.81.	Кваліфікатор	variety
	Визначення	Сорт (= varietas, офіційний ранг системи Ліннея) організму, з якого було отримано послідовність
	Формат обов’язкового значення	довільний текст Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур
	Приклади	<INSDQualifier_value>insularis</INSDQualifier_value>
	Примітки	Кваліфікатор "cultivar" використовується для культивованих сортів рослин, тобто продуктів штучної селекції; інші сорти, окрім сортів рослин і грибів, мають описуватися за допомогою кваліфікатора "note", наприклад, із значенням <INSDQualifier_value>breed:Cukorova</INSDQualifier_value>

РОЗДІЛ 7: КЛЮЧІ ФУНКЦІЙ ДЛЯ АМІНОКИСЛОТНИХ ПОСЛІДОВНОСТЕЙ

Цей розділ містить перелік допустимих ключів функцій для використання для амінокислотних послідовностей. Ключі функцій наведені в абетковому порядку.

7.1.	Ключ функції	ACT_SITE
	Визначення	Амінокислота (-и), залучена (-і) до активності ферменту
	Необов'язкові кваліфікатори	NOTE
	Примітки	Кожний амінокислотний залишок активного сайта повинен бути анотований окремо з використанням ключа функції "ACT_SITE". Відповідний номер амінокислотного залишку повинен бути вказаний як дескриптор локалізації в елементі локалізації функції.

7.2.	Ключ функції	BINDING
	Визначення	Зв'язувальний сайт для будь-якої хімічної групи (коферментної, простетичної тощо). Хімічні властивості групи зазначаються в кваліфікаторі "NOTE".
	Обов'язкові кваліфікатори	NOTE
	Примітки	Приклади значень для кваліфікатора "NOTE": "Heme (covalent)" і "Chloride". Якщо можливо, слід використовувати ключі функцій "CA_BIND", "DNA_BIND", "METAL" та "NP_BIND", а не "BINDING".

7.3.	Ключ функції	CA_BIND
	Визначення	Протяжність кальцій-зв'язувальної ділянки
	Необов'язкові кваліфікатори	NOTE

7.4.	Ключ функції	CARBOHYD
	Визначення	Сайт глікозилювання
	Обов'язкові кваліфікатори	NOTE
	Примітки	Цей ключ описує кількість випадків приєднання глікану (моно- або полісахариду) до залишку білка. Тип зв’язку (C-, N- або O-linked) з білком вказується в кваліфікаторі "NOTE". Якщо відомо природу відновлюваного термінального цукру, його скорочення зазначається у дужках. Якщо після скорочення стоять три крапки, це вказує на продовження вуглеводного ланцюга. І навпаки, відсутність крапок означає, що моносахарид є зв'язаним. Тип зв'язку (C-, N- або O-linked) з білком вказується в кваліфікаторі "NOTE". Приклади значень, що використовуються в кваліфікаторі "NOTE": N-linked

		(GlcNAc...); O-linked (GlcNAc); O-linked (Glc...); частково C-linked (Man);O-linked (Ara...).
7.5.	Ключ функції	CHAIN
	Визначення	Протяжність поліпептидного ланцюга у зрілому білку.
	Необов'язкові кваліфікатори	NOTE
7.6.	Ключ функції	COILED
	Визначення	Протяжність області суперспіралі
	Необов'язкові кваліфікатори	NOTE
7.7.	Ключ функції	COMPBIAS
	Визначення	Протяжність композиційно зміщеної області
	Необов'язкові кваліфікатори	NOTE
7.8.	Ключ функції	CONFLICT
	Визначення	В різних джерелах повідомляється про різні послідовності.
	Необов'язкові кваліфікатори	NOTE
	Примітки	Приклади значень для кваліфікатора "NOTE": Missing; K -> Q; GSDSE -> RIRLR; V ->A.
7.9.	Ключ функції	CROSSLNK
	Визначення	Пост-трансляційно сформовані амінокислотні зв'язки.
	Обов'язкові кваліфікатори	NOTE
	Примітки	Ковалентні зв'язки різних типів, утворені між двома білками (міжланцюгові поперечні зв'язки) або між двома частинами одного білка (міжланцюгові поперечні зв'язки); окрім поперечних зв'язків, утворених дисульфідними зв'язками, для яких повинен використовуватись ключ функції "DISULFID". Для міжланцюгового поперечного зв'язку, дескриптором локалізації в елементі локалізації функції є номер залишку амінокислоти, поперечно зв'язаної з іншим білком. Для міжланцюгового поперечного зв'язку, дескриптором локалізації в елементі локалізації функції є номери залишків поперечно зв'язаних амінокислот у форматі “x..y”, наприклад “42..50”. Кваліфікатор "NOTE" вказує на природу поперечного зв'язку; зазначається принаймні назва кон'югата і назви двох

		залучених амінокислот. Приклади значень кваліфікатора "NOTE": "Isoglutamyl cysteine thioester (Cys-Gln);" "Beta- methyllanthionine (Cys-Thr);" and "Glycyl lysine isopeptide (Lys-Gly) (interchain with G-Cter in ubiquitin)".
7.10.	Ключ функції	DISULFID
	Визначення	Дисульфідний зв'язок
	Необов'язкові Обов'язкові кваліфікатори	NOTE
	Примітки	Для міжланцюгового дисульфідного зв'язку, дескриптором локалізації в елементі локалізації функції є номер залишку цистеїну, зв'язаного з іншим білком. Для міжланцюгового поперечного зв'язку, дескрипторами локалізації в елементі локалізації функції є номери залишків зв'язаних цистеїнів у форматі “x..y”, наприклад “42..50”.Для міжланцюгових дисульфідних зв'язків, кваліфікатор "NOTE" вказує на природу поперечного зв'язку, ідентифікуючи інший білок, наприклад "Міжланцюговий зв'язок (між ланцюгами A і B).
7.11.	Ключ функції	DNA_BIND
	Визначення	Протяжність ДНК-зв'язувальної ділянки
	Обов'язкові кваліфікатори	NOTE
	Примітки	Природа ДНК-зв'язувальної ділянки зазначається в кваліфікаторі "NOTE". Приклади значень для кваліфікатора "NOTE": "Homebox" і "Myb 2".
7.12.	Ключ функції	DOMAIN
	Визначення	Протяжність домену, що визначається як певна комбінація вторинних структур, упорядкованих у характерній тривимірній структурі або укладці.
	Обов'язкові кваліфікатори	NOTE
	Примітки	Тип домену зазначається в кваліфікаторі "NOTE". За наявності декількох копій домену, домени нумеруються. Приклади значень для кваліфікатора "NOTE": "Ras-GAP" і "Cadherin 1".
7.13.	Ключ функції	HELIX
	Визначення	Вторинна структура: Helices, наприклад Alpha-helix; 3(10) helix; або Pi-helix
	Необов'язкові кваліфікатори	NOTE
	Примітки	Ця функція використовується лише для білків з відомою третинною структурою. Зазначаються лише три типи вторинної структури: спіралі (ключ "HELIX"), бета-ланцюги (ключ "STRAND") і повороти (ключ "TURN"). Залишки, не зазначені в одному із цих класів, знаходяться у структурі "випадкової спіралі" або "петлі".

7.14.	Ключ функції	INIT_MET
	Визначення	Ініціювальний метіонін
	Необов'язкові кваліфікатори	NOTE
	Примітки	Дескриптором локалізації в елементі локалізації функції є "1". Цей ключ функції вказує на відщеплення N-кінцевого метіоніну. Ця функція не використовується, якщо ініціювальний метіонін не відщеплюється.
7.15.	Ключ функції	INTRAMEM
	Визначення	Протяжність області, яка розташована у мембрані і не виходить за її межі
	Необов'язкові кваліфікатори	NOTE
7.16.	Ключ функції	LIPID
	Визначення	Ковалентне зв'язування ліпідного компонента
	Обов'язкові кваліфікатори	NOTE
	Примітки	Хімічна природа зв'язаного ліпідного компонента наводяться в кваліфікаторі "NOTE", де принаймні зазначається назва ліпідованої амінокислоти. Приклади значень кваліфікатора "NOTE": "N-myristoyl glycine"; "GPI-anchor amidated serine" та "S-diacylglycerol cysteine".
7.17.	Ключ функції	METAL
	Визначення	Сайт зв'язування для іона металу
	Обов'язкові кваліфікатори	NOTE
	Примітки	В кваліфікаторі "NOTE" зазначається природа металу. Приклади значень кваліфікатора "NOTE": "Iron(heme axial ligand)"; " і "Copper".
7.18.	Ключ функції	MOD_RES
	Визначення	Пост-трансляційна модифікація залишку
	Обов'язкові кваліфікатори	NOTE
	Примітки	Хімічна природа модифікованого залишку наводиться в кваліфікаторі "NOTE" із зазначенням принаймні назви пост-трансляційно модифікованої амінокислоти. Якщо модифікована кислота зазначена у Розділі 4 цього Додатка, замість повної назви може використовуватись скорочена. Приклади значень для кваліфікатора "NOTE": "N-acetylalanine"; "3-Hyp"; і "MeLys" або "N-6-methyllysine".

7.19.	Ключ функції	MOTIF
	Визначення	Короткий (до 20-и амінокислот) біологічно досліджуваний мотив послідовності.
	Необов'язкові кваліфікатори	NOTE
7.20.	Ключ функції	MUTAGEN
	Визначення	Сайт, змінений експериментальним шляхом мутагенезу
	Необов'язкові кваліфікатори	NOTE
7.21.	Ключ функції	NON_STD
	Визначення	Нестандартна амінокислота
	Необов'язкові кваліфікатори	NOTE
	Примітки	Цей ключ описує кількість нестандартних амінокислот селеноцистеїну (U) та пірролізину (O) в амінокислотній послідовності.
7.22.	Ключ функції	NON_TER
	Визначення	Залишок наприкінці послідовності не є кінцевим (термінальним)
	Необов'язкові кваліфікатори	NOTE
	Примітки	Якщо це стосується положення 1, то перше положення не є N-кінцем усієї молекули. Якщо це стосується останнього положення, то це положення не є C-кінцем усієї молекули.
7.23.	Ключ функції	NP_BIND
	Визначення	Протяжність ділянки зв'язування нуклеотидфосфату
	Обов'язкові кваліфікатори	NOTE
	Примітки	Властивості нуклеотидфосфату зазначаються в кваліфікаторі "NOTE". Приклади значень для кваліфікатора "NOTE": "ATP" і "FAD".
7.24.	Ключ функції	PEPTIDE
	Визначення	Протяжність вивільненого активного пептиду
	Необов'язкові кваліфікатори	note
7.25.	Ключ функції	PROPEP
	Визначення	Протяжність пропептиду

	Необов'язкові кваліфікатори	note
7.26.	Ключ функції	REGION
	Визначення	Протяжність дослідної ділянки у послідовності
	Необов'язкові кваліфікатори	note
7.27.	Ключ функції	REPEAT
	Визначення	Протяжність внутрішнього повторення послідовності
	Необов'язкові кваліфікатори	note
7.28.	Ключ функції	SIGNAL
	Визначення	Протяжність сигнальної послідовності (препептиду)
	Необов'язкові кваліфікатори	note
7.29.	Ключ функції	SITE
	Визначення	Будь-який дослідний амінокислотний сайт у послідовності, не визначений іншим ключем функції. Він також може застосовуватися до амінокислотного зв'язку, представленого положеннями двох амінокислот, що фланкують
	Обов'язкові кваліфікатори	note
	Примітки	Якщо ключ функції "SITE" використовується для анотування модифікованої амінокислоти, значенням кваліфікатора "note" повинне бути одне із скорочень, наведених у Розділі 4 цього Додатка, або повна, нескорочена назва модифікованої амінокислоти.
7.30.	Ключ функції	SOURCE
	Визначення	Ідентифікує джерело послідовності; цей ключ є обов'язковим; кожна послідовність повинна мати одну функцію "SOURCE", що охоплює всю послідовність
	Обов'язкові кваліфікатори	MOL_TYPE ORGANISM
	Необов'язкові кваліфікатори	note
7.31.	Ключ функції	STRAND
	Визначення	Вторинна структура: бета-ланцюг, наприклад бета-ланцюг з водневим зв'язком або залишок в ізольованому бета-містку
	Необов'язкові кваліфікатори	note

	Примітки	Ця функція застосовується лише до білків з відомою третинною структурою. Зазначаються лише три типи вторинної структури: спіралі (ключ "HELIX"), бета-ланцюги (ключ "STRAND") і повороти (ключ "TURN"). Залишки, не зазначені в одному із цих класів, знаходяться у структурі "випадкової спіралі" або "петлі".
7.32.	Ключ функції	TOPO_DOM
	Визначення	Топологічний домен
	Необов'язкові кваліфікатори	note
7.33.	Ключ функції	TRANSMEM
	Визначення	Протяжність трансмембранної області
	Необов'язкові кваліфікатори	note
7.34.	Ключ функції	TRANSIT
	Визначення	Протяжність транзитного пептиду (мітохондрії, хлоропласту, тилакоїду, ціанели, пероксисоми тощо)
	Необов'язкові кваліфікатори	note
7.35.	Ключ функції	TURN
	Визначення	Петлі вторинної структури, наприклад петля з Н-зв'язком (3-петля, 4-петля або 5-петля)
	Необов'язкові кваліфікатори	note
	Примітки	Ця функція застосовується лише до білків з відомою третинною структурою. Зазначаються лише три типи вторинної структури: спіралі (ключ "HELIX"), бета-ланцюги (ключ "STRAND") і повороти (ключ "TURN"). Залишки, не зазначені в одному із цих класів, знаходяться у структурі "випадкової спіралі" або "петлі".
7.36.	Ключ функції	UNSURE
	Визначення	Невизначеності в послідовності
	Необов'язкові кваліфікатори	note
	Примітки	Використовується для опису ділянки (-ок) амінокислотної послідовності, щодо представлення якої (-их) автори не впевнені.
7.37.	Ключ функції	VARIANT
	Визначення	Автори повідомляють про існування варіантів послідовності.

	Необов'язкові кваліфікатори	note
7.38.	Ключ функції	VAR_SEQ
	Визначення	Опис варіантів послідовності, отриманих шляхом альтернативного сплайсингу, використанням альтернативного промоутера, альтернативної ініціації та рибосомного фреймшифтингу.
	Необов'язкові кваліфікатори	note
7.39.	Ключ функції	ZN_FING
	Визначення	Протяжність ділянки "цинкові пальці"
	Обов'язкові кваліфікатори	note
	Примітки	Тип "цинкових пальчиків" вказується в кваліфікаторі "NOTE". Наприклад: "GATA-type" і "NR C4-type".

РОЗДІЛ 8: КВАЛІФІКАТОРИ ДЛЯ АМІНОКИСЛОТНИХ ПОСЛІДОВНОСТЕЙ

Цей розділ містить перелік допустимих кваліфікаторів для використання для амінокислотних послідовностей.

Якщо формат значення – це довільний текст, який визначається як залежний від мови, слід використовувати один з наступних елементів:

1) елемент `INSDQualifier_value`; або
2) елемент `NonEnglishQualifier_value`; або
3) обидва елементи `INSDQualifier_value` та `NonEnglishQualifier_value`.

Якщо формат значення – це щось інше, ніж "none", але визначений як залежний від мови довільний текст, то повинен використовуватись елемент `INSDQualifier_value`, а елемент `NonEnglishQualifier_value` не повинен використовуватись.

СЛІД ЗАУВАЖИТИ, ЩО: Будь-яке значення кваліфікатора, надане для кваліфікатора з мовно-залежним форматом значення довільного тексту, може вимагати перекладу для міжнародних, національних або регіональних процедур. Кваліфікатори, наведені в наступній таблиці, вважаються такими, що мають значення залежного від мови довільного тексту:

Таблиця 6: Список значень кваліфікаторів із залежними від мови значеннями довільного тексту для амінокислотних послідовностей

Секція	Кваліфікатор залежного від мови довільного тексту
8.2	NOTE
8.3	ORGANISM

8.1.	Кваліфікатор	MOL_TYPE
	Визначення	Тип молекул послідовності *in vivo*
	Формат обов’язкового значення	білок
	Приклад	<INSDQualifier_value>protein</INSDQualifier_value>
	Примітки	Кваліфікатор "MOL_TYPE" є обов'язковим для ключа функції "SOURCE".

8.2.	Кваліфікатор	NOTE
	Визначення	Будь-які примітки або додаткова інформація
	Формат обов’язкового значення	довільний текст (Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур)
	Приклад	<INSDQualifier_value>Heme (covalent)</INSDQualifier_value>

	Примітки	Кваліфікатор "NOTE" є обов'язковим для таких ключів функцій: BINDING; CARBOHYD; CROSSLNK; DISULFID; DNA_BIND; DOMAIN; LIPID; METAL; MOD_RES; NP_BIND і ZN_FING.

8.3.	Кваліфікатор	ORGANISM
	Визначення	Наукова назва організму, з якого отримано пептид
	Формат обов’язкового значення	довільний текст (Залежно від мови: це значення може вимагати перекладу для міжнародних/національних/регіональних процедур)
	Приклад	<INSDQualifier_value>Homo sapiens</INSDQualifier_value>
	Примітки	Кваліфікатор "ORGANISM" є обов'язковим для ключа функції "SOURCE".

РОЗДІЛ 9: ТАБЛИЦІ ГЕНЕТИЧНОГО КОДУ

У Таблиці 7 наведено генетичні коди для трансляції кодуючих послідовностей. Значенням кваліфікатора `trans_table` є номер, присвоєний відповідній таблиці генетичних кодів. Якщо функція "CDS" описується кваліфікатором трансляції, а не кваліфікатором `transl_table`, для трансляції слід використовувати таблицю "1 – Standard Code". (Примітка: Таблиць генетичного коду 7, 8, 15 і 17-20 не існує, тому ці номери відсутні у Таблиці 7).

Таблиця 7: Таблиці генетичного коду

1 – Стандартний код		
AAs	=	FFLLSSSSYY**CC*WLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG
Початок	=	---M----------M----------M----------
Основа1	=	ttttttttttttttttccccccccccccccccaaaaaaaaaaaaaaaaggggggggggggggggg
Основа2	=	ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggg
Основа3	=	tcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcag
2 – Мітохондріальний код хребетних		
AAs	=	FFLLSSSSYY**CCWWLLLLPPPPHHQQRRRRIIMMTTTTNNKKSS**VVVVAAAADDEEGGGG
Початок	=	----------MMMM----------M----------
Основа1	=	ttttttttttttttttccccccccccccccccaaaaaaaaaaaaaaaaggggggggggggggggg
Основа2	=	ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggg
Основа3	=	tcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcag
3 – Мітохондріальний код дріжджів		
AAs	=	FFLLSSSSYY**CCWWTTTTPPPPHHQQRRRRIIMMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG
Початок	=	----------MM---------- M---------- ----------
Основа1	=	ttttttttttttttttccccccccccccccccaaaaaaaaaaaaaaaaggggggggggggggggg
Основа2	=	ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggg
Основа3	=	tcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcag
4 – Мітохондріальний код плісняви, найпростіших, кишковопорожнинних та код мікоплазми/спіроплазми		
AAs	=	FFLLSSSSYY**CCWWLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG
Початок	=	--MM----------M----------MMMM----------M----------
Основа1	=	ttttttttttttttttccccccccccccccccaaaaaaaaaaaaaaaaggggggggggggggggg
Основа2	=	ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggg
Основа3	=	tcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcag
5 – Мітохондріальний код безхребетних		
AAs	=	FFLLSSSSYY**CCWWLLLLPPPPHHQQRRRRIIMMTTTTNNKKSSSSVVVVAAAADDEEGGGG
Початок	=	---M----------MMMM----------M----------
Основа1	=	ttttttttttttttttccccccccccccccccaaaaaaaaaaaaaaaaggggggggggggggggg
Основа2	=	ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggg
Основа3	=	tcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcag
6 – Ядерний код інфузорій, дазикладильних та гексамітів		
AAs	=	FFLLSSSSYYQQCC*WLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG
Початок	=	----------M----------
Основа1	=	ttttttttttttttttccccccccccccccccaaaaaaaaaaaaaaaaggggggggggggggggg
Основа2	=	ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggg

Основа3	=	tcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcag
9 – Мітохондріальний код голкошкірих та плоских червів		
AAs	=	FFLLSSSSYY**CCWWLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNNKSSSSVVVVAAAADDEEGGGG
Початок	=	----------M----------M----------
Основа1	=	tttttttttttttttttcccccccccccccccccaaaaaaaaaaaaaaaaggggggggggggggggg
Основа2	=	ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggg
Основа3	=	tcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcag
10 – Ядерний код еуплотид		
AAs	=	FFLLSSSSYY**CCCWLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG
Початок	=	----------M----------
Основа1	=	tttttttttttttttttcccccccccccccccccaaaaaaaaaaaaaaaaggggggggggggggggg
Основа2	=	ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggg
Основа3	=	tcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcag
11 – Код бактерій, архей та рослинних пластид		
AAs	=	FFLLSSSSYY**CC*WLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG
Початок	=	- - - M----------M----------MMMM----------M----------
Основа1	=	tttttttttttttttttcccccccccccccccccaaaaaaaaaaaaaaaaggggggggggggggggg
Основа2	=	ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggg
Основа3	=	tcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcag
12 – Альтернативний ядерний код дріжджів		
AAs	=	FFLLSSSSYY**CC*WLLLSPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG
Початок	=	----------M----------M----------
Основа1	=	tttttttttttttttttcccccccccccccccccaaaaaaaaaaaaaaaaggggggggggggggggg
Основа2	=	ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggg
Основа3	=	tcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcag
13 – Мітохондріальний код асцидій		
AAs	=	FFLLSSSSYY**CCWWLLLLPPPPHHQQRRRRIIMMTTTTNNKKSSGGVVVVAAAADDEEGGGG
Початок	=	- - - M----------MM----------M----------
Основа1	=	tttttttttttttttttcccccccccccccccccaaaaaaaaaaaaaaaaggggggggggggggggg
Основа2	=	ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggg
Основа3	=	tcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcag
14 – Альтернативний мітохондріальний код плоских червів		
AAs	=	FFLLSSSSYYY*CCWWLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNNKSSSSVVVVAAAADDEEGGGG
Початок	=	----------M----------
Основа1	=	tttttttttttttttttcccccccccccccccccaaaaaaaaaaaaaaaaggggggggggggggggg
Основа2	=	ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggg
Основа3	=	tcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcag
Початок	=	----------M----------
Основа1	=	tttttttttttttttttcccccccccccccccccaaaaaaaaaaaaaaaaggggggggggggggggg
Основа2	=	ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggg
Основа3	=	tcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcag
16 – Мітохондріальний код хлорофіцієвих		
AAs	=	FFLLSSSSYY*LCC*WLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG
Початок	=	----------M----------
Основа1	=	tttttttttttttttttcccccccccccccccccaaaaaaaaaaaaaaaaggggggggggggggggg
Основа2	=	ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggg

Основа3	=	tcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcag
21 – Мітохондріальний код трематод		
AAs	=	FFLLSSSSYY**CCWWLLLLPPPPHHQQRRRRIIMMTTTTNNNKSSSSVVVVAAAADDEEGGGG
Початок	=	----------M----------M----------
Основа1	=	tttttttttttttttttcccccccccccccccccaaaaaaaaaaaaaaaaggggggggggggggggg
Основа2	=	ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggg
Основа3	=	tcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcag
22 –Мітохондріальний код Scenedesmus obliquus		
AAs	=	FFLLSS*SYY*LCC*WLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG
Початок	=	----------M----------
Основа1	=	tttttttttttttttttcccccccccccccccccaaaaaaaaaaaaaaaaggggggggggggggggg
Основа2	=	ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggg
Основа3	=	tcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcag
23 –Мітохондріальний код Thraustochytrium		
AAs	=	FF*LSSSSYY**CC*WLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG
Початок	=	----------M--M----------M----------
Основа1	=	tttttttttttttttttcccccccccccccccccaaaaaaaaaaaaaaaaggggggggggggggggg
Основа2	=	ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggg
Основа3	=	tcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcag
24 – Мітохондріальний код перистозяберних		
AAs	=	FFLLSSSSYY**CCWWLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSSKVVVVAAAADDEEGGGG
Початок	=	---M----------M----------M----------M----------
Основа1	=	tttttttttttttttttcccccccccccccccccaaaaaaaaaaaaaaaaggggggggggggggggg
Основа2	=	ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggg
Основа3	=	tcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcag
25 – Кандидат відділу SR1 та код Glacilibacteria		
AAs	=	FFLLSSSSYY**CCGWLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG
Початок	=	---M ---------- M----------M ----------
Основа1	=	tttttttttttttttttcccccccccccccccccaaaaaaaaaaaaaaaaggggggggggggggggg
Основа2	=	ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggg
Основа3	=	tcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcag
26 - Ядерний код Pachysolen tannophilus		
AAs	=	FFLLSSSSYY**CC*WLLLAPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG
Початок	=	----------M----------M----------
Основа1	=	tttttttttttttttttcccccccccccccccccaaaaaaaaaaaaaaaaggggggggggggggggg
Основа2	=	ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggg
Основа3	=	tcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcag
27 - Ядерний код Karyorelict		
AAs	=	FFLLSSSSYYQQCCWWLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG
Початок	=	----------*----------M----------
Основа1	=	tttttttttttttttttcccccccccccccccccaaaaaaaaaaaaaaaaggggggggggggggggg
Основа2	=	ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggg
Основа3	=	tcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcag
28 - Ядерний код кондилостом		
AAs	=	FFLLSSSSYYQQCCW WLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG
Початок	=	----------**-*----------M----------

Основа1	=	tttttttttttttttttcccccccccccccccccaaaaaaaaaaaaaaaaggggggggggggggggg
Основа2	=	ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggg
Основа3	=	tcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcag
29 - Ядерний код Mesodinium		
AAs	=	FFLLSSSSYYYYCC*WLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG
Початок	=	----------M----------
Основа1	=	tttttttttttttttttcccccccccccccccccaaaaaaaaaaaaaaaaggggggggggggggggg
Основа2	=	ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggg
Основа3	=	tcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcag
30 - Ядерний код перитрихів		
AAs	=	FFLLSSSSYYEECC*WLLLAPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGGWLLLLPP PPHHQQRR RRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG
Початок	=	----------M----------
Основа1	=	tttttttttttttttttcccccccccccccccccaaaaaaaaaaaaaaaaggggggggggggggggg
Основа2	=	ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggg
Основа3	=	tcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcag
31 - Ядерний код Blastocrithidia		
AAs	=	FFLLSSSSYYEECCWWLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSRRVVVVAAAADDEEGGGG
Початок	=	----------**----------M----------
Основа1	=	tttttttttttttttttcccccccccccccccccaaaaaaaaaaaaaaaaggggggggggggggggg
Основа2	=	ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggg
Основа3	=	tcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcag
33 - Мітохондріальний код UAA-Tyr Cephalodiscidae		
AAs	=	FFLLSSSSYYY*CCWWLLLLPPPPHHQQRRRRIIIMTTTTNNKKSSSKVVVVAAAADDEEGGGG
Початок	=	- - - M----------*----------M----------M----------M----------
Основа1	=	tttttttttttttttttcccccccccccccccccaaaaaaaaaaaaaaaaggggggggggggggggg
Основа2	=	ttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggttttccccaaaaggggg
Основа3	=	tcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcagtcag

[Додаток II наведено далі]