

Webinaire de présentation de la norme ST.26 de l'OMPI

organisé par le Bureau international de l'OMPI

Virtuel, 22 septembre 2021

14 heures – 15 h 30 (heure d'été d'Europe centrale)

RÉPONSES AUX QUESTIONS

Document établi par le Bureau international de l'OMPI

Veillez trouver ci-après les réponses aux questions posées lors du webinaire.

Q1 : La norme permettra-t-elle d'entrer des molécules chimériques ADN-PROT ?

A1 : Cette possibilité n'est pas prévue par la norme ST.26. Dans ce cas-là chaque fragment ADN ou protéine de la molécule chimérique doit être entré séparément dans le listage de séquence si (et seulement si) le(s) fragment(s) d'ADN a/ont une longueur d'au moins 10 nucléotides définis et le(s) fragment(s) protéique(s) a/ont une longueur d'au moins 4 acides aminés définis. Une clef de caractérisation « misc_feature » avec un qualificateur « note » peuvent être utilisés pour indiquer que ces séquences font partie d'une molécule chimérique.

Q2 : Pourquoi avoir abandonné la possibilité de saisir les séquences de moins de 4 aa ou moins de 10 nt ?

A2 : La norme ST.26 utilise le format défini par les bases de données de l'INSDC. Ces courtes séquences ne sont pas acceptées par les bases de données de l'INSDC parce qu'elles résultent en trop de bruit de fond (faux positifs) dans les recherches de séquences.

Q3 : Si c'est la date de dépôt qui compte, il peut y avoir la possibilité d'avoir une demande nationale avec ST25 et un PCT en ST26?

A3 : Oui si les demandes nationale et PCT ont des dates de dépôt respectivement avant et après l'entrée en vigueur de la norme ST.26. Dans ce cas-là, la demande nationale aura un listage de séquences en format ST.25 et la demande PCT, qui utilise cette demande nationale comme document de priorité, devra avoir un listage de séquence en format ST. 26.

Q4 : Dans la mesure où l'uracile est remplacé par "t" dans le listage, les séquences dans le texte ne seront pas strictement identiques?

A4 : Oui, il est possible de représenter des molécules d'ARN dans la description en utilisant le symbole « u » alors que le listage de séquence doit utiliser le symbole « t ». L'information reste identique même si la représentation est différente car un « t » utilisé dans une molécule d'ARN représente par défaut un « u » dans un listage de séquence au format ST.26.

Q5 : Quand sera disponible une version de BISSAP ou équivalent adaptée à la préparation de listages au format ST26?

A5 : BISSAP ne sera pas mis à jour. A la place, l'outil bureautique « wipo sequence » développé par l'OMPI peut être utilisé pour préparer des listages de séquences au format ST.26. Cet outil est d'ores et déjà disponible sur le site de l'OMPI.

Q6 : Si une modification d'un listage de séquences est nécessaire pour une demande de brevet en cours d'examen qui était déposé sous la norme ST.25, est ce qu'il sera encore possible de déposer sous format TXT ? Ou bien il sera nécessaire de réaliser le listage de séquences sous format xml ?

Q6 : Oui, dans ce cas-là un listage de séquences modifié ou corrigé doit être déposé conformément à la norme ST.25.

Q7 : Qu'est-ce qu'une séquence omise ?

A7 : Une séquence omise est une séquence délibérément laissée vide par le déposant. Cela permet par exemple de supprimer une séquence dans un listage (par exemple par rapport à une demande de priorité ou dans le cas d'une non-unité) sans avoir à renuméroter toutes les séquences dans la description. Pour les séquences omises, l'élément de la séquence doit avoir pour valeur "000".

Q8 : Quelle est la conséquence si la déclaration de priorité n'est pas indiquée dans le listage ?

A8 : Il est obligatoire d'indiquer le document de priorité le plus ancien donc un tel listage de séquence n'est pas conforme à la norme ST.26.

Q9 : Comment entre-t-on des acides aminés non-naturels ?

A9 : Les acides aminés modifiés doivent être représentés dans la séquence comme acides aminés non modifiés dans la mesure du possible. Tout acide aminé modifié dans une séquence qui ne peut pas être représenté un des symboles de l'annexe I (voir section 3, tableau 3), doit être représenté par « X ». Le symbole "X" est l'équivalent d'un seul résidu. Un acide aminé modifié peut être décrit plus en détail dans le tableau des caractéristiques (voir paragraphe 60 et suivants), le cas échéant en utilisant une clé de qualificateur « NOTE ». Pour plus de détails, consultez les paragraphes 29, 30 et 60 et l'Annexe I de la norme ST26.

Q10 : L'outil WIPO Sequence va-t-il évoluer dans les prochains mois ou est-il maintenant dans sa version finale ?

A10 : L'outil bureautique WIPO Sequence est presque dans sa version finale mais quelques améliorations vont être effectuées. Vous pouvez d'ores et déjà vous familiariser avec cet outil en le téléchargeant gratuitement sur le site de l'OMPI.

Q11 : Ce serait effectivement intéressant d'avoir un séminaire montrant l'utilisation de WIPO Sequence

A11 : Un séminaire en français sera organisé avant l'entrée en force de la norme ST.26. Une vidéo en anglais est déjà disponible à l'adresse suivante : https://www.wipo.int/meetings/en/details.jsp?meeting_id=62849

Q12 : La date de dépôt est celle de référence pour le standard mais il est possible pour le déposant de changer le format en cours de procédure ?

A12 : Si une demande est déposée avant la date d'entrée en force de la nouvelle norme (dite la date du « Big Bang ») alors le listage de séquences doit être conforme à la norme ST .25. Si une demande est déposée après cette date, alors le listage de séquences doit être conforme à la norme ST.26.

Le listage de séquences ne change pas de format pendant toute la durée d'une procédure, entre la date de dépôt et une décision finale telle que la délivrance d'un brevet.

Q13 : Comment faire pour convertir "simplement" un listage de séquence de 10000 séquences au format ST25 en ST26, car il semble qu'il sera nécessaire d'ajouter des informations ?

A13 : L'outil bureautique « WIPO Sequence » est capable de convertir un listage de séquences du format ST.25 au format ST.26. La conversion est en grande partie automatisée. Il y a une partie qui doit être entrée par le déposant, mais cette partie est facilitée par le fait que le déposant peut choisir, le plus souvent, les éléments pertinents dans des menus déroulants.

Q14 : S'ils oublient de mettre T au lieu de U dans la description - ont-ils droit de faire une R91 en réponse d'un ISA 225 ou alors on ne considère pas ça comme erreur?

A14 : Il est difficile de répondre car une correction R. 91 PCT ne peut être analysée qu'au cas par cas. Ceci étant dit, dans la majorité des cas, il semble qu'une correction de la description ne soit pas nécessaire. La norme ST.26 concerne le listage de séquences uniquement et il reste possible d'utiliser le symbole « U » dans une molécule d'ARN dans le texte de la description.

Dans le listage de séquences, si le déposant utilise l'outil WIPO Sequence et oublie de mettre le T à la place du U dans une molécule d'ARN, alors il ne pourra pas créer de listage et un message d'erreur apparaîtra indiquant que le U n'est pas autorisé et doit être remplacée par T.

Q15 : Puisque désormais X représente d'office n'importe quel acide aminé, comme doit-on faire lorsque l'on veut spécifier que ce X ne peut représenter qu'une liste restreinte d'alternatives? L'équivalent de l'ancien outil "feature"?

A15 : Le symbole "X" sera interprété comme l'un des "A", "R", "N", "D", "C", "Q", "E", "G", "H", "I", « L », « K », « M », « F », « P », « O », « S », « U », « T », « W », « Y » ou « V », **uniquement lorsqu'il est utilisé sans autre description.**

Si le X ne représente pas n'importe quel AA, alors l'acide aminé modifié ou « inconnu » peut être représenté par le symbole « X », et **accompagné d'une description supplémentaire** dans le tableau des caractéristiques, par exemple, comme prévu aux paragraphes 29, 30, 32 ou 93-98 de la norme ST.26. Pour la représentation des variants de séquences, c'est-à-dire des alternatives, des délétions, des insertions ou des substitutions, voir les paragraphes 93 à 100 de la norme ST 26.