

Verordnung zum Verfahren in Patentsachen vor dem Deutschen Patent- und Markenamt

Datum: 1. September 2003

Fundstelle: BGBl I 2003, 1702

Textnachweis ab: 15.10.2003

(+++ Stand: Zuletzt geändert durch Art. 2 V v. 17.12.2004 I 3532 +++)

PatV Eingangsformel

Auf Grund des § 34 Abs. 6 und des § 63 Abs. 4 des Patentgesetzes in der Fassung der Bekanntmachung vom 16. Dezember 1980 (BGBl. 1981 I S. 1), von denen § 34 Abs. 6 zuletzt durch Artikel 7 Nr. 16 Buchstabe b und § 63 Abs. 4 durch Artikel 7 Nr. 27 Buchstabe b des Gesetzes vom 13. Dezember 2001 (BGBl. I S. 3656) geändert worden sind, jeweils in Verbindung mit § 20 der Verordnung über das Deutsche Patent- und Markenamt vom 5. September 1968 (BGBl. I S. 997), der durch Artikel 24 Nr. 2 des Gesetzes vom 13. Dezember 2001 (BGBl. I S. 3656) neu gefasst worden ist, verordnet das Deutsche Patent- und Markenamt:

PatV Inhaltsverzeichnis

Abschnitt 1

Allgemeines

- § 1 Anwendungsbereich
- § 2 DIN-Normen, Einheiten im Messwesen, Symbole und Zeichen

Abschnitt 2

Patentanmeldungen; Patentverfahren

- § 3 Form der Einreichung
- § 4 Erteilungsantrag
- § 5 Anmeldungsunterlagen
- § 6 Formerfordernisse bei schriftlicher Anmeldung
- § 7 Benennung des Erfinders
- § 8 Nichtnennung des Erfinders; Änderungen der Erfindernennung
- § 9 Patentansprüche
- § 10 Beschreibung
- § 11 Beschreibung von Nukleotid- und Aminosäuresequenzen
- § 12 Zeichnungen
- § 13 Zusammenfassung
- § 14 Deutsche Übersetzungen

Abschnitt 3

Sonstige Formerfordernisse

- § 15 Nachgereichte Anmeldungsunterlagen; Änderung von Anmeldungsunterlagen
- § 16 Modelle und Proben
- § 17 Öffentliche Beglaubigung von Unterschriften
- § 18 (weggefallen)

Abschnitt 4

Ergänzende Schutzzertifikate

- § 19 Form der Einreichung
- § 20 Ergänzende Schutzzertifikate für Arzneimittel
- § 21 Ergänzende Schutzzertifikate für Pflanzenschutzmittel

Abschnitt 5

Übergangs- und Schlussbestimmungen

§ 22 Übergangsregelung

§ 23 Inkrafttreten; Außerkrafttreten

Anlagen

Anlage 1 (zu § 11 Abs. 1 Satz 2)

Standards für die Einreichung von
Sequenzprotokollen

Anlage 2 (zu § 12)

Standards für die Einreichung von
Zeichnungen

Abschnitt 1 Allgemeines

PatV § 1 Anwendungsbereich

Für die im Patentgesetz geregelten Verfahren vor dem Deutschen Patent- und Markenamt gelten ergänzend zu den Bestimmungen des Patentgesetzes und der DPMA-Verordnung die Bestimmungen dieser Verordnung.

PatV § 2 DIN-Normen, Einheiten im Messwesen, Symbole und Zeichen

(1) DIN-Normen, auf die in dieser Verordnung verwiesen wird, sind im Beuth-Verlag GmbH, Berlin und Köln, erschienen und beim Deutschen Patent- und Markenamt in München archivmäßig gesichert niedergelegt.

(2) Einheiten im Messwesen sind in Übereinstimmung mit dem Gesetz über Einheiten im Messwesen und der hierzu erlassenen Ausführungsverordnung in den jeweils geltenden Fassungen anzugeben. Bei chemischen Formeln sind die auf dem Fachgebiet national oder international anerkannten Zeichen und Symbole zu verwenden.

Abschnitt 2 Patentanmeldungen; Patentverfahren

PatV § 3 Form der Einreichung

(1) Die Anmeldung (§ 34 des Patentgesetzes) und die Zusammenfassung (§ 36 des Patentgesetzes) sind beim Deutschen Patent- und Markenamt schriftlich einzureichen. Für die elektronische Einreichung ist § 12 der DPMA-Verordnung maßgebend.

(2) In den Fällen der §§ 8, 14 bis 21 ist die elektronische Form ausgeschlossen.

(3) (weggefallen)

PatV § 4 Erteilungsantrag

(1) Der Antrag auf Erteilung des Patents (§ 34 Abs. 3 Nr. 2 des Patentgesetzes) oder eines Zusatzpatents (§ 16 des Patentgesetzes) ist auf dem vom Deutschen Patent- und Markenamt herausgegebenen Formblatt oder als Datei entsprechend den vom Deutschen Patent- und Markenamt bekannt gemachten Formatvorgaben einzureichen.

(2) Der Antrag muss enthalten:

1. folgende Angaben zum Anmelder:

a) ist der Anmelder eine natürliche Person, den Vornamen und Familiennamen oder, falls die Eintragung unter der Firma des Anmelders erfolgen soll, die Firma, wie sie im Handelsregister eingetragen ist;

b) ist der Anmelder eine juristische Person oder eine Personengesellschaft, den Namen dieser Person oder Gesellschaft; die Bezeichnung der Rechtsform kann auf übliche Weise abgekürzt werden. Sofern die juristische Person oder Personengesellschaft in einem Register eingetragen ist, muss der Name entsprechend dem Registereintrag angegeben werden. Bei einer Gesellschaft bürgerlichen Rechts sind auch der Name und die Anschrift mindestens eines vertretungsberechtigten Gesellschafters anzugeben;

dabei muss klar ersichtlich sein, ob das Patent für eine oder mehrere Personen oder Gesellschaften, für den Anmelder unter der Firma oder unter dem bürgerlichen Namen angemeldet wird;

c) Wohnsitz oder Sitz und die Anschrift (Straße und Hausnummer, Postleitzahl, Ort);

2. eine kurze und genaue Bezeichnung der Erfindung;

3. die Erklärung, dass für die Erfindung die Erteilung eines Patents oder eines Zusatzpatents beantragt wird;

4. falls ein Vertreter bestellt worden ist, seinen Namen und seine Anschrift;

5. die Unterschrift aller Anmelder oder deren Vertreter;

6. falls ein Zusatzpatent beantragt wird, so ist auch das Aktenzeichen der Hauptanmeldung oder die Nummer des Hauptpatents anzugeben.

(3) Hat der Anmelder seinen Wohnsitz oder Sitz im Ausland, so ist bei der Angabe der Anschrift nach Absatz 2 Nr. 1 Buchstabe c außer dem Ort auch der Staat anzugeben. Außerdem können gegebenenfalls Angaben zum Bezirk, zur Provinz oder zum Bundesstaat gemacht werden, in dem der Anmelder seinen Wohnsitz oder Sitz hat oder dessen Rechtsordnung er unterliegt.

(4) Hat das Deutsche Patent- und Markenamt dem Anmelder eine Anmeldernummer zugeteilt, so soll diese in der Anmeldung genannt werden.

(5) Hat das Deutsche Patent- und Markenamt dem Vertreter eine Vertreternummer oder die Nummer einer allgemeinen Vollmacht zugeteilt, so soll diese angegeben werden.

(6) Unterzeichnen Angestellte für ihren anmeldenden Arbeitgeber, so ist die Zeichnungsbefugnis glaubhaft zu machen; auf beim Deutschen Patent- und Markenamt für die Unterzeichner hinterlegte Angestelltenvollmachten ist unter Angabe der hierfür mitgeteilten Kennnummer hinzuweisen.

PatV § 5 Anmeldungsunterlagen

(1) Die Anmeldungsunterlagen und die Zusammenfassung dürfen im Text keine bildlichen Darstellungen enthalten. Ausgenommen sind chemische und mathematische Formeln sowie Tabellen. Phantasiebezeichnungen, Marken oder andere Bezeichnungen, die zur eindeutigen Angabe der Beschaffenheit eines Gegenstands nicht geeignet sind, dürfen nicht verwendet werden. Kann eine Angabe ausnahmsweise nur durch Verwendung einer Marke eindeutig bezeichnet werden, so ist die Bezeichnung als Marke kenntlich zu machen.

(2) Technische Begriffe und Bezeichnungen sowie Bezugszeichen sind in der gesamten Anmeldung einheitlich zu verwenden, sofern nicht die Verwendung verschiedener Ausdrücke sachdienlich ist. Hinsichtlich der technischen Begriffe und Bezeichnungen gilt dies auch für Zusatzanmeldungen im Verhältnis zur Hauptanmeldung.

PatV § 6 Formerfordernisse bei schriftlicher Anmeldung

(1) Die Anmeldungsunterlagen sind in einer Form einzureichen, die eine elektronische Erfassung gestattet. Bei umfangreichen Anmeldungsunterlagen mit mehr als 300 Seiten sind zusätzlich zwei Datenträger einzureichen, die die Anmeldungsunterlagen jeweils in maschinenlesbarer Form enthalten. Für die Datenträger gelten die in Anlage 1 (zu § 11 Abs. 1 Satz 2) Nr. 41 festgelegten Standards entsprechend. Den Datenträgern ist eine Erklärung beizufügen, dass die auf den Datenträgern gespeicherten Informationen mit den Anmeldungsunterlagen übereinstimmen.

(2) Die Patentansprüche, die Beschreibung, die Zeichnungen sowie der Text und die Zeichnung der Zusammenfassung sind auf gesonderten Blättern und in drei Stücken einzureichen. Die Blätter müssen das Format A4 nach DIN 476 haben und im Hochformat verwendet werden. Für die Zeichnungen können die Blätter auch im Querformat verwendet werden, wenn dies sachdienlich ist; in diesem Fall ist der Kopf der Abbildungen auf der linken Seite des Blattes im Hochformat anzuordnen. Entsprechendes gilt für die Darstellung chemischer und mathematischer Formeln sowie für Tabellen. Alle Blätter müssen frei von Knicken und Rissen und dürfen nicht gefaltet oder gefalzt sein. Sie müssen aus nicht durchscheinendem, biegsamem, festem, glattem, mattem und widerstandsfähigem Papier sein.

(3) Die Blätter dürfen nur einseitig beschriftet oder mit Zeichnungen versehen sein. Sie müssen so miteinander verbunden sein, dass sie leicht voneinander getrennt und wieder zusammengefügt werden können. Jeder Bestandteil (Antrag, Patentansprüche, Beschreibung, Zeichnungen) der Anmeldung und der Zusammenfassung (Text, Zeichnung) muss auf einem neuen Blatt beginnen. Die Blätter der Beschreibung sind in arabischen Ziffern mit einer fortlaufenden Nummerierung zu versehen. Die Blattnummern sind unterhalb des oberen Rands in der Mitte anzubringen. Zeilen- und Absatzzähler oder ähnliche Nummerierungen sollen nicht verwendet werden.

(4) Als Mindestränder sind auf den Blättern des Antrags, der Patentansprüche, der Beschreibung und der Zusammenfassung folgende Flächen unbeschriftet zu lassen:

Oberer Rand: 2 Zentimeter
Linker Seitenrand: 2,5 Zentimeter
Rechter Seitenrand: 2 Zentimeter
Unterer Rand: 2 Zentimeter.

Die Mindestränder können den Namen, die Firma oder die sonstige Bezeichnung des Anmelders und das Aktenzeichen der Anmeldung enthalten.

(5) Der Antrag, die Patentansprüche, die Beschreibung und die Zusammenfassung müssen einspaltig mit Maschine geschrieben oder gedruckt sein. Blocksatz soll nicht verwendet werden. Die Buchstaben der verwendeten Schrift müssen deutlich voneinander getrennt sein und dürfen sich nicht berühren. Graphische Symbole und Schriftzeichen, chemische oder mathematische Formeln können handgeschrieben oder gezeichnet sein, wenn dies notwendig ist. Der Zeilenabstand muss 1 1/2-zeilig sein. Die Texte müssen mit Schriftzeichen, deren Großbuchstaben eine Mindesthöhe von 0,21 Zentimeter (Schriftgrad mindestens 10 Punkt) besitzen, und mit dunkler, unauslöschlicher Farbe geschrieben sein. Das Schriftbild muss scharfe Konturen aufweisen und kontrastreich sein. Jedes Blatt muss weitgehend frei von Radierstellen, Änderungen, Überschreibungen und Zwischenbeschriftungen sein. Von diesem Erfordernis kann abgesehen werden, wenn es sachdienlich ist. Der Text soll keine Unterstreichungen, Kursivschreibungen, Fettdruck oder Sperrungen beinhalten.

(6) Die Anmeldungsunterlagen sollen deutlich erkennen lassen, zu welcher Anmeldung sie gehören.

PatV § 7 Benennung des Erfinders

(1) Der Anmelder hat den Erfinder schriftlich auf dem vom Deutschen Patent- und

Markenamt herausgegebenen Formblatt oder als Datei entsprechend den vom Deutschen Patent- und Markenamt bekannt gemachten Formatvorgaben zu benennen.

(2) Die Benennung muss enthalten:

1. den Vor- und Zunamen, Wohnsitz und die Anschrift (Straße und Hausnummer, Postleitzahl, Ort, gegebenenfalls Postzustellbezirk) des Erfinders;
2. die Versicherung des Anmelders, dass weitere Personen seines Wissens an der Erfindung nicht beteiligt sind (§ 37 Abs. 1 des Patentgesetzes);
3. falls der Anmelder nicht oder nicht allein der Erfinder ist, die Erklärung darüber, wie das Recht auf das Patent an ihn gelangt ist (§ 37 Abs. 1 Satz 2 des Patentgesetzes);
4. die Bezeichnung der Erfindung und soweit bereits bekannt das amtliche Aktenzeichen;
5. die Unterschrift des Anmelders oder seines Vertreters; ist das Patent von mehreren Personen beantragt, so hat jede von ihnen oder ihr Vertreter die Benennung zu unterzeichnen.

PatV § 8 Nichtnennung des Erfinders; Änderungen der Erfindernennung

(1) Der Antrag des Erfinders, ihn nicht als Erfinder zu nennen, der Widerruf dieses Antrags (§ 63 Abs. 1 Satz 3 und 4 des Patentgesetzes) sowie Anträge auf Berichtigung oder Nachholung der Nennung (§ 63 Abs. 2 des Patentgesetzes) sind schriftlich einzureichen. Die Schriftstücke müssen vom Erfinder unterzeichnet sein und die Bezeichnung der Erfindung sowie das amtliche Aktenzeichen enthalten.

(2) Die Zustimmung des Anmelders oder Patentinhabers sowie des zu Unrecht Benannten zur Berichtigung oder Nachholung der Nennung (§ 63 Abs. 2 des Patentgesetzes) hat schriftlich zu erfolgen.

PatV § 9 Patentansprüche

(1) In den Patentansprüchen kann das, was als patentfähig unter Schutz gestellt werden soll (§ 34 Abs. 3 Nr. 3 des Patentgesetzes), einteilig oder nach Oberbegriff und kennzeichnendem Teil geteilt (zweiteilig) gefasst sein. In beiden Fällen kann die Fassung nach Merkmalen gegliedert sein.

(2) Wird die zweiteilige Anspruchsfassung gewählt, sind in den Oberbegriff die durch den Stand der Technik bekannten Merkmale der Erfindung aufzunehmen; in den kennzeichnenden Teil sind die Merkmale der Erfindung aufzunehmen, für die in Verbindung mit den Merkmalen des Oberbegriffs Schutz begehrt wird. Der kennzeichnende Teil ist mit den Worten "dadurch gekennzeichnet, dass" oder "gekennzeichnet durch" oder einer sinngemäßen Wendung einzuleiten.

(3) Werden Patentansprüche nach Merkmalen oder Merkmalsgruppen gegliedert, so ist die Gliederung dadurch äußerlich hervorzuheben, dass jedes Merkmal oder jede Merkmalsgruppe mit einer neuen Zeile beginnt. Den Merkmalen oder Merkmalsgruppen sind deutlich vom Text abzusetzende Gliederungszeichen voranzustellen.

(4) Im ersten Patentanspruch (Hauptanspruch) sind die wesentlichen Merkmale der Erfindung anzugeben.

(5) Eine Anmeldung kann mehrere unabhängige Patentansprüche (Nebenansprüche) enthalten, soweit der Grundsatz der Einheitlichkeit gewahrt ist (§ 34 Abs. 5 des Patentgesetzes). Absatz 4 ist entsprechend anzuwenden. Nebenansprüche können eine Bezugnahme auf mindestens einen der vorangehenden Patentansprüche enthalten.

(6) Zu jedem Haupt- bzw. Nebenanspruch können ein oder mehrere Patentansprüche (Unteransprüche) aufgestellt werden, die sich auf besondere Ausführungsarten der Erfindung beziehen. Unteransprüche müssen eine Bezugnahme auf mindestens einen der vorangehenden Patentansprüche enthalten. Sie sind so weit wie möglich und auf die zweckmäßigste Weise zusammenzufassen.

(7) Werden mehrere Patentansprüche aufgestellt, so sind sie fortlaufend mit arabischen Ziffern zu nummerieren.

(8) Die Patentansprüche dürfen, wenn dies nicht unbedingt erforderlich ist, im Hinblick auf die technischen Merkmale der Erfindung keine Bezugnahmen auf die Beschreibung oder die Zeichnungen enthalten, z. B. "wie beschrieben in Teil ... der Beschreibung" oder "wie in Abbildung ... der Zeichnung dargestellt".

(9) Enthält die Anmeldung Zeichnungen, so sollen die in den Patentansprüchen angegebenen Merkmale mit ihren Bezugszeichen versehen sein, wenn dies das Verständnis

des Patentanspruchs erleichtert.

(10) Bei Einreichung in elektronischer Form ist eine Datei entsprechend den vom Deutschen Patent- und Markenamt bekannt gemachten Formatvorgaben zu verwenden.

PatV § 10 Beschreibung

(1) Am Anfang der Beschreibung nach § 34 Abs. 3 Nr. 4 des Patentgesetzes ist als Titel die im Antrag angegebene Bezeichnung der Erfindung anzugeben.

(2) Ferner sind anzugeben:

1. das technische Gebiet, zu dem die Erfindung gehört, soweit es sich nicht aus den Ansprüchen oder den Angaben zum Stand der Technik ergibt;
2. der dem Anmelder bekannte Stand der Technik, der für das Verständnis der Erfindung und deren Schutzfähigkeit in Betracht kommen kann, unter Angabe der dem Anmelder bekannten Fundstellen;
3. das der Erfindung zugrunde liegende Problem, sofern es sich nicht aus der angegebenen Lösung oder den zu Nummer 6 gemachten Angaben ergibt, insbesondere dann, wenn es zum Verständnis der Erfindung oder für ihre nähere inhaltliche Bestimmung unentbehrlich ist;
4. die Erfindung, für die in den Patentansprüchen Schutz begehrt wird;
5. in welcher Weise der Gegenstand der Erfindung gewerblich anwendbar ist, wenn es sich aus der Beschreibung oder der Art der Erfindung nicht offensichtlich ergibt;
6. gegebenenfalls vorteilhafte Wirkungen der Erfindung unter Bezugnahme auf den bisherigen Stand der Technik;
7. wenigstens ein Weg zum Ausführen der beanspruchten Erfindung im Einzelnen, gegebenenfalls erläutert durch Beispiele und anhand der Zeichnungen unter Verwendung der entsprechenden Bezugszeichen.

(3) In die Beschreibung sind keine Angaben aufzunehmen, die zum Erläutern der Erfindung offensichtlich nicht notwendig sind. Wiederholungen von Ansprüchen oder Anspruchsteilen können durch Bezugnahme auf diese ersetzt werden.

(4) Bei Einreichung in elektronischer Form ist eine Datei entsprechend den vom Deutschen Patent- und Markenamt bekannt gemachten Formatvorgaben zu verwenden.

PatV § 11 Beschreibung von Nukleotid- und Aminosäuresequenzen

(1) Sind in der Patentanmeldung Strukturformeln in Form von Nukleotid- oder Aminosäuresequenzen angegeben und damit konkret offenbart, so ist ein entsprechendes Sequenzprotokoll getrennt von Beschreibung und Ansprüchen als Anlage zur Anmeldung einzureichen. Das Sequenzprotokoll hat den in der Anlage 1 enthaltenen Standards für die Einreichung von Sequenzprotokollen zu entsprechen.

(2) Wird die Patentanmeldung in schriftlicher Form eingereicht, so sind zusätzlich zu den schriftlichen Anmeldungsunterlagen zwei Datenträger einzureichen, die das Sequenzprotokoll jeweils in maschinenlesbarer Form enthalten. Die Datenträger sind als Datenträger für ein Sequenzprotokoll deutlich zu kennzeichnen und haben den in Absatz 1 genannten Standards zu entsprechen. Den Datenträgern ist eine Erklärung beizufügen, dass die auf den Datenträgern gespeicherten Informationen mit dem schriftlichen Sequenzprotokoll übereinstimmen.

(3) Wird das auf dem Datenträger bei der Anmeldung eingereichte Sequenzprotokoll nachträglich berichtigt, so hat der Anmelder eine Erklärung beizufügen, dass das berichtigte Sequenzprotokoll nicht über den Inhalt der Anmeldung in der ursprünglich eingereichten Fassung hinausgeht. Für die Berichtigung gelten die Absätze 1 und 2 entsprechend.

(4) Handelt es sich um eine Anmeldung, die aus einer internationalen Patentanmeldung nach dem Patentszusammenarbeitsvertrag hervorgegangen und für die das Deutsche Patent- und Markenamt Bestimmungsamt oder ausgewähltes Amt ist (Artikel III § 4 Abs. 1, § 6 Abs. 1 des Gesetzes über internationale Patentübereinkommen vom 21. Juni 1976, BGBl. 1976 II S. 649), so finden die Bestimmungen der Ausführungsordnung zum Patentszusammenarbeitsvertrag unmittelbar Anwendung, soweit diese den Standard für die Einreichung von Sequenzprotokollen regelt.

(5) Eine Einreichung der Anmeldung in elektronischer Form per E-Mail ist nur möglich, wenn die Anmeldung mit Sequenzprotokoll die für das Übertragungsverfahren zulässige

Dateigröße nicht überschreiten würde.

PatV § 12 Zeichnungen

Eingereichte Zeichnungen müssen den in der Anlage 2 enthaltenen Standards entsprechen.

PatV § 13 Zusammenfassung

(1) Die Zusammenfassung nach § 36 des Patentgesetzes soll aus nicht mehr als 1.500 Zeichen bestehen.

(2) In der Zusammenfassung kann auch die chemische Formel angegeben werden, die die Erfindung am deutlichsten kennzeichnet.

(3) § 9 Abs. 8 ist sinngemäß anzuwenden.

(4) Bei Einreichung in elektronischer Form ist eine Datei entsprechend den vom Deutschen Patent- und Markenamt bekannt gemachten Formatvorgaben zu verwenden.

PatV § 14 Deutsche Übersetzungen

(1) Deutsche Übersetzungen von Schriftstücken, die zu den Unterlagen der Anmeldung zählen, müssen von einem Rechtsanwalt oder Patentanwalt beglaubigt oder von einem öffentlich bestellten Übersetzer angefertigt sein. Die Unterschrift des Übersetzers ist öffentlich beglaubigen zu lassen (§ 129 des Bürgerlichen Gesetzbuchs), ebenso die Tatsache, dass der Übersetzer für derartige Zwecke öffentlich bestellt ist.

(2) Deutsche Übersetzungen von

1. Prioritätsbelegen, die gemäß der revidierten Pariser Verbandsübereinkunft zum Schutze des gewerblichen Eigentums (BGBl. 1970 II S. 391) vorgelegt werden, oder

2. Abschriften früherer Anmeldungen (§ 41 Abs. 1 Satz 1 des Patentgesetzes) sind nur auf Anforderung des Deutschen Patent- und Markenamts einzureichen.

(3) Deutsche Übersetzungen von Schriftstücken, die

1. nicht zu den Unterlagen der Anmeldung zählen und

2. in englischer, französischer, italienischer oder spanischer Sprache eingereicht wurden,

sind nur auf Anforderung des Deutschen Patent- und Markenamts nachzureichen.

(4) Werden fremdsprachige Schriftstücke, die nicht zu den Unterlagen der Anmeldung zählen, in anderen Sprachen als in Absatz 3 Nr. 2 aufgeführt eingereicht, so sind Übersetzungen in die deutsche Sprache innerhalb eines Monats nach Eingang der Schriftstücke nachzureichen.

(5) Die Übersetzung nach Absatz 3 oder Absatz 4 muss von einem Rechtsanwalt oder Patentanwalt beglaubigt oder von einem öffentlich bestellten Übersetzer angefertigt sein. Wird die Übersetzung nicht fristgerecht eingereicht, so gilt das fremdsprachige Schriftstück als zum Zeitpunkt des Eingangs der Übersetzung zugegangen.

Abschnitt 3 Sonstige Formerfordernisse

PatV § 15 Nachgereichte Anmeldungsunterlagen; Änderung von Anmeldungsunterlagen

(1) Auf allen nach Mitteilung des amtlichen Aktenzeichens eingereichten Schriftstücken ist dieses vollständig anzubringen. Werden die Anmeldungsunterlagen im Laufe des Verfahrens geändert, so hat der Anmelder Reinschriften einzureichen, die die Änderungen berücksichtigen. Die Reinschriften sind in zwei Stücken einzureichen. § 6 Abs. 1 und § 11 Abs. 2 gelten entsprechend.

(2) Werden weitere Exemplare von Anmeldungsunterlagen vom Anmelder nachgereicht, so ist eine Erklärung beizufügen, dass die nachgereichten Unterlagen mit den ursprünglich eingereichten Unterlagen übereinstimmen.

(3) Der Anmelder hat, sofern die Änderungen nicht vom Deutschen Patent- und Markenamt vorgeschlagen worden sind, im Einzelnen anzugeben, an welcher Stelle die in den neuen Unterlagen beschriebenen Erfindungsmerkmale in den ursprünglichen Unterlagen offenbart sind. Die vorgenommenen Änderungen sind zusätzlich entweder auf einem Doppel der geänderten Unterlagen, durch gesonderte Erläuterungen oder in den Reinschriften zu kennzeichnen. Wird die Kennzeichnung in den Reinschriften vorgenommen, sind die Änderungen fett hervorzuheben.

(4) Der Anmelder hat, sofern die Änderungen vom Deutschen Patent- und Markenamt vorgeschlagen und vom Anmelder ohne weitere Änderungen angenommen worden sind, den Reinschriften nach Absatz 1 Satz 2 und 3 eine Erklärung beizufügen, dass die Reinschriften keine über die vom Deutschen Patent- und Markenamt vorgeschlagenen Änderungen hinausgehenden Änderungen enthalten.

PatV § 16 Modelle und Proben

(1) Modelle und Proben sind nur auf Anforderung des Deutschen Patent- und Markenamts einzureichen. Sie sind mit einer dauerhaften Beschriftung zu versehen, aus der Inhalt und Zugehörigkeit zu der entsprechenden Anmeldung hervorgehen. Dabei ist gegebenenfalls der Bezug zum Patentanspruch und der Beschreibung genau anzugeben.

(2) Modelle und Proben, die leicht beschädigt werden können, sind unter Hinweis hierauf in festen Hüllen einzureichen. Kleine Gegenstände sind auf steifem Papier zu befestigen.

(3) Proben chemischer Stoffe sind in widerstandsfähigen, zuverlässig geschlossenen Behältern einzureichen. Sofern sie giftig, ätzend oder leicht entzündlich sind oder in sonstiger Weise gefährliche Eigenschaften aufweisen, sind sie mit einem entsprechenden Hinweis zu versehen.

(4) Ausfärbungen, Gerbproben und andere flächige Proben müssen auf steifem Papier (Format A4 nach DIN 476) dauerhaft befestigt sein. Sie sind durch eine genaue Beschreibung des angewandten Herstellungs- oder Verwendungsverfahrens zu erläutern.

PatV § 17 Öffentliche Beglaubigung von Unterschriften

Auf Anforderung des Deutschen Patent- und Markenamts sind die in § 7 Abs. 2 Nr. 5 und in § 8 genannten Unterschriften öffentlich beglaubigen zu lassen (§ 129 des Bürgerlichen Gesetzbuchs).

PatV § 18

(weggefallen)

Abschnitt 4 Ergänzende Schutzzertifikate

PatV § 19 Form der Einreichung

(1) Der Antrag auf Erteilung eines ergänzenden Schutzzertifikats (§ 49a des Patentgesetzes) ist auf dem vom Deutschen Patent- und Markenamt herausgegebenen Formblatt einzureichen. § 4 Abs. 2 Nr. 1, 4 und 5 sowie § 14 Abs. 1, 3 bis 5 sind entsprechend anzuwenden.

(2) Dem Antrag sind Angaben zur Erläuterung des durch das Grundpatent vermittelten Schutzes beizufügen.

PatV § 20 Ergänzende Schutzzertifikate für Arzneimittel

Der Antrag auf Erteilung eines ergänzenden Schutzzertifikats für Arzneimittel muss die Angaben und Unterlagen enthalten, die in Artikel 8 der Verordnung (EWG) Nr. 1768/92 des Rates vom 18. Juni 1992 über die Schaffung eines ergänzenden Schutzzertifikats für Arzneimittel (ABl. EG Nr. L 182 S. 1) bezeichnet sind.

PatV § 21 Ergänzende Schutzzertifikate für Pflanzenschutzmittel

Der Antrag auf Erteilung eines ergänzenden Schutzzertifikats für Pflanzenschutzmittel muss die Angaben und Unterlagen enthalten, die in Artikel 8 der Verordnung (EG) Nr. 1610/96 des Rates vom 23. Juli 1996 über die Schaffung eines ergänzenden Schutzzertifikats für Pflanzenschutzmittel (ABl. EG Nr. L 198 S. 30) bezeichnet sind.

Abschnitt 5 Übergangs- und Schlussbestimmungen

PatV § 22 Übergangsregelung

Für Patentanmeldungen, Erfinderbenennungen und Anträge auf Erteilung eines ergänzenden Schutzzertifikats, die vor Inkrafttreten von Änderungen dieser Verordnung eingereicht worden sind, sind die bisherigen Vorschriften in ihrer bis dahin geltenden Fassung anzuwenden.

PatV § 23 Inkrafttreten; Außerkrafttreten

Diese Verordnung tritt am 15. Oktober 2003 in Kraft.

PatV Anlage 1 (zu § 11 Abs. 1 Satz 2) Standards für die Einreichung von Sequenzprotokollen

(Fundstelle des Originaltextes: BGBl. I 2003, 1708 - 1725;
bzgl. der einzelnen Änderungen vgl. Fußnote)

Definitionen

1. Im Rahmen dieses Standard gelten folgende Definitionen:

- i) Unter einem "Sequenzprotokoll" ist ein Teil der Beschreibung der Anmeldung in der eingereichten Fassung oder ein zur Anmeldung nachgereichtes Schriftstück zu verstehen, das die Nucleotid- und/oder Aminosäuresequenzen im Einzelnen offenbart und sonstige verfügbare Angaben enthält.
- ii) In das Protokoll dürfen nur unverzweigte Sequenzen von mindestens 4 Aminosäuren bzw. unverzweigte Sequenzen von mindestens 10 Nucleotiden aufgenommen werden. Verzweigte Sequenzen, Sequenzen mit weniger als 4 genau definierten Nucleotiden oder Aminosäuren sowie Sequenzen mit Nucleotiden oder Aminosäuren, die nicht in Nr. 48, Tabellen 1, 2, 3 und 4 aufgeführt sind, sind ausdrücklich ausgenommen.
- iii) Unter "Nucleotiden" sind nur Nucleotide zu verstehen, die mittels der in Nr. 48, Tabelle 1 aufgeführten Symbole wiedergegeben werden können. Modifikationen wie z. B. methylierte Basen können nach der Anleitung in Nr. 48, Tabelle 2 beschrieben werden, sind aber in der Nucleotidsequenz nicht explizit auszuweisen.
- iv) Unter "Aminosäuren" sind die in Nr. 48, Tabelle 3 aufgeführten gängigen L-Aminosäuren aus den natürlich vorkommenden Proteinen zu verstehen. Aminosäuresequenzen, die mindestens eine D-Aminosäure enthalten, fallen nicht unter diese Definition. Aminosäuresequenzen, die posttranslational modifizierte Aminosäuren enthalten, können mittels der in Nr. 48, Tabelle 3 aufgeführten Symbole wie die ursprünglich translatierte Aminosäure beschrieben werden, wobei die modifizierten Positionen wie z. B. Hydroxylierungen oder Glykosylierungen nach der Anleitung in Nr. 48, Tabelle 4 beschrieben werden, diese Modifikationen aber in der Aminosäuresequenz nicht explizit auszuweisen sind. Unter die vorstehende Definition fallen auch Peptide oder Proteine, die anhand der in Nr. 48, Tabelle 3 aufgeführten Symbole sowie einer an anderer Stelle aufgenommenen Beschreibung, die beispielsweise Aufschluss über ungewöhnliche Bindungen, Quervernetzungen (z. B. Disulfidbrücken) und "end caps", Nicht Peptidbindungen usw. gibt, als Sequenz wiedergegeben werden können.
- v) Unter "Sequenzkennzahl" ist eine Zahl zu verstehen, die jeder im

- Protokoll aufgeführten Sequenz als SEQ ID NO zugewiesen wird.
- vi) Die "numerische Kennzahl" ist eine dreistellige Zahl, die für ein bestimmtes Datenelement steht.
 - vii) Unter "sprachneutralem Vokabular" ist ein festes Vokabular zu verstehen, das im Sequenzprotokoll zur Wiedergabe der vom Hersteller einer Sequenzdatenbank vorgeschriebenen wissenschaftlichen Begriffe verwendet wird (dazu gehören wissenschaftliche Namen, nähere Bestimmungen und ihre Entsprechungen im festen Vokabular, die Symbole in Nr. 48, Tabellen 1, 2, 3 und 4 und die Merkmalschlüssel in Nr. 48, Tabellen 5 und 6).
 - viii) Unter "zuständiger Behörde" ist die Internationale Recherchenbehörde oder die mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragte Behörde, die die internationale Recherche bzw. die internationale vorläufige Prüfung zu der internationalen Anmeldung durchführt, oder das Bestimmungsamt bzw. ausgewählte Amt zu verstehen, das mit der Bearbeitung der internationalen Anmeldung begonnen hat.

Sequenzprotokoll

2. Das Sequenzprotokoll im Sinne der Nr. 1 i) ist ans Ende der Anmeldung zu setzen, wenn es mit ihr zusammen eingereicht wird. Dieser Teil ist mit "Sequenzprotokoll" oder "Sequence Listing" zu überschreiben, muss mit einer neuen Seite beginnen und sollte gesondert nummeriert werden. Das Sequenzprotokoll ist Bestandteil der Beschreibung; vorbehaltlich Nr. 35 erübrigt es sich deshalb, die Sequenzen in der Beschreibung an anderer Stelle nochmals zu beschreiben.
3. Wird das Sequenzprotokoll im Sinne der Nr. 1 i) nicht zusammen mit der Anmeldung eingereicht, sondern als gesondertes Schriftstück nachgereicht (siehe Nr. 36), so ist es mit der Überschrift "Sequenzprotokoll" oder "Sequence Listing" und einer gesonderten Seitennummerierung zu versehen. Die in der Anmeldung in der eingereichten Fassung gewählte Nummerierung der Sequenzen (siehe Nr. 4) ist auch im nachgereichten Sequenzprotokoll beizubehalten.
4. Jeder Sequenz wird eine eigene Sequenzkennzahl zugeteilt. Die Kennzahlen beginnen mit 1 und setzen sich in aufsteigender Reihenfolge als ganze Zahlen fort. Gibt es zu einer Kennzahl keine Sequenz, so ist am Anfang der auf die SEQ ID NO folgenden Zeile unter der numerischen Kennzahl <400> der Code 000 anzugeben. Unter der numerischen Kennzahl <160> ist die Gesamtzahl der SEQ ID NOs anzugeben, und zwar unabhängig davon, ob im Anschluss an eine SEQ ID NO eine Sequenzkennzahl oder der Code 000 folgt.
5. In der Beschreibung, in den Ansprüchen und in den Zeichnungen der Anmeldung ist auf die im Sequenzprotokoll dargestellten Sequenzen mit "SEQ ID NO", gefolgt von der betreffenden Kennzahl zu verweisen.
6. Für die Darstellung von Nucleotid- und Aminosäuresequenzen ist zumindest eine der folgenden drei Möglichkeiten zu wählen:
 - i) nur Nucleotidsequenz,
 - ii) nur Aminosäuresequenz,
 - iii) Nucleotidsequenz zusammen mit der entsprechenden Aminosäuresequenz.Bei einer Offenbarung im unter Ziffer iii) genannten Format muss die Aminosäuresequenz als solche im Sequenzprotokoll mit einer eigenen Sequenzkennzahl gesondert offenbart werden.

Nucleotidsequenzen

Zu verwendende Symbole

7. Nucleotidsequenzen sind nur anhand eines Einzelstrangs in Richtung vom 5'-Ende zum 3'-Ende von links nach rechts wiederzugeben. Die Begriffe 3' und 5' werden in der Sequenz nicht dargestellt.
8. Die Basen einer Nucleotidsequenz sind anhand der einbuchstabigen Codes für Nucleotidsequenzzeichen darzustellen. Es dürfen nur die in Nr. 48, Tabelle 1 aufgeführten Kleinbuchstaben verwendet werden.
9. Modifizierte Basen sind in der Sequenz selbst wie die entsprechenden unmodifizierten Basen oder mit "n" wiederzugeben, wenn die modifizierte Base zu den in Nr. 48, Tabelle 2 aufgeführten gehört; die Modifikation ist im Merkmalsteil des Sequenzprotokolls anhand der Codes in Nr. 48, Tabelle 2 näher zu beschreiben. Diese Codes dürfen in der Beschreibung oder im Merkmalsteil des Sequenzprotokolls, nicht jedoch in der Sequenz selbst verwendet werden (siehe auch Nr. 31). Das Symbol "n" steht immer nur für ein einziges unbekanntes oder modifiziertes Nucleotid.

Zu verwendendes Format

10. Bei Nucleotidsequenzen sind höchstens 60 Basen pro Zeile - mit einem Leerraum zwischen jeder Gruppe von 10 Basen - aufzuführen.
11. Die Basen einer Nucleotidsequenz (einschließlich Intronen) sind jeweils in Zehnergruppen aufzuführen; dies gilt nicht für die codierenden Teile der Sequenz. Bleiben am Ende nichtcodierender Teile einer Sequenz weniger als 10 Basen übrig, so sind sie zu einer Gruppe zusammenzufassen und durch einen Leerraum von angrenzenden Gruppen zu trennen.
12. Die Basen der codierenden Teile einer Nucleotidsequenz sind als Tripletts (Codonen) aufzuführen.
13. Die Zählung der Nucleotidbasen beginnt bei der ersten Base der Sequenz mit 1. Von hier aus ist die gesamte Sequenz in 5'-3'-Richtung fortlaufend durchzuzählen. Am rechten Rand ist jeweils neben der Zeile mit den einbuchstabigen Codes für die Basen die Nummer der letzten Base dieser Zeile anzugeben. Die vorstehend beschriebene Zählweise für Nucleotidsequenzen gilt auch für Nucleotidsequenzen mit ringförmiger Konfiguration, wobei allerdings die Bestimmung des ersten Nucleotids der Sequenz dem Anmelder überlassen bleibt.
14. Eine Nucleotidsequenz, die aus einem oder mehreren nichtbenachbarten Abschnitten einer größeren Sequenz oder aus Abschnitten verschiedener Sequenzen besteht, ist als gesonderte Sequenz mit eigener Sequenzkennzahl zu nummerieren. Sequenzen mit einer oder mehreren Lücken sind als mehrere gesonderte Sequenzen mit eigenen Sequenzkennzahlen zu nummerieren, wobei die Zahl der gesonderten Sequenzen der Zahl der jeweils zusammenhängenden Sequenzdatenreihen entspricht.

Aminosäuresequenzen

Zu verwendende Symbole

15. Die Aminosäuren einer Protein- oder Peptidsequenz sind in Richtung von der Amino- zur Carboxylgruppe von links nach rechts aufzuführen, wobei die Amino- und Carboxylgruppen in der Sequenz nicht darzustellen sind.
16. Die Aminosäuren sind anhand des dreibuchstabigen Codes mit großem Anfangsbuchstaben entsprechend der Liste in Nr. 48, Tabelle 3 darzustellen. Eine Aminosäuresequenz, die einen Leerraum oder interne Terminatorsymbole (z. B. "Ter", "*" oder ".") enthält, ist nicht als einzige Aminosäuresequenz, sondern als getrennte Aminosäuresequenzen darzustellen (siehe Nr. 21).
17. Modifizierte und seltene Aminosäuren sind in der Sequenz selbst wie die entsprechenden unmodifizierten Aminosäuren oder mit "Xaa" wiederzugeben, wenn sie zu den in Nr. 48, Tabelle 4 aufgeführten gehören und die

Modifikation im Merkmalsteil des Sequenzprotokolls anhand der Codes in Nr. 48, Tabelle 4 näher beschrieben wird. Diese Codes dürfen in der Beschreibung oder im Merkmalsteil des Sequenzprotokolls, nicht jedoch in der Sequenz selbst verwendet werden (siehe auch Nr. 31). Das Symbol "Xaa" steht immer nur für eine einzige unbekannte oder modifizierte Aminosäure.

Zu verwendendes Format

18. Bei Protein- oder Peptidsequenzen sind höchstens 16 Aminosäuren pro Zeile mit einem Leerraum zwischen den einzelnen Aminosäuren aufzuführen.
19. Die den Codonen der codierenden Teile einer Nucleotidsequenz entsprechenden Aminosäuren sind unmittelbar unter den jeweiligen Codonen anzugeben. Wird ein Codon durch ein Intron aufgespalten, so ist das Aminosäuresymbol unter dem Teil des Codons anzugeben, der zwei Nucleotide enthält.
20. Die Zählung der Aminosäuren beginnt bei der ersten Aminosäure der Sequenz mit 1. Fakultativ können die dem reifen Protein vorausgehenden Aminosäuren wie beispielsweise Präsequenzen, Prosequenzen, Präprosequenzen und Signalsequenzen, soweit vorhanden, mit negativem Vorzeichen nummeriert werden, wobei die Rückwärtszählung mit der Aminosäure vor Nummer 1 beginnt. Null (0) wird nicht verwendet, wenn Aminosäuren zur Abgrenzung gegen das reife Protein mit negativem Vorzeichen nummeriert werden. Die Nummern sind im Abstand von jeweils 5 Aminosäuren unter der Sequenz anzugeben. Die vorstehend beschriebene Zählweise für Aminosäuresequenzen gilt auch für Aminosäuresequenzen mit ringförmiger Konfiguration, wobei allerdings die Bestimmung der ersten Aminosäure der Sequenz dem Anmelder überlassen bleibt.
21. Eine Aminosäuresequenz, die aus einem oder mehreren nichtbenachbarten Abschnitten einer größeren Sequenz oder aus Abschnitten verschiedener Sequenzen besteht, ist als gesonderte Sequenz mit eigener Sequenzkennzahl zu nummerieren. Sequenzen mit einer oder mehreren Lücken sind als mehrere gesonderte Sequenzen mit eigenen Sequenzkennzahlen zu nummerieren, wobei die Zahl der gesonderten Sequenzen der Zahl der jeweils zusammenhängenden Sequenzdatenreihen entspricht.

Sonstige verfügbare Angaben im
Sequenzprotokoll

22. Die Angaben sind im Sequenzprotokoll in der Reihenfolge anzugeben, in der sie in der Liste der numerischen Kennzahlen der Datenelemente in Nr. 47 aufgeführt sind.
23. Für die Angaben im Sequenzprotokoll sind nur die in Nr. 47 aufgeführten numerischen Kennzahlen, nicht aber die dazugehörigen Beschreibungen zu verwenden. Die Angaben müssen unmittelbar auf die numerische Kennzahl folgen; im Sequenzprotokoll brauchen nur diejenigen numerischen Kennzahlen angegeben zu werden, zu denen auch Angaben vorliegen. Die einzigen beiden Ausnahmen zu dieser Vorschrift bilden die numerischen Kennzahlen <220> und <300>, die für die Rubrik "Merkmal" bzw. "Veröffentlichungsangaben" stehen und mit den Angaben unter den numerischen Kennzahlen <221> bis <223> bzw. <301> bis <313> zusammenhängen. Werden unter diesen numerischen Kennzahlen im Sequenzprotokoll Angaben zu den Merkmalen oder zur Veröffentlichung gemacht, so sollte auch die numerische Kennzahl <220> bzw. <300> aufgeführt, die dazugehörige Rubrik aber nicht ausgefüllt werden. Generell sollte zwischen den numerischen Kennzahlen eine Leerzeile eingefügt werden, wenn sich die an erster oder zweiter Position der numerischen Kennzahl stehende Ziffer ändert. Eine Ausnahme von dieser allgemeinen Regel bildet die numerische Kennzahl <310>, der keine Leerzeile

vorausgehen darf. Auch vor jeder Wiederholung der numerischen Kennzahl ist eine Leerzeile einzufügen.

Obligatorische Datenelemente

24. In das Sequenzprotokoll sind außerdem vor der eigentlichen Nucleotid- und/oder Aminosäuresequenz die folgenden in Nr. 47 definierten Angaben (obligatorische Datenelemente) aufzunehmen:

```
-----
I <110> I Name des Anmelders I
-----
I <120> I Bezeichnung der Erfindung I
-----
I <160> I Anzahl der SEQ ID NOS I
-----
I <210> I SEQ ID NO:x I
-----
I <211> I Länge I
-----
I <212> I Art I
-----
I <213> I Organismus I
-----
I <400> I Sequenz I
-----
```

Ist der Name des Anmelders (numerische Kennzahl <110>) nicht in Buchstaben des lateinischen Alphabets geschrieben, so ist er - im Wege der Transliteration oder der Übersetzung ins Englische - auch in lateinischen Buchstaben anzugeben.

Die Datenelemente mit Ausnahme der Angaben unter den numerischen Kennzahlen <110>, <120> und <160> sind für jede im Sequenzprotokoll aufgeführte Sequenz zu wiederholen. Gibt es zu einer Sequenzkennzahl keine Sequenz, so müssen nur die Datenelemente unter den numerischen Kennzahlen <210> und <400> angegeben werden (siehe Nr. 4 und SEQ ID NO:4 in dem am Ende dieses Standards enthaltenen Beispiel).

25. In Sequenzprotokolle, die zusammen mit der dazugehörigen Anmeldung oder vor Vergabe einer Anmeldenummer eingereicht werden, ist neben den unter Nr. 24 genannten Datenelementen auch das Folgende aufzunehmen:

```
-----
I <130> I Bezugsnummer I
-----
```

26. In Sequenzprotokolle, die auf Aufforderung einer zuständigen Behörde oder nach Vergabe einer Anmeldenummer eingereicht werden, sind neben den unter Nr. 24 genannten Datenelementen auch die Folgenden aufzunehmen:

```
-----
I <140> I Vorliegende Patentanmeldung I
-----
I <141> I Anmeldetag der vorliegenden Anmeldung I
-----
```

27. In Sequenzprotokolle, die zu einer Anmeldung eingereicht werden, die die Priorität einer früheren Anmeldung in Anspruch nimmt, sind neben den unter Nr. 24 genannten Datenelementen auch die Folgenden aufzunehmen:

```
-----
I <150> I Frühere Patentanmeldung I
-----
```

I <151> I Anmeldetag der früheren Anmeldung I

28. Wird in der Sequenz "n", "Xaa" oder eine modifizierte Base oder modifizierte/seltene L-Aminosäure aufgeführt, so müssen die folgenden Datenelemente angegeben werden:

I <220> I Merkmal I

I <221> I Name/Schlüssel I

I <222> I Lage I

I <223> I Sonstige Informationen I

29. Ist der Organismus (numerische Kennzahl <213> eine "künstliche Sequenz" oder "unbekannt", so müssen die folgenden Datenelemente angegeben werden:

I <220> I Merkmal I

I <223> I Sonstige Angaben I

Fakultative Datenelemente

30. Alle in Nr. 47 definierten Datenelemente, die unter Nr. 24 bis 29 nicht erwähnt sind, sind fakultativ (fakultative Datenelemente).

Angabe von Merkmalen

31. Merkmale, die (unter der numerischen Kennzahl <220>) zu einer Sequenz angegeben werden, sind durch die in Nr. 48, Tabellen 5 und 6 1) aufgeführten "Merkmalschlüssel" zu beschreiben.

1) Diese Tabellen enthalten Auszüge aus den Merkmalstabellen "DDBJ/EMBL/Genbank Feature Table" (Nucleotidsequenzen) und "SWISS PROT Feature Table" (Aminosäuresequenzen).

Freier Text

32. Unter "freiem Text" ist eine verbale Beschreibung der Eigenschaften der Sequenz ohne Verwendung des sprachneutralen Vokabulars im Sinne der Nr. 1 vii) unter der numerischen Kennzahl <223> (Sonstige Angaben) zu verstehen.

33. Der freie Text sollte sich auf einige kurze, für das Verständnis der Sequenz unbedingt notwendige Begriffe beschränken. Er sollte für jedes Datenelement nicht länger als 4 Zeilen sein und höchstens 65 Buchstaben pro Zeile umfassen. Alle weiteren Angaben sind in den Hauptteil der Beschreibung in der dort verwendeten Sprache aufzunehmen.

34. Freier Text kann in deutscher oder in englischer Sprache abgefasst sein.

35. Enthält das Sequenzprotokoll, das Bestandteil der Beschreibung ist, freien Text, so ist dieser im Hauptteil der Beschreibung in der dort verwendeten Sprache zu wiederholen. Es wird empfohlen, den in der Sprache des Hauptteils der Beschreibung abgefassten freien Text in einen besonderen Abschnitt der Beschreibung mit der Überschrift "Sequenzprotokoll - freier Text" aufzunehmen.

Nachgereichtes Sequenzprotokoll

36. Ein Sequenzprotokoll, das nicht Teil der eingereichten Anmeldung war, sondern nachträglich eingereicht wurde, darf nicht über den Offenbarungsgehalt der in der Anmeldung angegebenen Sequenzen hinausgehen. Dem nachgereichten Sequenzprotokoll muss eine Erklärung, die dies

bestätigt, beigelegt sein. Das heißt, dass ein Sequenzprotokoll, das nachträglich eingereicht wurde, nur die Sequenzen beinhalten darf, die auch in der eingereichten Anmeldung aufgeführt sind.

37. Sequenzprotokolle, die nicht zusammen mit der Anmeldung eingereicht worden sind, sind nicht Teil der Offenbarung der Erfindung. Gemäß § 11 Abs. 3 besteht die Möglichkeit, Sequenzprotokolle, die zusammen mit der Anmeldung eingereicht wurden, im Wege der Mängelbeseitigung zu berichtigen.

Sequenzprotokoll in maschinenlesbarer Form

38. Das in der Anmeldung enthaltene Sequenzprotokoll ist zusätzlich auch in maschinenlesbarer Form einzureichen.
39. Das zusätzlich eingereichte maschinenlesbare Sequenzprotokoll muss mit dem geschriebenen Protokoll identisch sein und ist zusammen mit einer Erklärung folgenden Wortlauts einzureichen: "Die in maschinenlesbarer Form aufgezeichneten Angaben sind mit dem geschriebenen Sequenzprotokoll identisch."
40. Das gesamte ausdrückbare Exemplar des Sequenzprotokolls muss in einer einzigen Datei enthalten sein, die nach Möglichkeit auf einer einzigen Diskette oder einem sonstigen vom Deutschen Patent- und Markenamt akzeptierten elektronischen Datenträger aufgezeichnet sein soll. Diese Datei ist mittels der IBM 2)-Codetabellen (Code Page) 437, 932 3) oder einer kompatiblen Codetabelle zu codieren. Eine Codetabelle, wie sie z. B. für japanische, chinesische, kyrillische, arabische, griechische oder hebräische Schriftzeichen benötigt wird, gilt als kompatibel, wenn sie das lateinische Alphabet und die arabischen Ziffern denselben Hexadezimalpositionen zuordnet, wie die genannten Codetabellen.

-
- 2) IBM ist eine für die International Business Machine Corporation, Vereinigte Staaten von Amerika, eingetragene Marke.
- 3) Die genannten Codetabellen gelten für Personal Computer als de facto Standard.

41. Folgende Medientypen und Formatierungen für zusätzlich in maschinenlesbarer Form eingereichte Sequenzprotokolle werden akzeptiert:

I Physikalisches I Typ	I Formatierung	I
I Medium	I	I
I CD-R	I 120 mm Recordable Disk	I ISO 9660
I DVD-R	I 120 mm DVD-Recordable Disk	I konform zu ISO 9660 oder I
I	I (4,7 GB)	I OSTA UDF (1.02 oder höher)
I DVD+R	I 120 mm DVD-Recordable Disk	I konform zu ISO 9660 oder I
I	I (4,7 GB)	I OSTA UDF (1.02 oder höher)

42. Die maschinenlesbare Fassung kann mit beliebigen Mitteln erstellt werden. Sie muss aber den vom Deutschen Patent- und Markenamt angegebenen Formaten entsprechen. Vorzugsweise sollte zum Erstellen eine dafür vorgesehene spezielle Software, wie z. B. Patentin verwendet werden.
43. Bei Verwendung von physikalischen Datenträgern ist eine Datenkompression erlaubt, sofern die komprimierte Datei in einem selbstextrahierenden Format erstellt worden ist, das sich auf einem vom Deutschen Patent- und Markenamt angegebenen Betriebssystem (MS Windows) selbst dekomprimiert. Ebenso können inhaltlich zusammengehörige Dateien in einem sich nicht

I <130>	I Bezugs-	I O in den Fällen	I Siehe Nr. 25 Standard	I
I	I nummer	I nach Nr. 25	I	I
I	I	I Standard	I	I

I <140>	I Vorliegende	I O in den Fällen	I Siehe Nr. 26 Standard;	I
I	I Patent-	I nach Nr. 26	I die vorliegende Patent-	I
I	I anmeldung	I Standard	I anmeldung ist zu	I
I	I	I	I kennzeichnen durch den	I
I	I	I	I zweibuchstabigen Code	I
I	I	I	I nach dem WIPO-Standard	I
I	I	I	I ST.3, gefolgt von der	I
I	I	I	I Anmeldenummer (in dem	I
I	I	I	I Format, das von der	I
I	I	I	I Behörde für gewerblichen	I
I	I	I	I Rechtsschutz verwendet	I
I	I	I	I wird, bei der diese	I
I	I	I	I Patentanmeldung ein-	I
I	I	I	I gereicht wird) oder -	I
I	I	I	I bei internationalen	I
I	I	I	I Anmeldungen - von der	I
I	I	I	I internationalen Anmelde-	I
I	I	I	I nummer	I

I <141>	I Anmeldetag	I O in den Fällen	I Siehe Nr. 26 Standard;	I
I	I der vor-	I nach Nr. 26	I das Datum ist ent-	I
I	I liegenden	I Standard	I sprechend dem WIPO-	I
I	I Anmeldung	I	I Standard ST.2 anzugeben	I
I	I	I	I (CCYY MM DD)	I

I <150>	I Frühere	I O in den Fällen	I Siehe Nr. 27 Standard;	I
I	I Patent-	I nach Nr. 27	I die frühere Patent-	I
I	I anmeldung	I Standard	I anmeldung ist zu	I
I	I	I	I kennzeichnen durch den	I
I	I	I	I zweibuchstabigen Code	I
I	I	I	I entsprechend dem	I
I	I	I	I WIPO-Standard	I
I	I	I	I ST.3, gefolgt von der	I
I	I	I	I Anmeldenummer (in dem	I
I	I	I	I Format, das von der	I
I	I	I	I Behörde für gewerblichen	I
I	I	I	I Rechtsschutz verwendet	I
I	I	I	I wird, bei der die frühere	I
I	I	I	I Patentanmeldung ein-	I
I	I	I	I gereicht wurde) oder -	I
I	I	I	I bei internationalen	I
I	I	I	I Anmeldungen - von der	I
I	I	I	I internationalen Anmelde-	I
I	I	I	I nummer	I

I <151>	I Anmeldetag	I O in den Fällen	I Siehe Nr. 27 Standard;	I
I	I der früheren	I nach Nr. 27	I das Datum ist ent-	I
I	I Anmeldung	I Standard	I sprechend dem WIPO-	I
I	I	I	I Standard ST.2 anzugeben	I

I	I	I	I (CCYY MM DD)	I

I <160>	I Anzahl der	I O	I	I
I	I SEQ ID NOS	I	I	I

I <170>	I Software	I F	I	I

I <210>	I Angaben zu	I O	I Anzugeben ist eine ganze	I
I	I SEQ ID NO:x	I	I Zahl, die die SEQ ID NO I	I
I	I	I	I darstellt	I

I <211>	I Länge	I O	I Sequenzlänge, aus-	I
I	I	I	I gedrückt als Anzahl der I	I
I	I	I	I Basen oder Aminosäuren I	I

I <212>	I Art	I O	I Art des in SEQ ID NO:x I	I
I	I	I	I sequenzierten Moleküls, I	I
I	I	I	I und zwar entweder DNA, I	I
I	I	I	I RNA oder PRT; enthält I	I
I	I	I	I eine Nucleotidsequenz I	I
I	I	I	I sowohl DNA- als auch I	I
I	I	I	I RNA-Fragmente, so ist I	I
I	I	I	I "DNA" anzugeben; I	I
I	I	I	I zusätzlich ist das I	I
I	I	I	I kombinierte DNA-/RNA- I	I
I	I	I	I Molekül im Merkmalsteil I	I
I	I	I	I unter <220> bis <223> I	I
I	I	I	I näher zu beschreiben I	I

I <213>	I Organismus	I O	I Gattung/Art (d. h. I	I
I	I	I	I wissenschaftlicher Name), I	I
I	I	I	I "künstliche Sequenz" I	I
I	I	I	I oder "unbekannt" I	I

I <220>	I Merkmal	I O in den Fällen	I Freilassen; siehe Nr. 28	I
I	I	I nach Nr. 28 und 29	I und 29 Standard; I	I
I	I	I Standard	I Beschreibung biologisch I	I
I	I	I	I signifikanter Stellen I	I
I	I	I	I in der Sequenz gemäß I	I
I	I	I	I SEQ ID NO:x (kann je I	I
I	I	I	I nach der Zahl der I	I
I	I	I	I angegebenen Merkmale I	I
I	I	I	I mehrmals vorkommen) I	I

I <221>	I Name/	I O in den Fällen	I Siehe Nr. 28 Standard; I	I
I	I Schlüssel	I nach Nr. 28	I es dürfen nur die in I	I
I	I	I Standard	I Nr. 48, Tabelle 5 oder I	I
I	I	I	I 6 beschriebenen I	I
I	I	I	I Schlüssel verwendet I	I
I	I	I	I werden I	I

I <222>	I Lage	I O in den Fällen	I Siehe Nr. 28 Standard; I	I
I	I	I nach Nr. 28	I - von (Nummer der ersten	I

I	I	I Standard	I Base/Aminosäure des	I
I	I	I	I Merkmals)	I
I	I	I	I - bis (Nummer der letzten	I
I	I	I	I Base/Aminosäure des	I
I	I	I	I Merkmals)	I
I	I	I	I - Basen (Ziffern	I
I	I	I	I verweisen auf die	I
I	I	I	I Positionen der Basen	I
I	I	I	I in einer Nucleotid-	I
I	I	I	I sequenz)	I
I	I	I	I - Aminosäuren (Ziffern	I
I	I	I	I verweisen auf die	I
I	I	I	I Positionen der	I
I	I	I	I Aminosäurereste in	I
I	I	I	I einer Aminosäure-	I
I	I	I	I sequenz)	I
I	I	I	I - Angabe, ob sich das	I
I	I	I	I Merkmal auf dem zum	I
I	I	I	I Strang des Sequenz-	I
I	I	I	I protokolls	I
I	I	I	I komplementären Strang	I
I	I	I	I befindet	I

I <223>	I Sonstige	I O in den Fällen	I Siehe Nr. 28 und 29	I
I	I Angaben	I nach Nr. 28	I Standard; sonstige	I
I	I	I und 29	I relevante Angaben, wobei	I
I	I	I Standard	I sprachneutrales	I
I	I	I	I Vokabular oder freier	I
I	I	I	I Text (in deutscher oder	I
I	I	I	I in englischer Sprache)	I
I	I	I	I zu verwenden ist; freier	I
I	I	I	I Text ist im Hauptteil	I
I	I	I	I der Beschreibung in der	I
I	I	I	I dort verwendeten Sprache	I
I	I	I	I zu wiederholen (siehe	I
I	I	I	I Nr. 35 Standard);	I
I	I	I	I enthält die Sequenz	I
I	I	I	I eine der in Nr. 48,	I
I	I	I	I Tabellen 2 und 4 auf-	I
I	I	I	I geführten modifizierten	I
I	I	I	I Basen oder	I
I	I	I	I modifizierten/seltenen	I
I	I	I	I L-Aminosäuren, so ist	I
I	I	I	I für diese Base oder	I
I	I	I	I Aminosäure das dazu-	I
I	I	I	I gehörige Symbol aus	I
I	I	I	I Nr. 48, Tabellen 2 und	I
I	I	I	I 4 zu verwenden	I

I <300>	I Ver-	I F	I Freilassen; dieser	
I	I öffentlichungs-		I Abschnitt ist für	
I	I angaben	I	I jede relevante	I
I	I	I	I Veröffentlichung zu	I

I	I	I	I wiederholen	I

I <301>	I Verfasser	I F	I	I

I <302>	I Titel	I F	I Titel der	I
I	I	I	I Veröffentlichung	I

I <303>	I Zeitschrift	I F	I Name der Zeitschrift,	I
I	I	I	I in der die Daten	I
I	I	I	I veröffentlicht wurden	I

I <304>	I Band	I F	I Band der Zeitschrift,	I
I	I	I	I in dem die Daten	I
I	I	I	I veröffentlich wurden	I

I <305>	I Heft	I F	I Nummer des Hefts der	I
I	I	I	I Zeitschrift, in dem die	I
I	I	I	I Daten veröffentlicht	I
I	I	I	I wurden	I

I <306>	I Seiten	I F	I Seiten der Zeitschrift,	I
I	I	I	I auf denen die Daten	I
I	I	I	I veröffentlicht wurden	I

I <307>	I Datum	I F	I Datum der Zeitschrift,	I
I	I	I	I an dem die Daten	I
I	I	I	I veröffentlicht wurden;	I
I	I	I	I Angabe nach Möglichkeit	I
I	I	I	I entsprechend dem WIPO-	I
I	I	I	I Standard ST.2	I
I	I	I	I (CCYY MM DD)	I

I <308>	I Eingangs-	I F	I Von der Datenbank	I
I	I nummer in der	I	I zugeteilte Eingangs-	I
I	I Datenbank	I	I nummer einschließlich	I
I	I	I	I Datenbankbezeichnung	I

I <309>	I Datenbank-	I F	I Datum der Eingabe in die	I
I	I Eingabedatum	I	I Datenbank; Angabe	I
I	I	I	I entsprechend dem	I
I	I	I	I WIPO-Standard ST.2	I
I	I	I	I (CCYY MM DD)	I

I <310>	I Dokumenten-	I F	I Nummer des Dokuments,	I
I	I nummer	I	I nur bei Patentdokumenten;	I
I	I	I	I die vollständige Nummer	I
I	I	I	I hat nacheinander	I
I	I	I	I Folgendes zu enthalten:	I
I	I	I	I den zweibuchstabigen	I
I	I	I	I Code entsprechend dem	I
I	I	I	I WIPO-Standard ST.3, die	I
I	I	I	I Veröffentlichungsnummer	I
I	I	I	I entsprechend dem	I

I I I I WIPO-Standard ST.6 und I
 I I I I den Code für die I
 I I I I Dokumentenart nach dem I
 I I I I WIPO-Standard ST.16 I

I <311> I Anmeldetag I F I Anmeldetag des Dokuments,
 I I I I nur bei Patentdokumenten;
 I I I I Angabe entsprechend I
 I I I I WIPO-Standard ST.2 I
 I I I I (CCYY MM DD) I

I <312> I Ver- I F I Datum der
 I I öffentlichungs- I I Veröffentlichung des
 I I datum I I Dokuments; nur bei I
 I I I I Patentdokumenten; Angabe
 I I I I entsprechend WIPO- I
 I I I I Standard ST.2 I
 I I I I (CCYY MM DD) I

I <313> I Relevante I F I I
 I I Reste in I I I
 I I SEQ ID NO: I I I
 I I x von bis I I I

I <400> I Sequenz I O I SEQ ID NO:x sollte in I
 I I I I der der Sequenz I
 I I I I vorausgehenden Zeile I
 I I I I hinter der numerischen I
 I I I I Kennzahl stehen (siehe I
 I I I I Beispiel) I

48. Symbole für Nucleotide und Aminosäuren und Merkmalstabellen

I Tabelle 1 I
 I Liste der Nucleotide I

I Symbol	I	I Bedeutung	I	I Ableitung der Bezeichnung	I
I a	I a			I Adenin	
I g	I g			I Guanin	
I c	I c			I Cytosin	
I t	I t			I Thymin	
I u	I u			I Uracil	
I r	I g oder a			I Purin	
I y	I t/u oder c			I Pyrimidin	
I m	I a oder c			I Amino	

I k	I g oder t/u	I Keto	
I s	I g oder c	I starke Bindungen, 3 H-Brücken	
I w I	I a oder t/u I	I schwache (e: weak) Bindungen, I 2 H-Brücken	
I b	I g oder c oder t/u	I nicht a	I
I d	I a oder g oder t/u	I nicht c	I
I h	I a oder c oder t/u	I nicht g	I
I v	I a oder g oder c	I nicht t, nicht u	I
I n I	I a oder g oder c oder t/u, I unbekannt oder sonstige	I beliebig (e: any) I	

I Tabelle 2 I
I Liste der modifizierten Nucleotide I

I Symbol	I	I Bedeutung	I
I ac4c	I	I 4-Acetylcytidin	I
I chm5u	I	I 5-(Carboxyhydroxymethyl)uridin	I
I cm	I	I 2'-O-Methylcytidin	I
I cmm5s2u	I	I 5-Carboxymethylaminomethyl-2-thiouridin	I
I cmm5u	I	I 5-Carboxymethylaminomethyluridin	I
I d	I	I Dihydrouridin	I
I fm	I	I 2'-O-Methylpseudouridin	I
I gal q	I	I beta,D-Galactosylqueuosin	I
I gm	I	I 2'-O-Methylguanosin	I
I i	I	I Inosin	I
I i6a	I	I N6-Isopentenyladenosin	I
I m1a	I	I 1-Methyladenosin	I
I m1f	I	I 1-Methylpseudouridin	I
I m1g	I	I 1-Methylguanosin	I

I m1i	I 1-Methylinosin	I
I m22g	I 2,2-Dimethylguanosen	I
I m2a	I 2-Methyladenosin	I
I m2g	I 2-Methylguanosen	I
I m3c	I 3-Methylcytidin	I
I m5c	I 5-Methylcytidin	I
I m6a	I N6-Methyladenosin	I
I m7g	I 7-Methylguanosen	I
I mam5u	I 5-Methylaminomethyluridin	I
I mam5s2u	I 5-Methoxyaminomethyl-2-thiouridin	I
I man q	I beta,D-Mannosylqueuosin	I
I mcm5s2u	I 5-Methoxycarbonylmethyl-2-thiouridin	I
I mcm5u	I 5-Methoxycarbonylmethyluridin	I
I mo5u	I 5-Methoxyuridin	I
I ms2i6a	I 2-Methylthio-N6-isopentenyladenosin	I
I ms2t6a	I N-((9-beta-D-Ribofuranosyl-2-methylthiopurin-6-yl)	I
I	I carbamoyl)threonin	I
I mt6a	I N-((9-beta-D-Ribofuranosylpurin-6-yl)N-methylcarbamoyl)	I
I	I threonin	I
I mv	I Uridin-5-oxyessigsäuremethylester	I
I o5u	I Uridin-5-oxyessigsäure(v)	I
I osyw	I Wybutoxosin	I
I p	I Pseudouridin	I
I q	I Queuosin	I
I s2c	I 2-Thiocytidin	I
I s2t	I 5-Methyl-2-thiouridin	I
I s2u	I 2-Thiouridin	I
I s4u	I 4-Thiouridin	I

I t	I 5-Methyluridin	I
I t6a	I N-((9-beta-D-Ribofuranosylpurin-6-yl)carbamoyl)threonin	I
I tm	I 2'-O-Methyl-5-methyluridin	I
I um	I 2'-O-Methyluridin	I
I yw	I Wybutosin	I
I x	I 3-(3-Amino-3-carboxypropyl)uridin,(acp3)u	I

I	Tabelle 3	I
I	Liste der Aminosäuren	I

I	Symbol	I
I	Bedeutung	I

I Ala	I Alanin	I
I Cys	I Cystein	I
I Asp	I Asparaginsäure	I
I Glu	I Glutaminsäure	I
I Phe	I Phenylalanin	I
I Gly	I Glycin	I
I His	I Histidin	I
I Ile	I Isoleucin	I
I Lys	I Lysin	I
I Leu	I Leucin	I
I Met	I Methionin	I
I Asn	I Asparagin	I
I Pro	I Prolin	I
I Gln	I Glutamin	I
I Arg	I Arginin	I
I Ser	I Serin	I
I Thr	I Threonin	I

I Val	I Valin	I
I Trp	I Tryptophan	I
I Tyr	I Tyrosin	I
I Asx	I Asp oder Asn	I
I Glx	I Glu oder Gln	I
I Xaa	I Unbekannt oder sonstige	I

I Tabelle 4 I
I Liste der modifizierten und seltenen Aminosäuren I

I Symbol	I Bedeutung	I
I Aad	I 2-Aminoadipinsäure	I
I bAad	I 3-Aminoadipinsäure	I
I bAla	I beta-Alanin, beta-Aminopropionsäure	I
I Abu	I 2-Aminobuttersäure	I
I 4Abu	I 4-Aminobuttersäure, Piperidinsäure	I
I Acp	I 6-Aminocaprinsäure	I
I Ahe	I 2-Aminoheptansäure	I
I Aib	I 2-Aminoisobuttersäure	I
I bAib	I 3-Aminoisobuttersäure	I
I Apm	I 2-Aminopimelinsäure	I
I Dbu	I 2,4-Diaminobuttersäure	I
I Des	I Desmosin	I
I Dpm	I 2,2'-Diaminopimelinsäure	I
I Dpr	I 2,3-Diaminopropionsäure	I
I EtGly	I N-Ethylglycin	I
I EtAsn	I N-Ethylasparagin	I
I Hyl	I Hydroxylysin	I
I aHyl	I allo-Hydroxylysin	I

I 3Hyp	I 3-Hydroxyprolin	I
I 4Hyp	I 4-Hydroxyprolin	I
I Ide	I Isodesmosin	I
I alle	I allo-Isoleucin	I
I MeGly	I N-Methylglycin, Sarkosin	I
I Melle	I N-Methylisoleucin	I
I MeLys	I 6-N-Methyllysin	I
I MeVal	I N-Methylvalin	I
I Nva	I Norvalin	I
I Nle	I Norleucin	I
I Orn	I Ornithin	I

I Tabelle 5 I
I Liste der Merkmalschlüssel zu Nucleotidsequenzen I

I Schlüssel	I Beschreibung	I
I allele	I ein verwandtes Individuum oder ein verwandter Stamm	I
I	I enthält stabile alternative Formen desselben Gens	I
I	I und unterscheidet sich an dieser (und vielleicht an	I
I	I anderer) Stelle von der vorliegenden Sequenz	I
I attenuator	I 1. Region einer DNA, in der die Beendigung der	I
I	I Transkription reguliert wird und die Expression	I
I	I einiger bakterieller Operons gesteuert wird	I
I	I 2. zwischen dem Promotor und dem ersten Strukturgen	I
I	I liegender Sequenzabschnitt, der eine partielle	I
I	I Beendigung der Transkription bewirkt	I
I C-region	I konstante Region der leichten und schweren	I
I	I Immunglobulinketten und der Alpha-, Beta- und	I
I	I Gamma-Ketten von T-Zell-Rezeptoren; enthält je nach	I
I	I Kette ein oder mehrere Exons	I
I CAAT-signal	I Caat-Box; Teil einer konservierten Sequenz, der	I
I	I etwa 75 Basenpaare stromaufwärts vom Startpunkt der	I
I	I eukaryontischen Transkriptionseinheiten liegt und an	I
I	I der RNA-Polymerase-Bindung beteiligt sein kann;	I
I	I Konsensussequenz = GG (C oder T) CAATCT	I
I CDS	I codierende Sequenz; Sequenz von Nucleotiden, die mit	I

I	I der Sequenz der Aminosäuren in einem Protein	I
I	I übereinstimmt (beinhaltet Stopcodon); Merkmal	I
I	I schließt eine mögliche Translation der Aminosäure ein	I

I conflict	I unabhängige Bestimmungen "derselben" Sequenz	I
I	I unterscheiden sich an dieser Stelle oder in dieser	I
I	I Region voneinander	I

I D-loop	I D-Schleife; Region innerhalb der mitochondrialen	I
I	I DNA, in der sich ein kürzeres RNA-Stück mit einem	I
I	I Strang der doppelsträngigen DNA paart und dabei den	I
I	I ursprünglichen Schwesterstrang in dieser Region	I
I	I verdrängt; dient auch zur Beschreibung der	I
I	I Verdrängung einer Region des einen Stranges eines	I
I	I DNA-Doppelstrangs durch eine einzelsträngige	I
I	I Nucleinsäure bei der durch ein recA-Protein	I
I	I ausgelösten Reaktion	I

I D-segment	I Diversity-Region der schweren Kette von Immunglobulin	I
I	I und der Beta-Kette eines T-Zell-Rezeptors	I

I enhancer	I eine als Cis-Element wirkende Sequenz, die die	I
I	I Aktivität (einiger) eukaryontischer Promotoren	I
I	I verstärkt und in beliebiger Richtung und Position	I
I	I zum Promotor (stromaufwärts oder -abwärts) funktioniert	I

I exon	I Region des Genoms, die für einen Teil der gespleißten	I
I	I mRNA codiert; kann 5'UTR, alle CDSs und 3'UTR enthalten	I

I GC-signal	I GC-Box; eine konservierte, GC-reiche Region	I
I	I stromaufwärts vom Startpunkt der eukaryontischen	I
I	I Transkriptionseinheiten, die in mehreren Kopien und	I
I	I in beiden Richtungen vorkommen kann;	I
I	I Konsensussequenz = GGGCGG	I

I gene	I biologisch signifikante Region, codierende	I
I	I Nucleinsäure	I

I iDNA	I intervenierende DNA; DNA, die durch verschiedene	I
I	I Arten der Rekombination eliminiert wird	I

I intron	I DNA-Abschnitt, der transkribiert, aber beim	I
I	I Zusammenspleißen der ihn umgebenden Sequenzen (Exons)	I
I	I aus dem Transkript wieder herausgeschnitten wird	I

I J-segment	I J-Kette (Verbindungskette) zwischen den leichten	I
I	I und den schweren Immunglobulinketten und den Alpha-,	I
I	I Beta- und Gamma-Ketten der T-Zell-Rezeptoren	I

I LTR	I lange, sich an den beiden Enden einer gegebenen	I
I	I Sequenz direkt wiederholende Sequenz, wie sie für	I
I	I Retroviren typisch ist	I

I mat-peptide	I für ein reifes Peptid oder Protein codierende	I
I	I Sequenz; Sequenz, die für das reife oder endgültige	I
I	I Peptid- oder Proteinprodukt im Anschluss an eine	I
I	I posttranslationale Modifizierung codiert; schließt	I
I	I im Gegensatz zur entsprechenden CDS das Stopcodon	I
I	I nicht ein	I

I misc-binding	I Stelle in einer Nucleinsäure, die einen anderen Teil,	I
I	I der nicht durch einen anderen Bindungsschlüssel	I
I	I (primer-bind oder protein-bind) beschrieben werden	I
I	I kann, kovalent oder nicht kovalent bindet	I

I misc-difference	I die Merkmalsequenz unterscheidet sich von der im	I
I	I Eintrag und kann nicht durch einen anderen	I
I	I Unterscheidungsschlüssel (conflict, unsure,	I
I	I old-sequence, mutation, variation, allele bzw.	I
I	I modified-base) beschrieben werden	I

I misc-feature	I biologisch signifikante Region, die nicht durch	I
I	I einen anderen Merkmalschlüssel beschrieben werden	I
I	I kann; neues oder seltenes Merkmal	I

I misc-recomb	I Stelle, an der ein allgemeiner, ortsspezifischer	I
I	I oder replikativer Rekombinationsvorgang stattfindet,	I
I	I bei dem die DNA-Doppelhelix aufgebrochen und wieder	I
I	I zusammengefügt wird, und die nicht durch andere	I
I	I Rekombinationsschlüssel (idNA oder Virion) oder den	I
I	I betreffenden Herkunftsschlüssel	I
I	I (/insertions-seq,/transposon,/proviral) beschrieben	I
I	I werden kann	I

I misc-RNA	I Transkript oder RNA-Produkt, das nicht durch andere	I
I	I RNA-Schlüssel (prim-transcript, precursor-RNA,	I
I	I mRNA, 5'clip, 3'clip, 5'UTR, 3'UTR, exon, CDS,	I
I	I sig-peptide, transit-peptide, mat-peptide, intron,	I
I	I polyA-site, rRNA, tRNA, scrRNA oder snRNA)	I
I	I beschrieben werden kann	I

I misc-signal	I Region, die ein Signal enthält das die Genfunktion	I
I	I oder -expression steuert oder ändert, und die nicht	I
I	I durch andere Signalschlüssel (promoter, CAAT-signal,	I
I	I TATA-signal, -35-signal, -10-signal, GC-signal, RBS,	I
I	I polyA-signal, enhancer, attenuator, terminator oder	I
I	I rep-origin) beschrieben werden kann	I

I misc-structure	I Sekundär-, Tertiär- oder sonstige Struktur oder	I
I	I Konformation, die nicht durch andere Strukturschlüssel	I
I	I (stem-loop oder D-loop) beschrieben werden kann	I

I modified-base	I das angegebene Nucleotid ist ein modifiziertes	I
I	I Nucleotid und ist durch das angegebene Molekül	I
I	I (ausgedrückt durch die modifizierte Base) zu	I
I	I ersetzen	I

I mRNA	I messenger-RNA (Boten-RNA); enthält eine	I
I	I 5'-nichttranslatierte Region (5'UTR), codierende	I
I	I Sequenzen (CDS, Exon) und eine 3'-nichttranslatierte	I
I	I Region (3'UTR)	I
I mutation	I ein verwandter Stamm weist an dieser Stelle eine	I
I	I plötzliche, erbliche Sequenzveränderung auf	I
I N-region	I zusätzliche Nucleotide, die zwischen neu geordnete	I
I	I Immunglobulinabschnitte eingefügt werden	I
I old-sequence	I die vorliegende Sequenz stellt eine geänderte	I
I	I Version der früher an dieser Stelle befindlichen	I
I	I Sequenz dar	I
I polyA-signal	I Erkennungsregion, die zur Endonuclease-Spaltung	I
I	I eines RNA-Transkripts mit anschließender	I
I	I Polyadenylierung nötig ist; Konsensussequenz: AATAAA	I
I polyA-site	I Stelle auf einem RNA-Transkript, an der durch	I
I	I posttranslationale Polyadenylierung Adeninreste	I
I	I eingefügt werden	I
I precursor-RNA	I noch nicht gereifte RNA-Spezies; kann eine am	I
I	I 5'-Ende abzuschneidende Region (5'Clip), eine	I
I	I 5'-nichttranslatierte Region (5'UTR), codierende	I
I	I Sequenzen (CDS, Exon), intervenierende Sequenzen	I
I	I (Intron), eine 3'-nichttranslatierte Region (3'UTR)	I
I	I und eine am 3'-Ende abzuschneidende Region (3'Clip)	I
I	I enthalten	I
I prim-transcript	I primäres (ursprüngliches, nicht prozessiertes)	I
I	I Transkript; enthält eine am 5'-Ende abzuschneidende	I
I	I Region (5'Clip), eine 5'-nichttranslatierte Region	I
I	I (5'UTR), codierende Sequenzen (CDS, Exon),	I
I	I intervenierende Sequenzen (Intron), eine	I
I	I 3'-nichttranslatierte Region (3'UTR) und eine am	I
I	I 3'-Ende abzuschneidende Region (3'Clip)	I
I primer-bind	I nichtkovalente Primer-Bindungsstelle für die	I
I	I Initiierung der Replikation, Transkription oder	I
I	I reversen Transkription; enthält eine oder mehrere	I
I	I Stellen für synthetische Elemente, z. B.	I
I	I PCR-Primärelemente	I
I promoter	I Region auf einem DNA-Molekül, die an der Bindung der	I
I	I RNA-Polymerase beteiligt ist, die die Transkription	I
I	I initiiert	I
I protein-bind	I nichtkovalente Protein-Bindungsstelle auf der	I
I	I Nucleinsäure	I

I RBS	I ribosomale Bindungsstelle	I

I repeat-region	I Genomregion mit repetitiven Einheiten	I

I repeat-unit	I einzelnes Repeat (repetitive Einheit)	I

I rep-origin	I Replikationsursprung; Startpunkt der Duplikation der	I
I	I Nucleinsäure, durch die zwei identische Kopien	I
I	I entstehen	I

I rRNA	I reife ribosomale RNA; RNA-Komplex des	I
I	I Ribonucleoprotein-Partikels (Ribosom), der	I
I	I Aminosäuren zu Proteinen zusammenfügt	I

I S-region	I Switch-Region der schweren Immunglobulinketten;	I
I	I beteiligt am Umbau der DNA von schweren Ketten, der	I
I	I zur Expression einer anderen Immunglobulin-Klasse	I
I	I aus derselben B-Zelle führt	I

I satellite	I viele tandemartig hintereinander geschaltete	I
I	I (identische oder verwandte) Repeats einer kurzen	I
I	I grundlegenden repetitiven Einheit; viele davon	I
I	I unterscheiden sich in der Basenzusammensetzung oder	I
I	I einer anderen Eigenschaft vom Genomdurchschnitt und	I
I	I können so von der Hauptmasse der genomischen DNA	I
I	I abgetrennt werden	I

I scrRNA	I kleine cytoplasmische RNA; eines von mehreren kleinen	I
I	I cytoplasmischen RNA-Molekülen im Cytoplasma und	I
I	I (manchmal) im Zellkern eines Eukaryonten	I

I sig-peptide	I für ein Signalpeptid codierende Sequenz; Sequenz,	I
I	I die für eine N-terminale Domäne eines sekretorischen	I
I	I Proteins codiert; diese Domäne spielt bei der	I
I	I Anheftung des naszierenden Polypeptids an die Membran	I
I	I eine Rolle; Leader-Sequenz	I

I snRNA	I kleine Kern-RNA; eine der vielen kleinen RNA-Formen,	I
I	I die nur im Zellkern vorkommen; einige der snRNAs	I
I	I spielen beim Spleißen oder bei anderen	I
I	I RNA-verarbeitenden Reaktionen eine Rolle	I

I source	I bezeichnet die biologische Herkunft des genannten	I
I	I Sequenzabschnitts; die Angabe dieses Schlüssel ist	I
I	I obligatorisch; jeder Eintrag muss mindestens einen	I
I	I Herkunftsschlüssel aufweisen, der die gesamte	I
I	I Sequenz umfasst; es dürfen zu jeder Sequenz auch	I
I	I mehrere Herkunftsschlüssel angegeben werden	I

I stem-loop	I Haarnadelschleife; eine Doppelhelix-Region, die	I
I	I durch Basenpaarung zwischen benachbarten (invertierten)	I
I	I komplementären Sequenzen in einem RNA- oder	I
I	I DNA-Einzelstrang entsteht	I

I STS	I Sequence Tagged Site; kurze, nur als Einzelkopie	I
I	I vorkommende DNA-Sequenz, die einen Kartierungspunkt	I
I	I auf dem Genom bezeichnet und durch PCR ermittelt	I
I	I werden kann; eine Region auf dem Genom kann durch	I
I	I Bestimmung der Reihenfolge der STSs kartiert werden	I
I TATA-signal	I TATA-Box; Goldberg-Hogness-Box; ein konserviertes	I
I	I AT-reiches Septamer, das sich rund 25 Basenpaare vor	I
I	I dem Startpunkt jeder eukaryontischen RNA-Polymerase-	I
I	I II-Transkriptionseinheit befindet und bei der	I
I	I Positionierung des Enzyms für eine korrekte Initiation	I
I	I eine Rolle spielen kann; Konsensussequenz = TATA	I
I	I (A oder T) A (A oder T)	I
I terminator	I DNA-Sequenz, die entweder am Ende des Transkripts	I
I	I oder neben einer Promotor-Region liegt und bewirkt,	I
I	I dass die RNA-Polymerase die Transkription beendet;	I
I	I kann auch die Bindungsstelle eines Repressor-Proteins	I
I	I sein	I
I transit-peptide	I für Transitpeptid codierende Sequenz; Sequenz, die	I
I	I für eine N-terminale Domäne eines im Zellkern	I
I	I codieren Organellen-Proteins codiert; diese Domäne	I
I	I ist an der posttranslationalen Einschleusung des	I
I	I Proteins in die Organelle beteiligt	I
I tRNA	I reife transfer-RNA, ein kleines RNA-Molekül	I
I	I (75 - 85 Basen lang), das die Translation einer	I
I	I Nucleinsäure-Sequenz in eine Aminosäure-Sequenz	I
I	I vermittelt	I
I unsure	I der Autor kennt die Sequenz in dieser Region nicht	I
I	I genau	I
I V-region	I variable Region der leichten und schweren	I
I	I Immunglobulinketten sowie der Alpha-, Beta- und	I
I	I Gamma-Ketten von T-Zell-Rezeptoren; codiert für das	I
I	I variable Aminoende; kann aus V-, D-, N- und	I
I	I J-Abschnitten bestehen	I
I V-segment	I variabler Abschnitt der leichten und schweren	I
I	I Immunglobulinketten sowie der Alpha-, Beta- und	I
I	I Gamma-Ketten von T-Zell-Rezeptoren; codiert für den	I
I	I Großteil der variablen Region (V-region) und die	I
I	I letzten Aminosäuren des Leader-Peptids	I
I variation	I ein verwandter Stamm enthält stabile Mutationen	I
I	I desselben Gens (z. B. RFLP(tief)s Polymorphismen	I
I	I usw.), die sich an dieser (und möglicherweise auch	I
I	I an anderer) Stelle von der vorliegenden Sequenz	I
I	I unterscheiden	I

I	GLUTAMIC ACID	I		I
I	HYDROXYLATION	I		I

I	Methylation	I	in der Regel von Lysin oder Arginin	I

I	PHOSPHORYLATION	I	von Serin, Threonin, Tyrosin, Asparaginsäure oder	I
I		I	Histidin	I

I	PYRROLIDONE	I	N-terminales Glutamat, das ein internes cyclisches	I
I	CARBOXYLIC ACID	I	Lactam gebildet hat	I

I	SULFATATION	I	in der Regel von Tyrosin	I

I	LIPID	I	kovalente Bindung eines Lipidanteils	I

I	MYRISTATE	I	Myristat-Gruppe, die durch eine Amidbindung an den	I
I		I	N-terminalen Glycin-Rest der reifen Form eines	I
I		I	Proteins oder an einen internen Lysin-Rest gebunden ist	I

I	PALMITATE	I	Palmitat-Gruppe, die durch eine Thioetherbindung an	I
I		I	einen Cystein-Rest oder durch eine Esterbindung an	I
I		I	einen Serin- oder Threonin-Rest gebunden ist	I

I	FARNESYL	I	Farnesyl-Gruppe, die durch eine Thioetherbindung an	I
I		I	einen Cystein-Rest gebunden ist	I

I	GERANYL-GERANYL	I	Geranyl-geranyl-Gruppe, die durch eine	I
I		I	Thioetherbindung an einen Cystein-Rest gebunden ist	I

I	GPI-ANCHOR	I	Glykosyl-phosphatidylinositol-(GPI-)Gruppe, die an die	I
I		I	alpha-Carboxylgruppe des C-terminalen Rests der	I
I		I	reifen Form eines Proteins gebunden ist	I

I	N-ACYL	I	N-terminales Cystein der reifen Form eines	I
I	DIGLYCERIDE	I	prokaryontischen Lipoproteins mit einer amidgebundenen	I
I		I	Fettsäure und einer Glyceryl-Gruppe, an die durch	I
I		I	Esterbindungen zwei Fettsäuren gebunden sind	I

I	DISULFID	I	Disulfidbindung; den "VON"- und den "BIS"-Endpunkt	I
I		I	bilden die beiden Reste, die durch eine ketteninterne	I
I		I	Disulfidbindung verbunden sind; sind der "VON"- und	I
I		I	der "BIS"-Endpunkt identisch, ist die Disulfidbindung	I
I		I	kettenübergreifend, und die Art der Quervernetzung	I
I		I	ist im Beschreibungsfeld anzugeben	I

I	THIOLEST	I	Thiolesterbindung; den "VON"- und den "BIS"-Endpunkt	I
I		I	bilden die beiden Reste, die durch die	I
I		I	Thiolesterbindung verbunden sind	I

I	THIOETH	I	Thioetherbindung; den "VON"- und den "BIS"-Endpunkt	I
I		I	bilden die beiden Reste, die durch die Thioetherbindung	I
I		I	verbunden sind	I

I CARBOHYD	I Glykosylierungs-Stelle; die Art des Kohlenhydrats	I
I	I (sofern bekannt) ist im Beschreibungsfeld anzugeben	I

I METAL	I Bindungsstelle für ein Metallion; die Art des Metalls	I
I	I ist im Beschreibungsfeld anzugeben	I

I BINDING	I Bindungsstelle für eine beliebige chemische Gruppe	I
I	I (Coenzym, prosthetische Gruppe usw.); die Art der	I
I	I Gruppe ist im Beschreibungsfeld anzugeben	I

I SIGNAL	I Bereich einer Signalsequenz (Präpeptid)	I

I TRANSIT	I Bereich eines Transit-Peptids (mitochondriales,	I
I	I chloroplastidäres oder für Microbodies)	I

I PROPEP	I Bereich eines Propeptids	I

I CHAIN	I Bereich einer Polypeptid-Kette im reifen Protein	I

I PEPTIDE	I Bereich eines freigesetzten aktiven Peptids	I

I DOMAIN	I Bereich einer wichtigen Domäne auf der Sequenz; die	I
I	I Art dieser Domäne ist im Beschreibungsfeld anzugeben	I

I CA-BIND	I Bereich einer Calcium-bindenden Region	I

I DNA-BIND	I Bereich einer DNA-bindenden Region	I

I NP-BIND	I Bereich einer Nucleotidphosphat-bindende Region;	I
I	I die Art des Nucleotidphosphats ist im Beschreibungs-	I
I	I feld anzugeben	I

I TRANSMEM	I Bereich einer Transmembran-Region	I

I ZN-FING	I Bereich einer Zink-Finger-Region	I

I SIMILAR	I Grad der Ähnlichkeit mit einer anderen Proteinsequenz;	I
I	I im Beschreibungsfeld sind genaue Angaben über diese	I
I	I Sequenz zu machen	I

I REPEAT	I Bereich einer internen Sequenzwiederholung	I

I HELIX	I Sekundärstruktur: Helices, z. B. Alpha-Helix,	I
I	I 3(10)-Helix oder Pi-Helix	I

I STRAND	I Sekundärstruktur: Beta-Strang, z. B. durch	I
I	I Wasserstoff-Brückenbindungen stabilisierter	I
I	I Beta-Strang, oder Rest in einer isolierten Beta-Brücke	I

I TURN	I Sekundärstruktur: Schleife, z. B. durch	I
I	I Wasserstoff-Brückenbindungen stabilisierte	I
I	I Schleife (3-, 4- oder 5-Schleife)	I

I ACT-SITE	I Aminosäure(n), die bei der Aktivität eines Enzyms	I
I	I mitwirkt (mitwirken)	I

I SITE	I irgendeine andere wichtige Stelle auf der Sequenz	I

I INIT-MET	I die Sequenz beginnt bekanntermaßen mit einem	I
I	I Start-Methionin	I

I NON-TER	I der Rest am Sequenzanfang oder -ende ist nicht der	I
I	I Terminalrest; steht er an der Position 1, so bedeutet I	I
I	I das, dass diese nicht der N-Terminus des vollständigen	I
I	I Moleküls ist; steht er an letzter Position, so ist I	I
I	I diese Position nicht der C-Terminus des vollständigen I	I
I	I Moleküls; für diesen Schlüssel gibt es kein I	I
I	I Beschreibungsfeld	I

I NON-CONS	I nicht aufeinander folgende Reste; zeigt an, dass	I
I	I zwei Reste in einer Sequenz nicht aufeinander folgen, I	I
I	I sondern dass zwischen ihnen einige nichtsequenzierte I	I
I	I Reste liegen	I

I UNSURE	I Unsicherheiten in der Sequenz; mit diesem Schlüssel	I
I	I werden Regionen einer Sequenz beschrieben, bei der	I
I	I sich der Autor bezüglich der Sequenzzuweisung nicht	I
I	I sicher ist	I

Beispiel:

```

<110> Smith, John; Smithgene Inc.
<120> Beispiel für ein Sequenzprotokoll
<130> 01-00001
<140> PCT/EP98/00001
<141> 31. Dezember 1998
<150> US 08/999,999
<151> 15. Oktober 1997
<160> 4
<170> PatentIn Version 2.0
<210> 1
<211> 389
<212> DNA
<213> Paramecium sp.
<220>
<221> CDS
<222> (279) ... (389)
<300>
<301> Doe, Richard
<302> Isolation and Characterization of a Gene Encoding a Protease
      from Paramecium sp.
<303> Journal of Genes
<304> 1
<305> 4
<306> 1-7
<307> 31. Juni 1988
<308> 123456

```

<309> 31. Juni 1988

<400> 1

```

agctgtagtc attcctgtgt cctcttctct ctgggcttct caccctgcta atcagatctc      60
agggagagtg tcttgaccct cctctgcctt tgcagcttca caggcaggca ggcaggcagc      120
tgatgtggca attgctggca gtgccacagg cttttcagcc aggcttaggg tgggttccgc      180
cgcggcgcgg cggccctct cgcgctctc tcgcgctct ctctcgctct cctctcgctc      240
ggacctgatt aggtgagcag gaggaggggg cagttagc atg gtt tca atg ttc agc      296
                                Met Val Ser Met Phe Ser
                                1             5

ttg tct ttc aaa tgg cct gga ttt tgt ttg ttt gtt tgt ttg ttc caa      344
Leu Ser Phe Lys Trp Pro Gly Phe Cys Leu Phe Val Cys Leu Phe Gln
                                10             15             20

tgt ccc aaa gtc ctc ccc tgt cac tca tca ctg cag ccg aat ctt      389
Cys Pro Lys Val Leu Pro Cys His Ser Ser Leu Gln Pro Asn Leu
                                25             30             35

```

PatV Anlage 2 (zu § 12) Standards für die Einreichung von Zeichnungen

(Fundstelle des Originaltextes: BGBl. I 2003, 1726 - 1727;
bzgl. der einzelnen Änderungen vgl. Fußnote)

A. Schriftliche Einreichung

1. Die Zeichnungen sind auf Blättern mit folgenden Mindesträndern auszuführen:
 - Oberer Rand: 2,5 cm
 - linker Seitenrand: 2,5 cm
 - rechter Seitenrand: 1,5 cm
 - unterer Rand: 1 cm.
 Die für die Abbildungen benutzte Fläche darf 26,2 cm x 17 cm nicht überschreiten; bei der Zeichnung der Zusammenfassung kann sie auch 8,1 cm x 9,4 cm im Hochformat oder 17,4 cm x 4,5 cm im Querformat betragen.
2. Die Zeichnungen sind mit ausreichendem Kontrast, in dauerhaften, schwarzen, ausreichend festen und dunklen, in sich gleichmäßigen und scharf begrenzten Linien und Strichen ohne Farben auszuführen.
3. Zur Darstellung der Erfindung können neben Ansichten und Schnittzeichnungen auch perspektivische Ansichten oder Explosionsdarstellungen verwendet werden. Querschnitte sind durch Schraffierungen kenntlich zu machen, die die Erkennbarkeit der Bezugszeichen und Führungslinien nicht beeinträchtigen dürfen.
4. Der Maßstab der Zeichnungen und die Klarheit der zeichnerischen Ausführung müssen gewährleisten, dass nach elektronischer Erfassung (scannen) auch bei Verkleinerungen auf zwei Drittel alle Einzelheiten noch ohne Schwierigkeiten erkennbar sind. Wird der Maßstab in Ausnahmefällen auf der Zeichnung angegeben, so ist er zeichnerisch darzustellen.
5. Die Linien der Zeichnungen sollen nicht freihändig, sondern mit Zeichengeräten gezogen werden. Die für die Zeichnungen verwendeten Ziffern und Buchstaben müssen mindestens 0,32 cm hoch sein. Für die Beschriftung der Zeichnungen sind lateinische und, soweit üblich, griechische Buchstaben zu verwenden.
6. Ein Zeichnungsblatt kann mehrere Abbildungen enthalten. Die einzelnen Abbildungen sind ohne Platzverschwendung, aber eindeutig voneinander getrennt und vorzugsweise im Hochformat anzuordnen und mit arabischen Ziffern fortlaufend zu nummerieren. Den Stand der Technik betreffende Zeichnungen, die dem Verständnis der Erfindung dienen, sind zulässig; sie müssen jedoch deutlich mit dem Vermerk "Stand der Technik" gekennzeichnet

sein. Bilden Abbildungen auf zwei oder mehr Blättern eine zusammenhängende Figur, so sind die Abbildungen auf den einzelnen Blättern so anzuordnen, dass die vollständige Figur ohne Verdeckung einzelner Teile zusammengesetzt werden kann. Alle Teile einer Figur sind im gleichen Maßstab darzustellen, sofern nicht die Verwendung unterschiedlicher Maßstäbe für die Übersichtlichkeit der Figur unerlässlich ist.

7. Bezugszeichen dürfen in den Zeichnungen nur insoweit verwendet werden, als sie in der Beschreibung und gegebenenfalls in den Patentansprüchen aufgeführt sind und umgekehrt. Entsprechendes gilt für die Zusammenfassung und deren Zeichnung.
8. Die Zeichnungen dürfen keine Erläuterungen enthalten; ausgenommen sind kurze unentbehrliche Angaben wie "Wasser", "Dampf", "offen", "zu", "Schnitt nach A-B" sowie in elektrischen Schaltplänen und Blockschaltbildern oder Flussdiagrammen kurze Stichworte, die für das Verständnis unentbehrlich sind.

B. Einreichung in elektronischer Form

9. Folgende Formate für Bilddateien sind bei einer elektronischen Patentanmeldung beim Deutschen Patent- und Markenamt zulässig:

I Grafikformat	I Kompression	I Farbtiefe	I Beschreibung	I
I TIFF	I keine oder I LZW oder FAX I Group 4	I 1 bit/p oder I (Schwarz- I weiß)	I Maximale Größe DIN A4 und I eine Auflösung von I 300*300 dpi I entsprechend einer Pixelzahl I (B) von 2480*3508 Pixel	I
I TIFF	I keine oder I LZW oder FAX I Group 4	I 8 bit/p I (256 Grau- I stufen)	I Maximale Größe DIN A4 und I eine Auflösung von I 150*150 dpi I entsprechend einer Pixelzahl I (B) von 1240*1754	I
I JPEG	I individuell I I I I	I 24 bit/p I I I I	I Maximale Größe DIN A4 und I eine Auflösung von I 150*150 dpi I Nur Grauschattierungen I werden akzeptiert.	I
I PDF	I keine I I I I I I I I I I	I Nur Schwarz- I weiß I zulässig I I I I I I I	I Folgende Schriften (Fonts) I I sind erlaubt: I - Times (Serifen-Schrift, I I proportional) I - Helvetica (ohne Serifen, I I proportional) I - Courier I - Symbol (Symbole) I Farbige Grafiken sind I unzulässig. I Eine Verwendung von bei I PDF-Dateien möglichen I Nutzungseinschränkungen auf I Dateiebene durch krypto-	I

I	I	I	I graphische Mittel	I
I	I	I	I (Verschlüsselung,	I
I	I	I	I Deaktivierung der Druck-	I
I	I	I	I möglichkeit) ist nicht	I
I	I	I	I zulässig.	I
