

WIPO Sequence Version 1.1.0

Manuel de l'utilisateur

Le présent document a pour but d'expliquer aux utilisateurs comment utiliser les fonctions de base du logiciel WIPO Sequence. En général, les utilisateurs sont des déposants ou leurs représentants qui souhaitent présenter une demande de brevet comportant un listage des séquences.

WIPO SEQUENCE Version 1.1.0

MANUEL DE L'UTILISATEUR

TABLE DES MATIÈRES

	<u>Page</u>
1 Introduction.....	1
1.1 Aperçu.....	1
1.2 Configuration requise	1
1.2.1 Installation	2
1.2.1.1 Windows	2
1.2.1.2 Linux	2
1.2.1.3 OSX	2
1.2.1.4 Installation silencieuse.....	3
1.2.2 Désinstallation	3
1.2.2.1 Windows	3
1.2.2.2 Linux	3
1.2.2.3 OSX	3
1.2.3 Processus de mise à jour automatique	4
2 Fonctionnalités du logiciel	5
3 Aperçu du logiciel	8
3.1 Principaux éléments du logiciel.....	8
3.1.1 Page	8
3.1.2 Vue	9

3.1.3	Sections.....	9
3.1.4	Zone grisée.....	11
3.1.5	Tableaux.....	11
3.1.6	Vues en panneau	12
3.1.7	Panneau de modification.....	13
3.1.8	Sélecteur de date	14
3.2	Lecteur de PDF	15
3.3	Navigation au clavier.....	15
4	<i>Page principale.....</i>	16
4.1	Vue Projets	17
4.1.1	Créer un projet.....	17
4.1.2	Importer un projet	18
4.1.3	Importer un listage des séquences	21
4.1.4	Valider le listage des séquences.....	27
4.1.5	Supprimer un projet.....	29
4.2	Personnes et organisations.....	30
4.2.1	Créer.....	30
4.3	Organismes personnalisés.....	31
4.3.1	Créer un organisme personnalisé	31
4.3.2	Exporter les organismes personnalisés	31
4.3.3	Importer les organismes personnalisés	34
4.4	Préférences de système.....	35
5	<i>Page Projets.....</i>	38
5.1	Détails du projet.....	38
5.1.1	Informations générales.....	38
5.1.1.1	Imprimer un projet.....	39

5.1.1.2	Importer des informations d'un autre projet.....	40
5.1.1.3	Valider le projet.....	42
5.1.1.4	Exporter un projet	44
5.1.1.5	Générer un listage des séquences.....	45
5.1.2	Informations générales.....	47
5.1.2.1	Identification de demande	47
5.1.2.2	Identification de priorité.....	48
5.1.2.3	Déposant et inventeur.....	49
5.1.2.4	Titre de l'invention.....	50
5.1.3	Séquences.....	51
5.1.3.1	Créer une séquence	51
5.1.3.2	Importer une séquence.....	54
5.1.3.3	Insérer une séquence	58
5.1.3.4	Réordonner une séquence	60
5.1.3.5	Modifier une séquence	61
5.1.3.6	Caractéristiques.....	62
5.1.3.7	Qualificateurs.....	70
5.2	Rapport de vérification.....	75
5.3	Qualificateurs de texte libre	77
5.3.1	Importer des qualificateurs de texte libre	77
5.3.2	Exporter des qualificateurs de texte libre	80
5.4	Rapport d'importation	81
5.4.1	Tableau du rapport d'importation	82
5.4.2	Tableau des données modifiées	83
5.5	Afficher un listage des séquences	84
5.6	Aide	87

5.7	Préférences	87
6	Formats de fichier	88
6.1	ST.25	88
6.2	Multiséquence	88
6.3	Texte brut	89
6.4	FASTA	89
6.4.1	Fichier FASTA contenant une seule séquence.....	89
6.4.2	Fichier FASTA comportant plusieurs séquences (FASTA-Multi)	89

Table des figures

Figure 1	Page principale	9
Figure 2	Vue détaillée du projet	10
Figure 3	Zone grisée	11
Figure 4	Tableaux	11
Figure 5	Modification d'un tableau	12
Figure 6	Vue en panneau.....	12
Figure 7	Panneau de modification	13
Figure 8	Sélecteur de date.....	14
Figure 9	Lecteur de PDF	15
Figure 10	Vue Projets	16
Figure 11	Vue Personnes et organisations.....	16
Figure 12	Vue Organismes	17
Figure 13	Nouveau projet (a)	17

Figure 14 Nouveau projet (b)	18
Figure 15 Nouveau projet (c)	18
Figure 16 Importer un projet.....	19
Figure 17 Importer un projet (boîte de dialogue)	19
Figure 18 Importer un projet : choix des séquences.....	20
Figure 19 Importer un projet : bandeau	20
Figure 20 Importer un listage des séquences.....	21
Figure 21 Importer un listage des séquences (boîte de dialogue)	22
Figure 22 Importer un listage des séquences : choisir la fourchette de séquences.....	23
Figure 23 Importer un listage des séquences : choisir les informations générales	24
Figure 24 Importer un listage des séquences : données modifiées	25
Figure 25 Importer un listage des séquences : rapport d'importation	25
Figure 26 Importer un listage des séquences ST.26 : rapport d'importation.....	26
Figure 27 Valider le listage des séquences	27
Figure 28 Valider le listage des séquences (boîte de dialogue).....	27
Figure 29 Valider le listage des séquences : bandeau de validation réussie	28
Figure 30 Valider le listage des séquences : tableau des erreurs de validation.....	28
Figure 31 Supprimer un projet	29
Figure 32 Supprimer un projet (confirmation)	29
Figure 33 Créer une nouvelle personne ou organisation.....	30
Figure 34 Créer une nouvelle personne ou organisation : panneau	30
Figure 35 Créer un nouvel organisme	31
Figure 36 Créer un nouvel organisme (formulaire).....	31
Figure 37 Exporter les organismes personnalisés.....	32
Figure 38 Exporter les organismes personnalisés (boîte de dialogue)	32
Figure 39 Exemple de fichier d'organismes personnalisés	33

Figure 40 Importer les organismes personnalisés	34
Figure 41 Importer les organismes personnalisés (boîte de dialogue).....	34
Figure 42 Résumé des préférences de système	35
Figure 43 Configuration des préférences de système	36
Figure 44 Bandeau supérieur de la page Projets	38
Figure 45 Section Informations générales	39
Figure 46 Imprimer un projet.....	39
Figure 47 Imprimer un projet : choix des sections	40
Figure 48 Importer un autre projet	41
Figure 49 Importer un autre projet : choix de la cible	41
Figure 50 Importer un autre projet : panneau	41
Figure 51 Importer un autre projet : choix des éléments des informations générales.....	42
Figure 52 Importer un autre projet : bandeau d'importation réussie.....	42
Figure 53 Validation du projet	43
Figure 54 Validation du projet sans erreur.....	43
Figure 55 Validation de projet comportant des erreurs ou des avertissements	43
Figure 56 Exporter un projet	44
Figure 57 Exporter un projet : succès	45
Figure 58 Générer un listage des séquences	45
Figure 59 Générer un listage des séquences (boîte de dialogue).....	46
Figure 60 Générer un listage de séquences, échec	46
Figure 61 Identification de la demande.....	47
Figure 62 Identification de la demande : panneau de modification	48
Figure 63 Demande établissant la priorité la plus ancienne	48
Figure 64 Demande établissant la priorité la plus ancienne : panneau de modification.....	49
Figure 65 Ajouter un déposant ou un inventeur existant	49

Figure 66 Ajouter un nouveau déposant ou inventeur.....	50
Figure 67 Ajouter le titre de l'invention.....	50
Figure 68 Créer une nouvelle séquence.....	51
Figure 69 Créer une nouvelle séquence : panneau.....	53
Figure 70 Afficher une séquence	54
Figure 71 Importer une séquence.....	55
Figure 72 Importer une séquence (boîte de dialogue).....	55
Figure 73 Importer une séquence au format ST.25 ou ST.26	56
Figure 74 Importer une séquence au format multiséquence	57
Figure 75 Importer une séquence au format texte brut	57
Figure 76 Insérer une séquence	58
Figure 77 Insérer une séquence : panneau.....	59
Figure 78 Séquence insérée.....	59
Figure 79 Réordonner une séquence	60
Figure 80 Réordonner une séquence : panneau	61
Figure 81 Séquence réordonnée	61
Figure 82 Modifier une séquence	62
Figure 83 Modifier une séquence : afficher la séquence	62
Figure 84 Ajouter une caractéristique	64
Figure 85 Ajouter une caractéristique : zone grisée	65
Figure 86 Lien de l'emplacement de la caractéristique	65
Figure 87 Traitement automatique de la traduction de la caractéristique CDS : cocher pour activer cette fonction.....	66
Figure 88 : Traitement automatique de la traduction de la caractéristique CDS activé	66
Figure 89 : La case Traduction automatique est cochée et la séquence contient un codon d'arrêt inapproprié	67
Figure 90 : Séquence contenant une erreur de vérification concernant un codon d'arrêt inapproprié.....	68

Figure 91 Créer un qualificateur de traduction.....	68
Figure 92 Caractéristique CDS	69
Figure 93 Caractéristique CDS : séquence générée	70
Figure 94 Voir les qualificateurs.....	71
Figure 95 Ajouter ou modifier des qualificateurs	71
Figure 96 Qualificateurs : panneau.....	72
Figure 97 Mettre à jour la caractéristique	74
Figure 98 Rapport de vérification : vue et bouton	75
Figure 99 Rapport de vérification : erreurs	76
Figure 100 Rapport de vérification : aucune erreur	76
Figure 101 Vue Qualificateurs de texte libre.....	77
Figure 102 Exemple de fichier XLIFF valide.....	78
Figure 103 Validation du nom du projet.....	78
Figure 104 Validation des mises en correspondance des qualificateurs.....	79
Figure 105 Validation de la langue source.....	79
Figure 106 Validation de la langue cible	80
Figure 107 Rapport d'importation de qualificateurs de texte libre	80
Figure 108 Vue Rapport d'importation : aucune importation effectuée	81
Figure 109 Rapport d'importation généré	82
Figure 110 Tableau des données modifiées.....	83
Figure 111 Afficher un listage des séquences : listage généré	84
Figure 112 Afficher un listage des séquences : listage non généré	84
Figure 113 Afficher un listage des séquences : fichier HTML	85
Figure 114 Affichage d'un listage des séquences : fichier TXT.....	86
Figure 115 Aide.....	87

1 INTRODUCTION

1.1 APERÇU

WIPO Sequence est un logiciel de bureautique qui permet aux utilisateurs :

- i) **de créer ou modifier un listage des séquences au format XML conforme à la norme ST.26 de l'OMPI;**
- ii) **de vérifier la conformité d'un listage des séquences au format XML par rapport aux exigences de la norme ST.26 de l'OMPI.**

La norme ST.26 de l'OMPI est disponible ici :

<https://www.wipo.int/export/sites/www/standards/fr/pdf/03-26-01.pdf>

Le présent document indique comment un déposant ou son représentant peut utiliser le logiciel WIPO Sequence. La liste complète des fonctionnalités de ce logiciel se trouve dans la section 2 du document.

1.2 CONFIGURATION REQUISE

Le logiciel WIPO Sequence prend en charge les systèmes d'exploitation suivants :

- Windows 10 version 1803 (versions 32 et 64 bits)
- Linux : Ubuntu version 18.04 et CentOS 7 version 1804
- MacOS version 10.13 (version 64 bits)

Outre les versions précitées, le logiciel prend en charge les systèmes d'exploitation suivants :

- Windows 7 et versions ultérieures (32 et 64 bits)
- Ubuntu version 12.04 et ultérieures
- MacOS version 10.9 (version 64 bits)

En termes de matériel, le logiciel WIPO Sequence nécessite la configuration minimale suivante :

- CPU : 1,6 GHz
- RAM : 4 Go
- Espace libre sur le disque dur : 1 Go (de l'espace supplémentaire peut être nécessaire pour stocker les informations relatives aux listages des séquences)
- Résolution de l'écran : 1366x768

1.2.1 Installation

1.2.1.1 Windows

Le fichier d'installation du logiciel WIPO Sequence est le même pour les versions 32 et 64 bits de Windows. L'utilisateur est invité à suivre les étapes proposées par l'assistant d'installation.

Nous devons préciser que les utilisateurs rencontreront des problèmes de performance ou que l'outil ne fonctionnera pas correctement s'ils utilisent la version 32 bits.

Les fichiers de la base de données servant à stocker les informations relatives au projet et le journal du logiciel se trouvent à l'emplacement suivant :

```
C:\Users\\AppData\Roaming\ST26_authoring
```

Lorsque le logiciel est mis à jour ou désinstallé, ces fichiers ne sont pas supprimés afin que les données du projet restent disponibles en cas de réinstallation du logiciel.

1.2.1.2 Linux

WIPO Sequence est fourni dans un fichier de type "ApplImage" (<https://appimage.org/>) qui est compatible avec la plupart des distributions Linux, notamment CentOS et Ubuntu. Pour exécuter le fichier, l'utilisateur peut double-cliquer dessus ou le lancer en ligne de commande.

Au début de l'installation, un message s'affiche pour proposer la création d'un raccourci sur le bureau.

1.2.1.3 OSX

WIPO Sequence dispose d'un fichier "dmg" permettant d'installer le logiciel sur un système d'exploitation MacOS 64 bits. Pour l'installer, l'utilisateur doit double-cliquer sur le fichier et suivre les indications de l'assistant.

Les fichiers de la base de données servant à stocker les informations relatives au projet et le journal du logiciel se trouvent à l'emplacement suivant :

```
/Users/<username>/Library/Application Support/ST26_authoring
```

Lorsque le logiciel est mis à jour ou désinstallé, ces fichiers ne sont pas supprimés afin que les données du projet restent disponibles en cas de réinstallation du logiciel.

1.2.1.4 Installation silencieuse

WIPO Sequence permet une installation silencieuse grâce à l'utilisation de repères durant l'installation (avec le fichier d'installation .exe) :

- /S : pour lancer l'installation silencieuse
- /allusers : pour installer l'outil afin qu'il soit disponible pour tous les utilisateurs Windows sur une machine de bureau (ce lancement doit être effectué lorsque l'on est connecté en tant qu'utilisateur administrateur).

1.2.2 Désinstallation

1.2.2.1 Windows

WIPO Sequence dispose d'un assistant de désinstallation qui peut être lancé depuis l'option "Ajouter ou supprimer des programmes" de Windows.

Pour supprimer complètement les fichiers du journal et les fichiers servant à stocker les informations relatives aux projets, il faut effacer le dossier suivant :

```
C:\Users\\AppData\Roaming\ST26_authoring
```

1.2.2.2 Linux

La suppression du fichier Linux "Applmage" entraîne la désinstallation du logiciel. En outre, on peut retirer le nom du logiciel dans le menu en supprimant le fichier local situé à l'emplacement suivant :

```
$ HOME/. local/share/applications/.
```

Pour supprimer complètement les fichiers du journal et les fichiers servant à stocker les informations relatives aux projets, il faut effacer le dossier suivant :

```
/Users/<username>/. config/ST26_authoring
```

1.2.2.3 OSX

Le logiciel peut être supprimé à partir du Finder sous OSX, dans la section Applications.

Pour supprimer complètement les fichiers du journal et les fichiers servant à stocker les informations relatives aux projets, il faut effacer le dossier suivant :

```
/Users/<username>/Library/Application Support/ST26_authoring
```

1.2.3 Processus de mise à jour automatique

Une fois lancé, le logiciel vérifie si des mises à jour sont disponibles; si tel est le cas, il demande à l'utilisateur de télécharger et d'installer la nouvelle version.

Note :

Pour que le processus de mise à jour automatique puisse s'exécuter, l'ordinateur doit être connecté à l'Internet et le logiciel doit être autorisé à accéder au site Web de l'OMPI par le protocole HTTP. Veuillez également noter qu'aucune information n'est envoyée par l'utilisateur au serveur de mise à jour de l'OMPI.

2 FONCTIONNALITES DU LOGICIEL

On trouvera dans la présente section l'ensemble des fonctionnalités disponibles dans la version actuelle du logiciel, soit la version 1.0.0. La liste des fonctionnalités est présentée ci-après dans l'ordre alphabétique des termes en anglais.

ID	Fonctionnalité
1	Ajouter le nom et la description d'un organisme personnalisé à la liste des noms d'organisme du système
2	Ajouter un titre d'invention et le code de langue correspondant à un projet
3	Ajouter une information relative à une demande (qu'il s'agisse de la demande en cours ou d'une demande antérieure) dans un projet
4	Ajouter des informations de caractéristiques à une séquence
5	Ajouter une caractéristique source et ses qualificateurs obligatoires à une séquence
6	Ajouter de nouveaux noms d'organisme à la liste des noms d'organisme stockée dans ce système
7	Ajouter des informations de qualificateurs à une caractéristique
8	Ajouter des informations générales de listage des séquences à un projet
9	Ajouter un nom de séquence à une séquence choisie
10	Modifier l'ordre d'apparition des séquences dans le listage des séquences généré
11	Créer un espace de travail pour stocker les données concernant un listage des séquences
12	Créer une instance de la structure des données sur les séquences et donner à ses attributs les valeurs figurant dans le nœud XML de données sur les séquences ST.26 qui a été reçu en entrée
13	Créer et insérer une séquence à une autre position du listage
14	Créer un qualificateur de traduction pour une caractéristique CDS et la séquence traduite qui lui est associée
15	Créer un nouveau nom de personne ou d'organisation

16	Supprimer une séquence
17	Afficher le listage des séquences généré
18	Afficher les données modifiées après importation d'une séquence
19	Modifier les attributs d'une instance de la structure des données d'un "Qualificateur"
20	Modifier les attributs d'un projet
21	Modifier les attributs d'une séquence
22	Modifier les attributs d'une instance de la structure des données d'une "Caractéristique"
23	Activer ou désactiver certaines règles de vérification
24	Exporter des qualificateurs de texte libre à des fins de traduction dans un format XLIFF
25	Exporter toutes les données stockées dans un projet pour qu'elles puissent être ultérieurement importées dans la même instance ou dans une instance différente du système
26	Exporter les listes des noms d'organismes personnalisés vers un fichier pour pouvoir ultérieurement importer celui-ci dans une instance différente du système
27	Exporter le listage des séquences généré dans un format déchiffrable par l'homme (.html et .txt)
28	Générer un listage des séquences
29	Importer une liste des noms d'organismes personnalisés à partir d'un fichier
30	Importer toutes les données stockées dans un fichier de projet
31	Importer des données d'un fichier de listage des séquences conforme à la norme ST.25 dans un projet venant d'être créé
32	Importer des données d'un fichier de listage des séquences conforme à la norme ST.26 dans un projet venant d'être créé
33	Importer des données à partir d'un fichier FASTA dans un projet existant
34	Importer plusieurs séquences d'un fichier en une seule fois

35	Importer dans le projet en cours (projet cible) les données d'un autre projet (projet source)
36	Analyser une séquence de format multiséquence et vérifier que les quatre parties ont été renvoyées (nom de la séquence, type de molécule, organisme et résidus)
37	Imprimer les données du projet ou le listage des séquences ST.26 généré
38	Fournir des informations sur l'emplacement d'une caractéristique choisie
39	Fournir au système une chaîne de résidus contenant des symboles invalides et vérifier que les résidus du processus ont été reformatés
40	Enregistrer des données modifiées par une importation pour que les données originales et les données modifiées puissent être affichées après l'importation
41	Retirer du projet toutes les données associées à une séquence et renuméroter les séquences restantes en conséquence
42	Donner à l'attribut "INSDQualifierMolType" d'une séquence l'une des valeurs prédéfinies
43	Définir et stocker les préférences du système (nombre maximal de symboles de résidus à afficher par ligne, etc.)
44	Stocker les informations de système concernant un déposant ou un inventeur (par exemple le nom, le code de langue correspondant et sa traduction ou translittération en caractères latins (le cas échéant), l'adresse, etc.) pour qu'elles puissent être utilisées par la suite dans différents projets
45	Traduire la séquence d'acides nucléiques selon le tableau de codes génétiques dont le numéro est indiqué
46	Vérifier un fichier contenant un listage des séquences ST.26 et recenser les problèmes dans un rapport de vérification contenant des messages d'avertissement et d'erreur
47	Vérifier les données stockées dans un projet et recenser les problèmes dans un rapport de vérification contenant des messages d'avertissement et d'erreur

3 APERÇU DU LOGICIEL

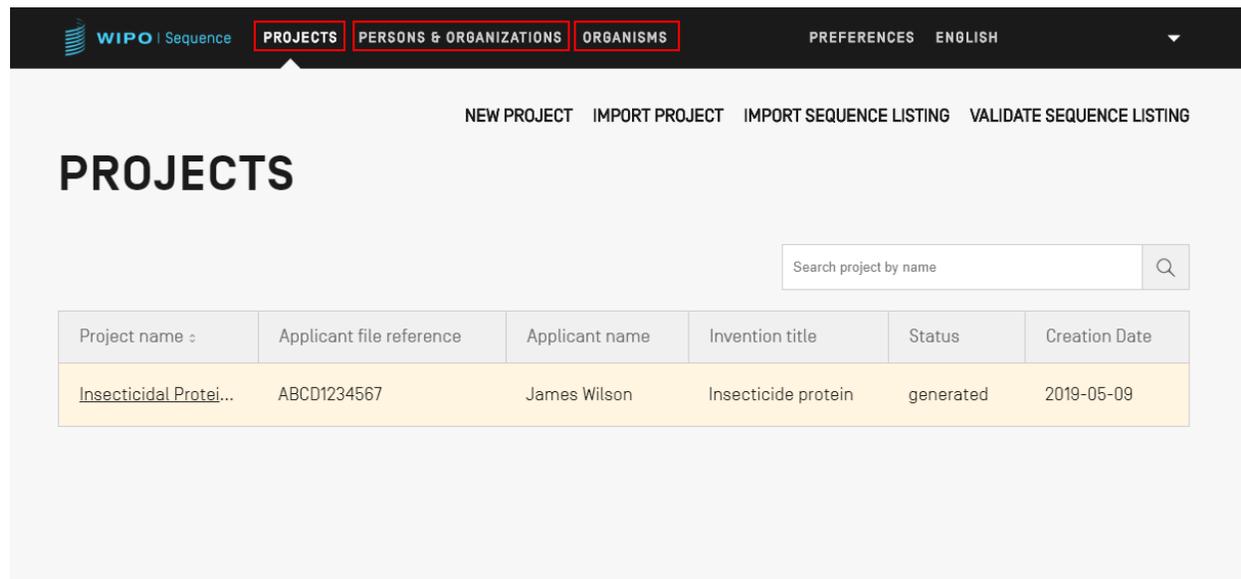
3.1 PRINCIPAUX ELEMENTS DU LOGICIEL

La présente section contient une description détaillée des principaux éléments du logiciel. Elle vise ainsi à familiariser l'utilisateur avec les composantes courantes de celui-ci.

3.1.1 Page

La page est le principal espace d'affichage du logiciel. Il existe deux pages d'affichage principales :

- Page principale
 - Vue de la liste de projets
 - Vue des personnes et des organisations
 - Vue des organismes personnalisés
 - Vue des préférences
- Page Projets (accessible depuis la vue Projets)
 - Vue détaillée du projet
 - Vue du rapport de vérification
 - Vue des qualificateurs de texte libre
 - Vue du rapport d'importation
 - Vue sur l'affichage du listage des séquences



The screenshot shows the main interface of the WIPO Sequence application. At the top, there is a dark navigation bar with the WIPO logo and the text 'WIPO | Sequence'. To the right of the logo are three menu items: 'PROJECTS', 'PERSONS & ORGANIZATIONS', and 'ORGANISMS', each enclosed in a red box. Further right are 'PREFERENCES' and 'ENGLISH' with a dropdown arrow. Below this is a sub-navigation bar with the following links: 'NEW PROJECT', 'IMPORT PROJECT', 'IMPORT SEQUENCE LISTING', and 'VALIDATE SEQUENCE LISTING'. The main heading is 'PROJECTS'. Below the heading is a search bar with the placeholder text 'Search project by name' and a magnifying glass icon. Underneath the search bar is a table with the following data:

Project name	Applicant file reference	Applicant name	Invention title	Status	Creation Date
Insecticidal Protei...	ABCD1234567	James Wilson	Insecticide protein	generated	2019-05-09

Figure 1 Page principale

3.1.2 Vue

Les différents groupes d'informations affichés sur une même page sont appelés des vues.

3.1.3 Sections

Certaines vues ont des sections. Les sections offrent un moyen pratique de distinguer les différentes parties d'une vue contenant beaucoup d'informations.

WIPO | ST26 Tool PROJECT_TITLE VERIFICATION REPORT FREE TEXT QUALIFIERS IMPORT REPORT DISPLAY THE SEQUENCE LISTING PREFERENCES ENGLISH Back To List

1 GENERAL INFORMATION SEQUENCES

PROJECT_TITLE

Print Export Validate Generate Sequence Listing

Project Name project_title	Creation date 2019-02-18
File Name	Sequences 2
Description How to create a new project	Status new

2 GENERAL INFORMATION

2 SEQUENCES

3 ↑

Figure 2 Vue détaillée du projet

Dans la vue détaillée d'un projet, qui est illustrée dans la Figure 2, se trouvent deux sections qui peuvent être développées ou réduites : Informations générales et Séquences. En haut de cette vue, deux liens permettent d'atteindre la section correspondante (1); chaque section peut être développée ou réduite (comme l'indique le petit triangle à gauche) pour faciliter la navigation (2); l'utilisateur peut cliquer sur l'icône en forme de flèche pour remonter en haut de la vue détaillée du projet (3).

3.1.4 Zone grisée

Lorsqu'un panneau doit être rempli ou modifié, une zone grisée apparaît parfois par-dessus la vue en cours, assombrissant une partie de la page comme l'illustre la capture d'écran présentée ci-dessous dans la Figure 3.

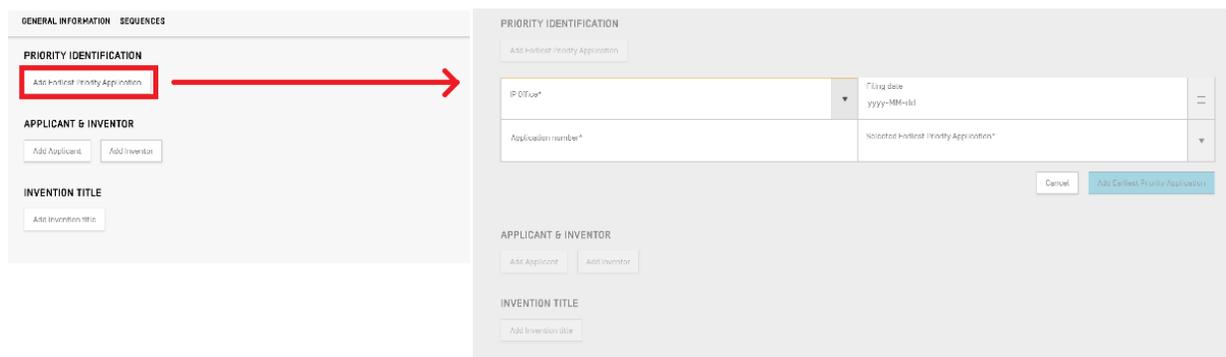


Figure 3 Zone grisée

Lorsque cette zone grisée est visible, tous les éléments qui se trouvent dessous sont désactivés, et seuls les éléments affichés en clair sont modifiables.

3.1.5 Tableaux

Name	Language Code	Name Latin	Residence Address	Correspondence Address
הילה בן אברהם	he - Hebrew	Hila Ben Avraham		
Juan Rodriguez Garcia	es - Spanish; Castilian		Spain, Valencia, Calle Cardenal ...	Spain, Valencia, Calle Cardenal ...
John Smith	en - English		England, Leeds, Eden Mount, 26	England, Leeds, Eden Mount

Figure 4 Tableaux

On trouvera un exemple de tableau dans la

Figure 4. Lorsqu'il est possible d'effectuer une recherche dans le tableau, l'utilisateur peut saisir des données à rechercher et cliquer sur l'icône de recherche à droite du champ de recherche (1). Pour revenir à la liste complète des éléments du tableau, vider le champ de recherche et cliquer sur l'icône de recherche (1).

L'utilisateur peut naviguer parmi les différentes pages du tableau en cliquant sur les boutons situés en bas du tableau, lorsque toutes les entrées ne tiennent pas sur une seule page (2). Pour

supprimer une entrée d'un tableau, cliquer sur l'icône représentant une poubelle à droite de la ligne correspondante (3). Pour ouvrir la vue permettant de modifier une entrée, cliquer sur l'élément souligné de la ligne (le soulignement indique que l'élément est cliquable) (4).

Name :	Language Code :	Name Latin :	Residence Address :	Correspondence Address :
<u>הילה בן אברהם</u>	he - Hebrew	Hila Ben Avraham		
Juan Rodriguez Garcia	es - Spanish; Castilian		Spain, Valencia, Calle Cardena...	Spain, Valencia, Calle Carde
John Smith	en - English		England, Leeds, Eden Mount, 26	England, Leeds, Eden Moun

Name*	Residence Address
Juan Rodriguez Garcia	Spain, Valencia, Calle Cardenal Benlloch, 10
Language*	Correspondence Address
es - Spanish; Castilian	Spain, Valencia, Calle Cardenal Benlloch, 10
Name Latin	

Cancel Save

Figure 5 Modification d'un tableau

Une fois que cette entrée a été choisie, une zone grisée recouvre l'écran et un panneau modifiable s'ouvre au-dessous du tableau.

3.1.6 Vues en panneau

Les vues en panneau affichent un groupe de données. Leurs éléments peuvent être répartis sur plusieurs colonnes. Chaque élément comporte une étiquette et une valeur (facultative).

▼ **GENERAL INFORMATION**

APPLICATION IDENTIFICATION

Application Identified Before the assignment of the application number	IP Office GB - United Kingdom	1 ✎
Application filed	Application number 98968268463829	
	Filing date 2019-02-21	

Figure 6 Vue en panneau

Comme le montre la Figure 6, lorsqu'on clique sur le bouton représentant un crayon (1) dans la vue en panneau, celle-ci est remplacée par un panneau de modification.

3.1.7 Panneau de modification

Une fois le panneau de modification ouvert, les champs pouvant être modifiés sont présentés à l'utilisateur. Lorsque celui-ci a fini de modifier les valeurs, il peut soit sauvegarder les modifications effectuées, soit les ignorer en cliquant respectivement sur les boutons "Save" (Sauvegarder) (1) ou "Cancel" (Annuler) (2) (voir Figure 7).

Note :

Les champs qui sont uniquement destinés à être vus et ne sont pas modifiables apparaissent en grisé.

▼ GENERAL INFORMATION

APPLICATION IDENTIFICATION

IP Office GB	
Application Identification* <input checked="" type="radio"/> Before the assignment of the application number <input type="radio"/> After the assignment of the application number	Applicant file reference* ABC1234 <small>Application File Reference is a mandatory field when 'Before the assignment of the application number' is provided.</small>
Application number 98968268463829	Filing date 2019-02-21

Cancel (2) Save (1)

Figure 7 Panneau de modification

3.1.8 Sélecteur de date

Chaque fois qu'un utilisateur doit saisir une date, il doit utiliser le sélecteur de date. En cliquant sur l'icône en forme de calendrier (1), il ouvre ce sélecteur (2), comme l'illustre la Figure 8.

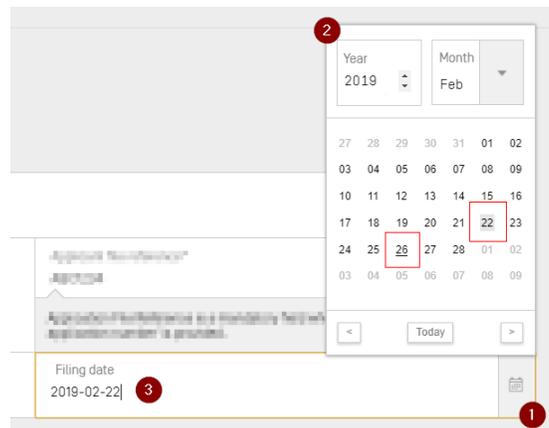


Figure 8 Sélecteur de date

La date actuellement sélectionnée est affichée sur un fond gris (22), et la date du jour de l'utilisation est indiquée en souligné noir (26). Le premier jour de la semaine est le dimanche.

L'utilisateur peut aussi simplement saisir la date souhaitée au format adéquat ("AAAA-MM-JJ") (3).

3.2 LECTEUR DE PDF

Lorsqu'un utilisateur imprime un rapport de vérification concernant un listage des séquences particulier, ou un rapport d'importation, ou encore des informations sur un projet, un fichier PDF est généré, puis il est ouvert dans un lecteur de PDF. Pour télécharger ce fichier et l'enregistrer, l'utilisateur doit cliquer sur l'icône de téléchargement en haut et à droite de ce lecteur (1), comme le montre la Figure 9.



Figure 9 Lecteur de PDF

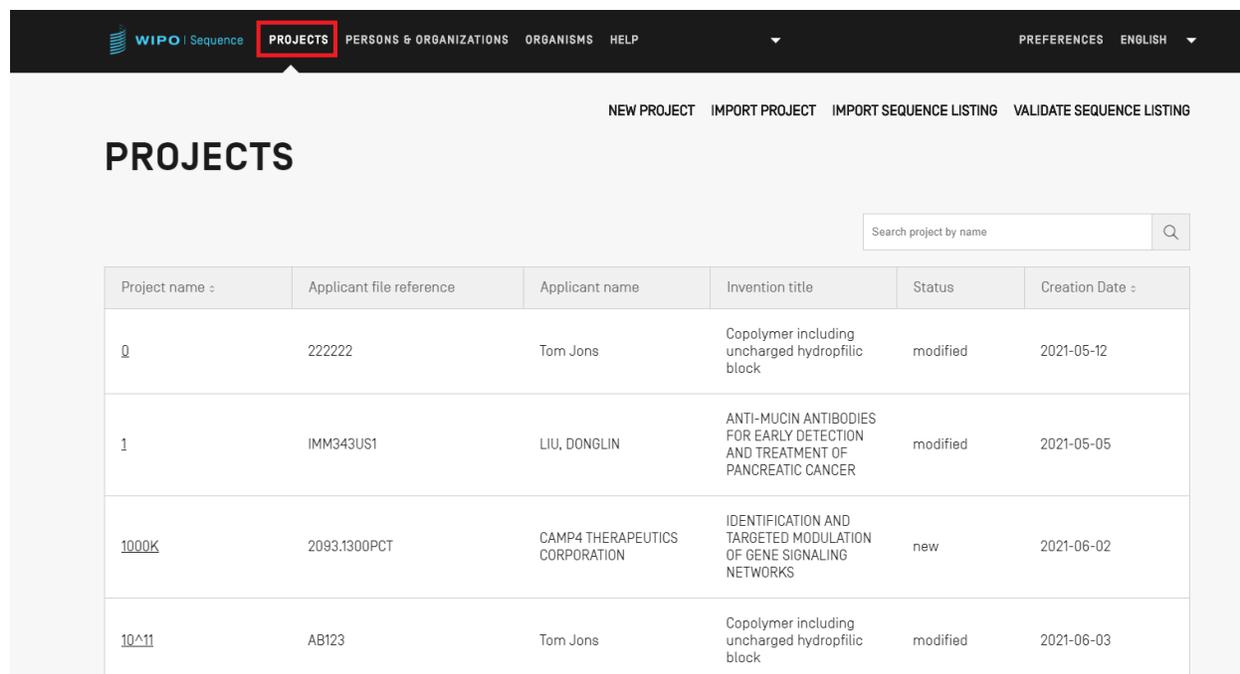
3.3 NAVIGATION AU CLAVIER

WIPO Sequence prend en charge la navigation au clavier de base. La touche "TAB" est utilisée pour naviguer entre les éléments et la touche "ESPACE" permet de sélectionner un élément.

4 PAGE PRINCIPALE

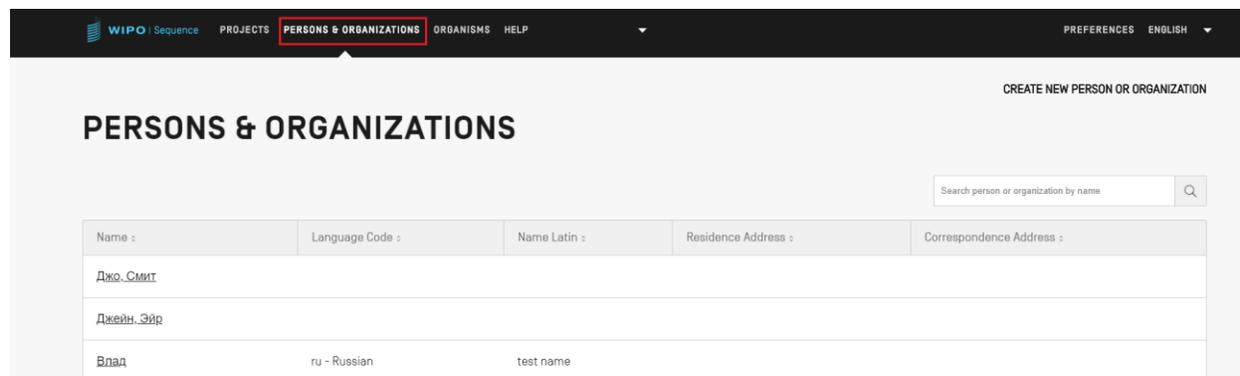
La page principale du logiciel comporte trois vues principales :

La vue **“Projects”** (Projets) (Figure 10), la vue **“Persons & Organizations”** (Personnes et organisations) (Figure 11) et la vue **“Organisms”** (Organismes) (Figure 12).



Project name :	Applicant file reference	Applicant name	Invention title	Status	Creation Date :
Q	222222	Tom Jons	Copolymer including uncharged hydrophilic block	modified	2021-05-12
1	IMM343US1	LIU, DONGLIN	ANTI-MUCIN ANTIBODIES FOR EARLY DETECTION AND TREATMENT OF PANCREATIC CANCER	modified	2021-05-05
1000K	2093.1300PCT	CAMP4 THERAPEUTICS CORPORATION	IDENTIFICATION AND TARGETED MODULATION OF GENE SIGNALING NETWORKS	new	2021-06-02
10^11	AB123	Tom Jons	Copolymer including uncharged hydrophilic block	modified	2021-06-03

Figure 10 Vue Projets



Name :	Language Code :	Name Latin :	Residence Address :	Correspondence Address :
Джо_Смит				
Джейн_Эйр				
Влад	ru - Russian	test name		

Figure 11 Vue Personnes et organisations

WIPO | Sequence PROJECTS PERSONS & ORGANIZATIONS **ORGANISMS** HELP

EXPORT CUSTOM ORGANISMS IMPORT CUSTOM ORGANISMS CREATE NEW ORGANISM

ORGANISMS

Search organism by name

Name :	Description
test_organism	
Demo Organism	
B	bbb
A	aaa

1

Figure 12 Vue Organismes

4.1 VUE PROJETS

On trouvera dans la présente section une description détaillée des différentes options disponibles dans la vue Projets.

Un projet est la structure objet employée par le logiciel pour stocker les données nécessaires à la génération des listages des séquences. Le logiciel utilise les données stockées dans le projet, une fois que la conformité de ces données à la norme ST.26 de l'OMPI a été validée, pour alimenter les valeurs du listage des séquences généré.

4.1.1 Créer un projet

Pour créer un nouveau projet, l'utilisateur doit partir de la vue Projets initiale (voir Figure 13).

WIPO | Sequence PROJECTS PERSONS & ORGANIZATIONS ORGANISMS HELP

NEW PROJECT IMPORT PROJECT IMPORT SEQUENCE LISTING VALIDATE SEQUENCE LISTING

PROJECTS

Search project by name

Project name :	Applicant file reference	Applicant name	Invention title	Status	Creation Date :
----------------	--------------------------	----------------	-----------------	--------	-----------------

Figure 13 Nouveau projet (a)

- 1) Cliquer sur le lien “NEW PROJECT” (NOUVEAU PROJET) en haut de la vue illustrée dans la Figure 13. Dans la vue suivante, le logiciel va demander un nom (“Name”, obligatoire) et une description (facultative).

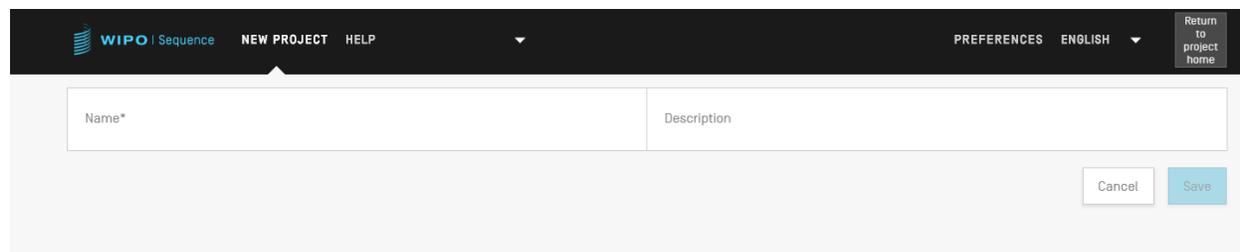
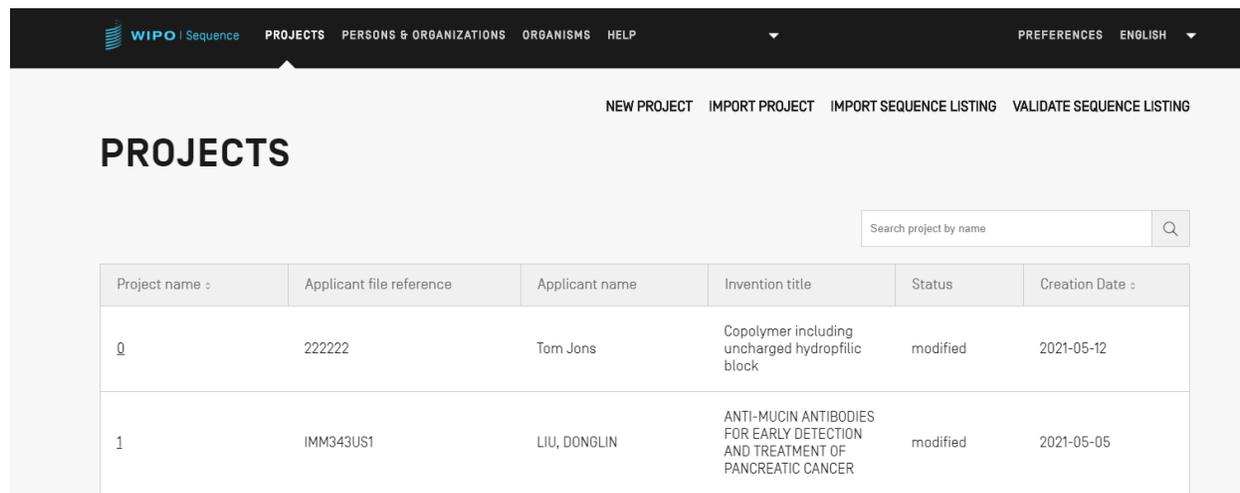


Figure 14 Nouveau projet (b)

- 2) Lorsque le champ de nom est renseigné, le bouton “Save” (Sauvegarder) devient actif et permet à l'utilisateur d'enregistrer le nouveau projet. La liste des projets contenant ce nouveau projet est illustrée dans la Figure 15.



Project name	Applicant file reference	Applicant name	Invention title	Status	Creation Date
0	222222	Tom Jons	Copolymer including uncharged hydrophilic block	modified	2021-05-12
1	IMM343US1	LIU, DONGLIN	ANTI-MUCIN ANTIBODIES FOR EARLY DETECTION AND TREATMENT OF PANCREATIC CANCER	modified	2021-05-05

Figure 15 Nouveau projet (c)

4.1.2 Importer un projet

Cette fonctionnalité permet d'importer dans le logiciel un projet précédemment exporté de la manière présentée dans la section **5.1.1.4 Exporter un projet**. Pour importer un fichier de projet, l'utilisateur doit commencer par afficher la vue sur la liste des projets.

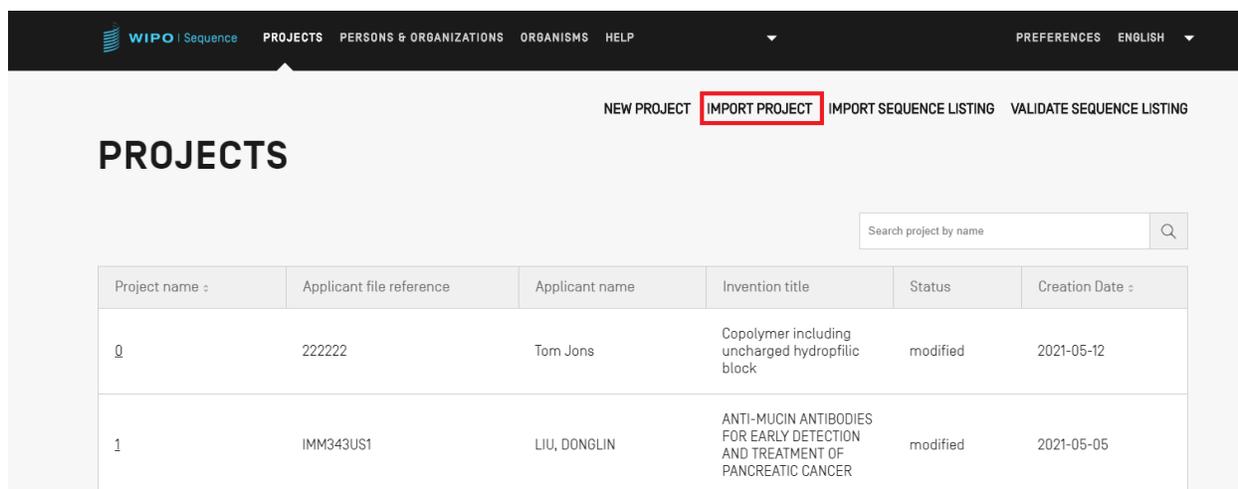


Figure 16 Importer un projet

- 1) Cliquer sur le lien “IMPORT PROJECT” (IMPORTER UN PROJET) en haut de la vue comme le montre la Figure 17.

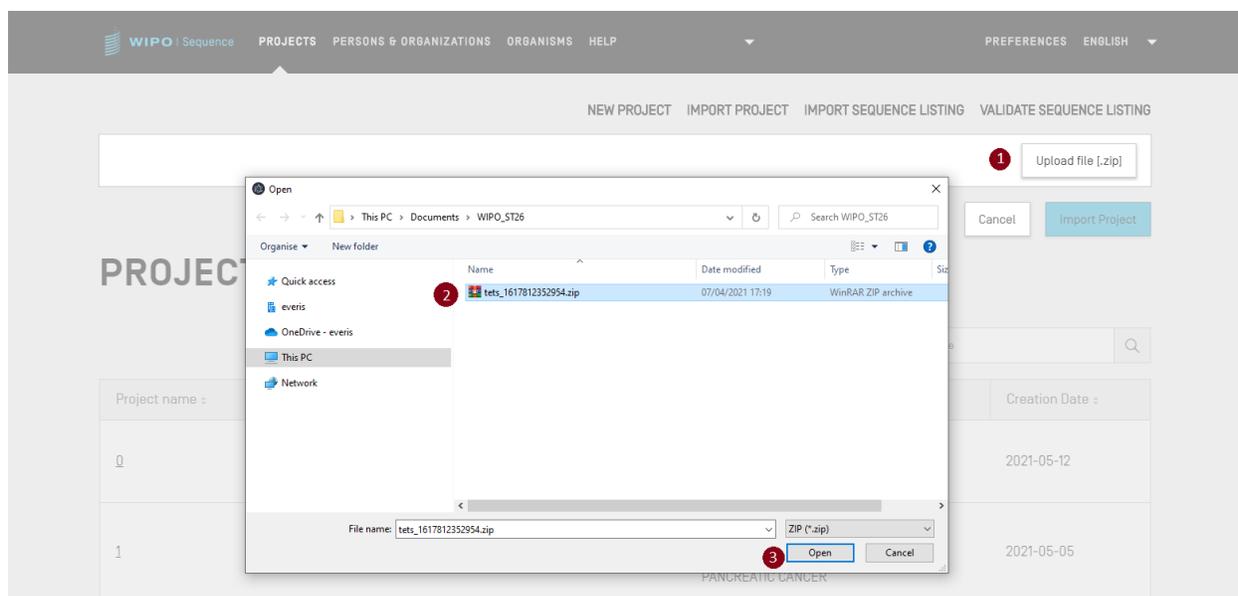


Figure 17 Importer un projet (boîte de dialogue)

- 2) Dans la zone grisée illustrée dans la Figure 17, cliquer sur le bouton “Upload file [.zip]” (Télécharger un fichier [.zip]) (1).
- 3) Dans la boîte de dialogue qui s’ouvre, sélectionner le fichier de projet à importer (2 et 3).

2008_1617871543027.zip Upload file [.zip]

1 Select Range of Sequence IDs

Sequence Number [ID]	Position
1	
2	

2

3

Use ", " to separate your ids selection, to select a range use "-" between the ids

Figure 18 Importer un projet : choix des séquences

- 4) Si la case “Select Range Sequences” (Choisir une fourchette de séquences) reste non cochée, toutes les séquences seront importées. Si l'utilisateur souhaite choisir des séquences particulières à importer dans le projet, il doit cocher cette case **(1)** et saisir le numéro d'identifiant (ID) des séquences souhaitées dans le champ pertinent **(2)** comme le montre la Figure 19. Il peut saisir une seule séquence, ou un listage de séquences en les séparant par une virgule, ou encore une fourchette de séquences sous la forme x-y.

Exemple : “1, 3, 7, 13-20, 30-50”

- 5) L'étape finale consiste à cliquer sur le bouton bleu intitulé “Import Project” (Importer le projet) **(3)**, comme le montre la Figure 19.

Si l'importation du projet réussit, le bandeau bleu et le message illustrés ci-dessous apparaissent en haut de la vue.

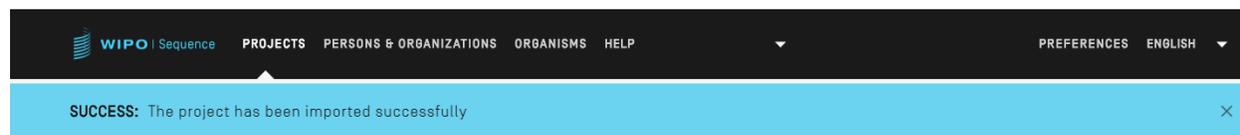


Figure 19 Importer un projet : bandeau

Problème connu : le système génère un grand nombre d'erreurs inattendues lors de l'importation du projet, mais la nature de ces erreurs n'est pas très claire. Il est possible qu'il n'y ait pas d'erreur

au niveau du code, mais cette erreur est la plupart du temps due à l'outil qui se bloque. Il est suggéré d'ajouter un message "Veuillez réessayer".

4.1.3 Importer un listage des séquences

À partir de la vue Projets, l'utilisateur ne peut importer que des informations issues d'un listage des séquences conforme à la norme ST.26 **ou** ST.25. Les formats de chacun de ces fichiers doivent être *.xml pour les fichiers ST.26 et *.txt pour les fichiers ST.25.

- 1) Commencer par cliquer sur le bouton "IMPORT SEQUENCE LISTING" (IMPORTER UN LISTAGE DES SÉQUENCES) en haut de la vue illustrée dans la Figure 20.

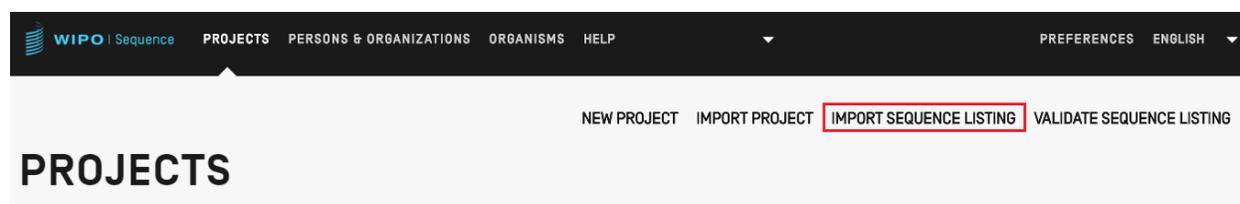


Figure 20 Importer un listage des séquences

- 2) Dans la zone grisée qui s'ouvre, cliquer sur le bouton "Upload file ST.25 [.txt] or ST.26 [.xml]" (Télécharger un fichier ST.25 [.txt] ou ST.26 [.xml]) (1), et choisir le fichier de listage des séquences souhaité dans la boîte de dialogue qui s'est ouverte (2). Puis saisir le nom du nouveau projet en cours de création dans le champ "Project Name" (Nom du projet) (3).

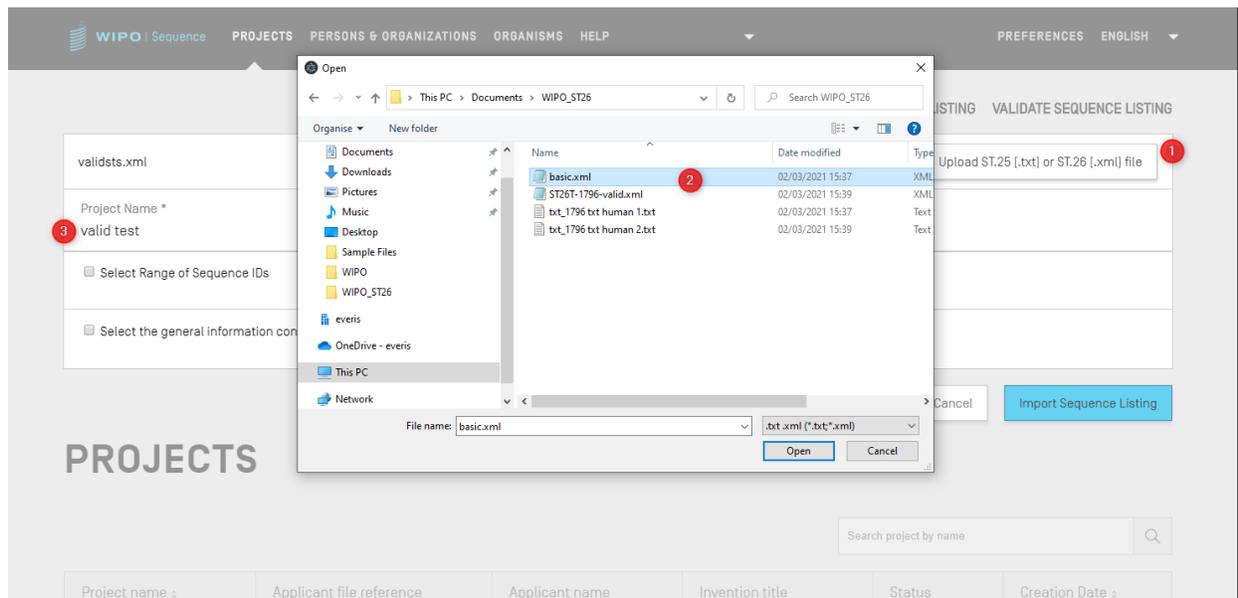


Figure 21 Importer un listing des séquences (boîte de dialogue)

Deux cases à cocher principales, qui sont illustrées dans la Figure 22, permettent à l'utilisateur de préciser les sections à importer dans le nouveau projet : "Select Range Sequences" (Choisir la fourchette de séquences) et "Select the general information contents to be imported" (Choisir les informations générales à importer).

validation_testing_app2.xml Upload ST.25 [.txt] or ST.26 [.xml] file

Project Name
Insecticidal Protein Project

Select Range Sequences

Sequence Number [ID]	Position
[1]	1
[2]	2
[3]	3

Select range Sequence ID Numbers (Empty is All)

Use ",", to separate yours ids selection, to select a range use "-" between the ids

Select the general information contents to be imported

Cancel Import Sequence Listing

Figure 22 Importer un listage des séquences : choisir la fourchette de séquences

La première case à cocher permet à l'utilisateur d'indiquer les séquences particulières qu'il souhaite importer à partir du listage des séquences. Il peut saisir une ou plusieurs séquences, ou un listage de séquences séparées par une virgule, ou encore une fourchette de séquences sous la forme x-y.

Exemple : "1, 3, 7, 13-20, 30-50"

Le tableau illustré dans la Figure 22 comporte deux colonnes : la première, intitulée "Sequence Number [ID]", indique le numéro de la séquence, qui permet d'identifier celle-ci, et la seconde indique la "position" à laquelle la séquence apparaît dans le listage.

<input checked="" type="checkbox"/>	Element	Origin Element Value	Target Element Value
<input checked="" type="checkbox"/>	Application Identification		IP Office = GB Application number = 34892756 Filing date = 2019-05-02
<input checked="" type="checkbox"/>	Applicant File Reference		Applicant file reference = ABCD1234567
<input checked="" type="checkbox"/>	Earliest Priority Application Identification		IP Office = GB Application number = 128432643875345 Filing date = 2019-05-01
<input checked="" type="checkbox"/>	Applicant Name		Name = James Wilson
<input checked="" type="checkbox"/>	Invention Title Bag		Invention title = Insecticide protein, Language code = en

The data for the selected attributes will be overwritten

Cancel Import Project

Figure 23 Importer un listage des séquences : choisir les informations générales

Le fait de cocher la seconde case permet d'afficher une liste de cases à cocher supplémentaires, grâce auxquelles l'utilisateur peut choisir une par une les propriétés à importer ou à ignorer, comme le montre la Figure 23.

- 3) Enfin, cliquer sur le bouton "Import Project" (Importer le projet) pour créer le nouveau projet.

Si le listage des séquences a été importé correctement, le tableau "Change Data" (Données modifiées) illustré dans la Figure 24 s'affiche automatiquement pour informer l'utilisateur des modifications apportées de manière automatique pendant l'importation aux données du listage des séquences qui sont au format ST.25, multiséquence ou brut pour les adapter aux exigences de la norme ST.26.

Import Report Print Report

Change Data

Origin Tag	Origin Element Name	Origin Element Value	Target Element Name	Target Element Value	Transformation	Sequence ID Number
INSDQualifier	ID		Qualifier ID	q1	The qualifier ID was created since one was not specified.	1

« ‹ 1 › »

Figure 24 Importer un listing des séquences : données modifiées

Si le fichier était au format ST.25, la vue “Import Review” (Rapport d’importation) contient tout d’abord un tableau présentant ce rapport d’importation, puis le tableau des données modifiées. On trouvera un exemple de rapport sur les données modifiées dans la Figure 24 et un exemple de rapport d’importation dans la Figure 25.

Import Report 1 Print Report

Import Report Messages

Type of Note	Data Element	Message Text	Detected Sequence
Global		Mandatory features source/SOURCE have been automatically created with the exception of intentionally skipped sequences.	
Global	<222>	The following transformations have been applied to the location values: removed parentheses, replaced '-' and '...' with '.', and simplified all single residue locations, e.g. '[5].[5]' replaced by '5'.	
Global	<221>	Mandatory features source/SOURCE have been automatically created with the exception of intentionally skipped sequences.	

Figure 25 Importer un listing des séquences : rapport d’importation

À ce stade, l'utilisateur peut revenir à la vue Projets (2) ou imprimer un rapport sur ces modifications au format PDF (1) (voir Figure 25).

Pour télécharger le fichier PDF, se reporter aux instructions figurant dans la section **2.2**.

Inversement, le processus d'importation peut échouer si le fichier de listage des séquences contient des erreurs. Dans ce cas, après avoir tenté une importation, l'utilisateur sera averti par un bandeau rouge indiquant qu'une erreur est survenue pendant l'importation (voir Figure 26).

The screenshot shows the WIPO Sequence web interface. At the top, there is a navigation bar with 'WIPO | Sequence' and menu items: 'PROJECTS', 'PERSONS & ORGANIZATIONS', 'ORGANISMS', 'HELP', 'PREFERENCES', and 'ENGLISH'. Below the navigation bar, a red error banner displays the message: 'ERROR: An error occurred while importing the ST.25 sequence listing.' with a close button (X). Underneath, there are navigation links: 'NEW PROJECT', 'IMPORT PROJECT', 'IMPORT SEQUENCE LISTING', and 'VALIDATE SEQUENCE LISTING'. The main heading is 'PROJECTS'. A search box labeled 'Search project by name' is present. Below the search box is a table with the following data:

Project name :	Applicant file reference	Applicant name	Invention title	Status	Creation Date :
qv_42_xqv_42	AB123	Tom Jons	Copolymer including uncharged hydrophilic block	new	2021-07-07

Figure 26 Importer un listage des séquences ST.26 : rapport d'importation

Veillez **noter** que lors de l'importation d'un listage des séquences, les fichiers ST.26 doivent respecter les critères suivants :

- Le fichier doit être codé en UTF-8 et doit contenir des caractères conformes à la spécification XML 1.0¹
- Le fichier doit contenir la ligne DOCTYPE suivante :

```
<!DOCTYPE ST26SequenceListing PUBLIC "-//WIPO//DTD Sequence Listing 1.3//EN"
"ST26SequenceListing_V1_3.dtd">
```

- L'attribut dtdVersion doit être conforme à la version de la DTD :

```
<ST26SequenceListing dtdVersion="V1_3"...
```

- Le fichier doit être conforme au fichier DTD intitulé ST26SequenceListing_V1_3.dtd.

¹ Voir <https://www.w3.org/TR/2006/REC-xml-20060816/Overview.html#charsets>.

4.1.4 Valider le listage des séquences

L'utilisateur peut valider un fichier de listage des séquences ST.26 en cliquant sur le bouton "VALIDATE SEQUENCE LISTING" (VALIDER LE LISTAGE DES SÉQUENCES) en haut et à droite de la vue Projets, comme l'illustre la Figure 27.

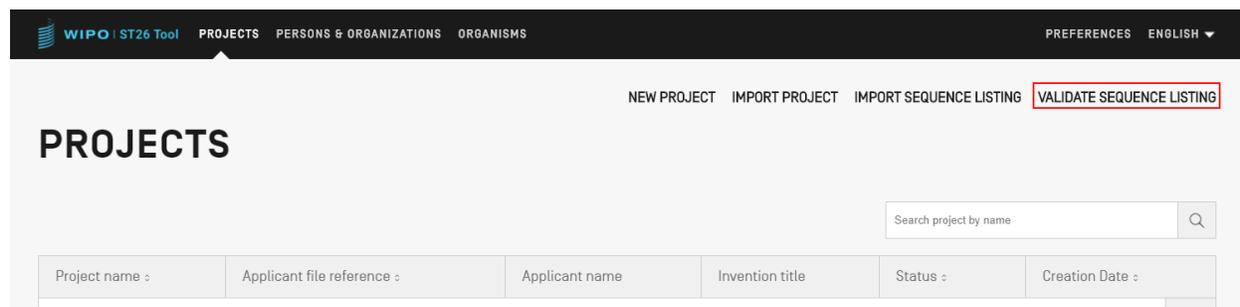


Figure 27 Valider le listage des séquences

Il peut ensuite cliquer sur le bouton "Upload file ST.26 [.xml]" (Télécharger un fichier ST.26 [.xml]) (1), puis choisir le fichier dans la boîte de dialogue (2).

Enfin, il doit cliquer sur le bouton "Validate Sequence Listing" (Valider le listage des séquences) (voir Figure 28) (3).

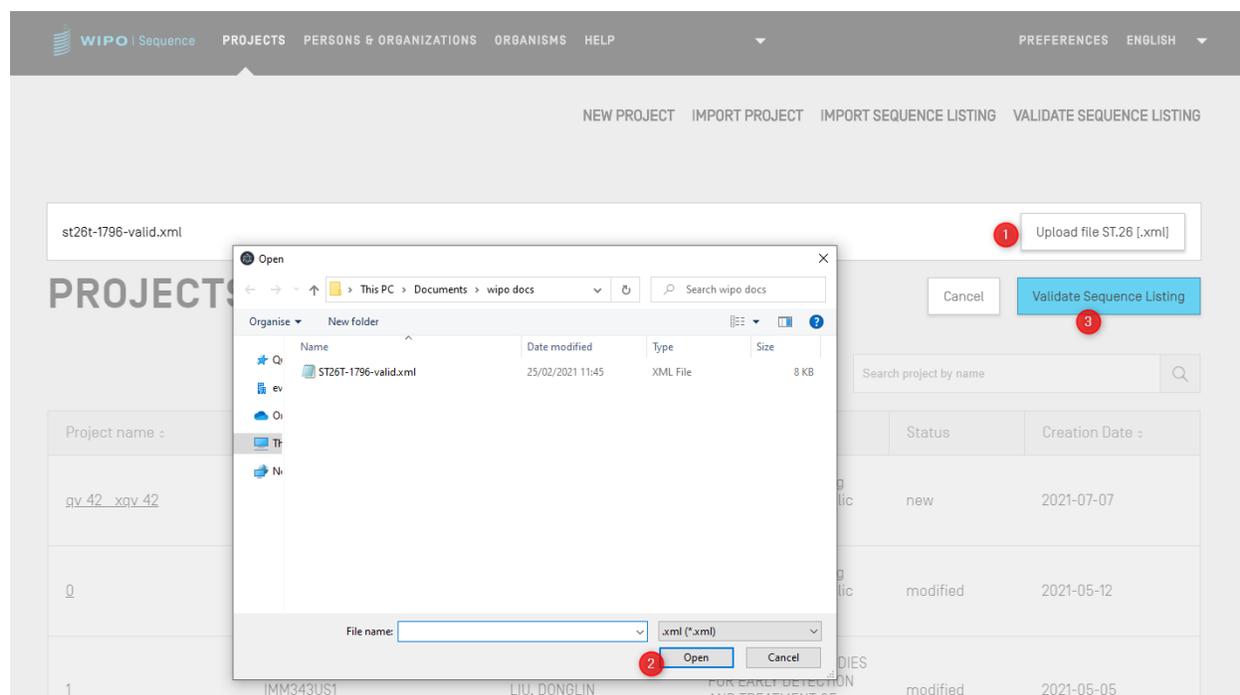


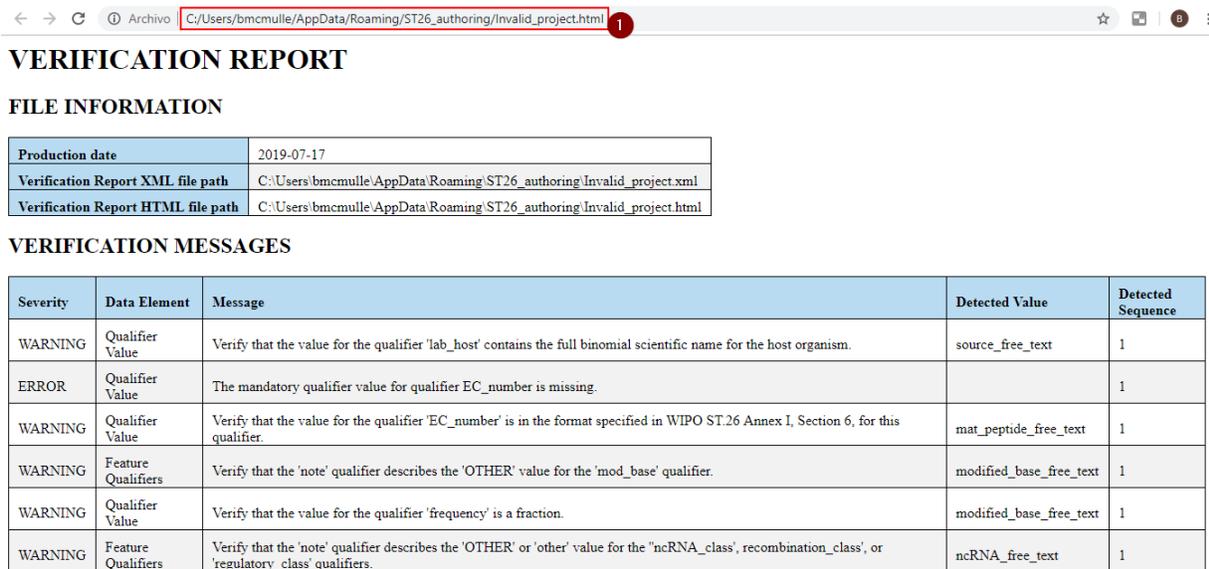
Figure 28 Valider le listage des séquences (boîte de dialogue)

Si le listage des séquences est validé, un bandeau s'affiche, comme le montre la Figure 29 :

SUCCESS: The ST.26 project has been verified successfully

Figure 29 Valider le listage des séquences : bandeau de validation réussie

Si la validation échoue, un rapport de vérification s'ouvre dans le navigateur et la liste des erreurs de validation est présentée dans un tableau, comme l'illustre la Figure 30 :



VERIFICATION REPORT

FILE INFORMATION

Production date	2019-07-17
Verification Report XML file path	C:\Users\bmcmlle\AppData\Roaming\ST26_authoring\Invalid_project.xml
Verification Report HTML file path	C:\Users\bmcmlle\AppData\Roaming\ST26_authoring\Invalid_project.html

VERIFICATION MESSAGES

Severity	Data Element	Message	Detected Value	Detected Sequence
WARNING	Qualifier Value	Verify that the value for the qualifier 'lab_host' contains the full binomial scientific name for the host organism.	source_free_text	1
ERROR	Qualifier Value	The mandatory qualifier value for qualifier EC_number is missing.		1
WARNING	Qualifier Value	Verify that the value for the qualifier 'EC_number' is in the format specified in WIPO ST.26 Annex I, Section 6, for this qualifier.	mat_peptide_free_text	1
WARNING	Feature Qualifiers	Verify that the 'note' qualifier describes the 'OTHER' value for the 'mod_base' qualifier.	modified_base_free_text	1
WARNING	Qualifier Value	Verify that the value for the qualifier 'frequency' is a fraction.	modified_base_free_text	1
WARNING	Feature Qualifiers	Verify that the 'note' qualifier describes the 'OTHER' or 'other' value for the 'ncRNA_class', 'recombination_class', or 'regulatory_class' qualifiers.	ncRNA_free_text	1

Figure 30 Valider le listage des séquences : tableau des erreurs de validation

L'emplacement du fichier HTML s'affiche dans la barre d'adresse (1) du navigateur, au cas où l'utilisateur souhaiterait copier le fichier dans un autre emplacement.

L'utilisateur doit autoriser l'exécution du script interne sur sa machine pour que le format s'affiche correctement, contrôle ActiveX sur le navigateur Internet Explorer. Il convient de cliquer sur : "Autoriser les contenus bloqués" (Allow blocked content) pour un chargement correct du format.

*Veillez **noter** que pour que le listage des séquences puisse être validé, le fichier ST.26 doit être conforme aux critères suivants :*

- *Le fichier doit être codé en UTF-8 et doit contenir des caractères conformes à la spécification XML 1.0*
- *Le fichier doit contenir la ligne DOCTYPE suivante :*

```
<!DOCTYPE ST26SequenceListing PUBLIC "-//WIPO//DTD Sequence Listing 1.3//EN"
"ST26SequenceListing_V1_3.dtd">
```

- *L'attribut dtdVersion doit être conforme à la version de la DTD :*
- *Le fichier doit être conforme au fichier DTD intitulé ST26SequenceListing_V1_3.dtd.*

4.1.5 Supprimer un projet

Pour supprimer un projet, l'utilisateur doit commencer dans la vue Projets, comme le montre la Figure 31.

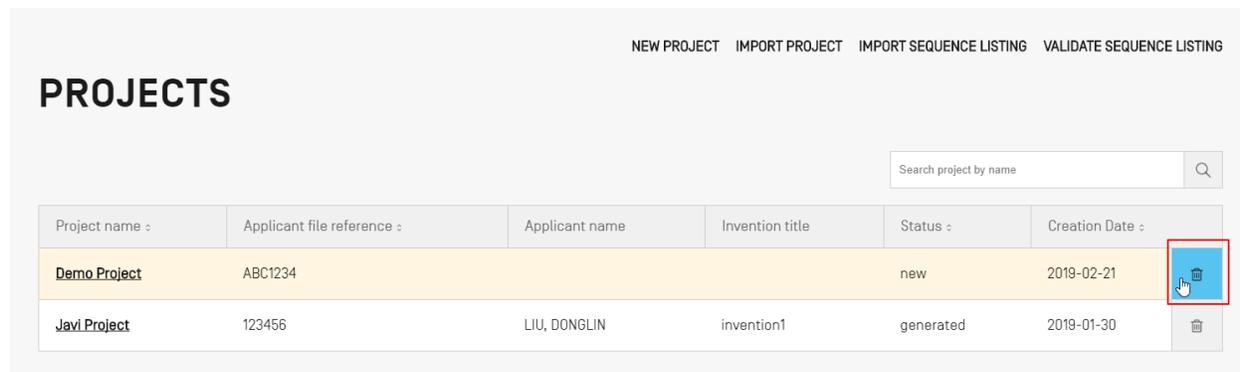


Figure 31 Supprimer un projet

Il doit cliquer sur l'icône représentant une poubelle dans la ligne du tableau qu'il souhaite supprimer.

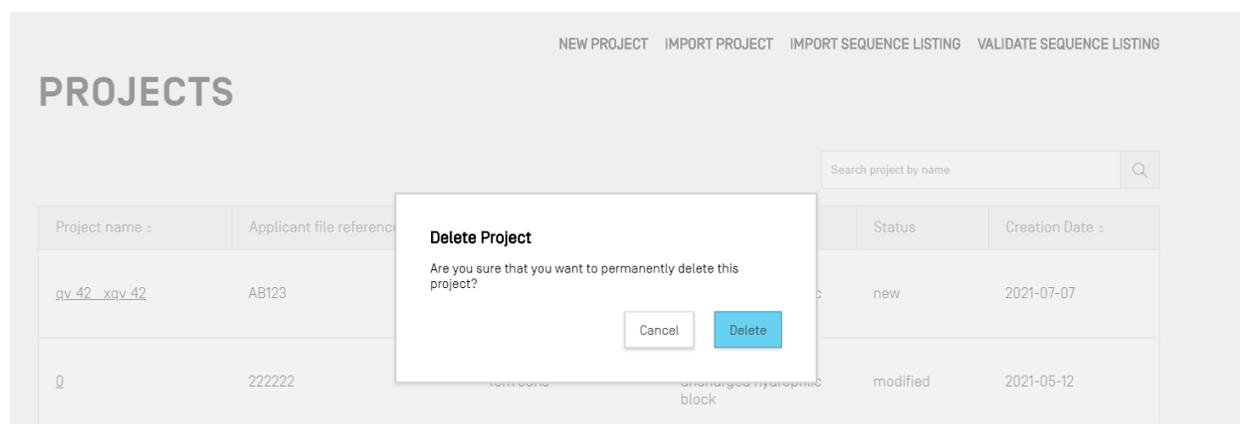


Figure 32 Supprimer un projet (confirmation)

Dans la boîte de dialogue qui apparaît, il doit cliquer sur le bouton "Delete" (Supprimer) pour confirmer la suppression du projet choisi.

4.2 PERSONNES ET ORGANISATIONS

4.2.1 Créer

Pour créer une nouvelle personne ou organisation, l'utilisateur doit commencer par se placer dans la vue "Persons & Organizations" (Personnes et organisations).

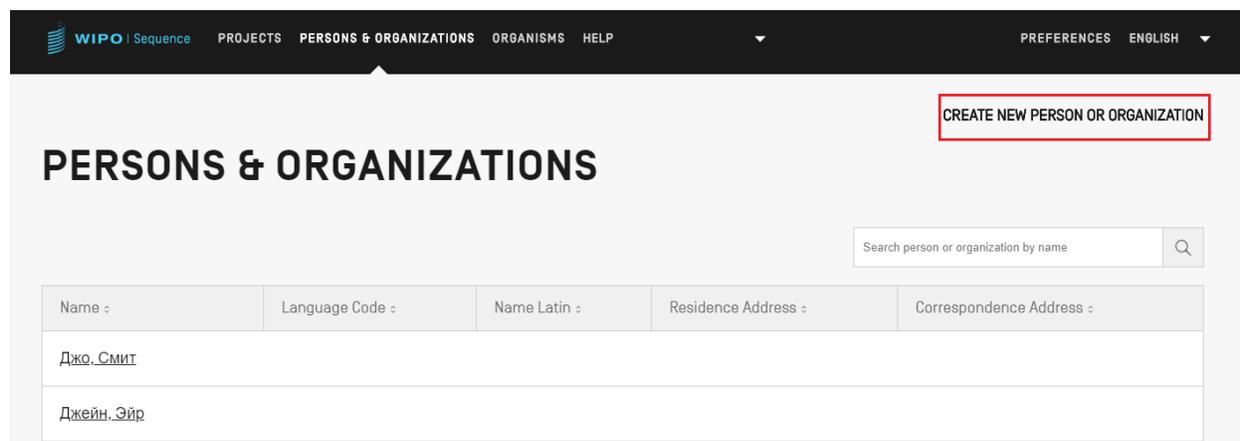


Figure 33 Créer une nouvelle personne ou organisation

Il doit dans un premier temps cliquer sur le lien "CREATE NEW PERSON OR ORGANIZATION" (CRÉER UNE NOUVELLE PERSONNE OU ORGANISATION) en haut de la vue, comme le montre la Figure 34.

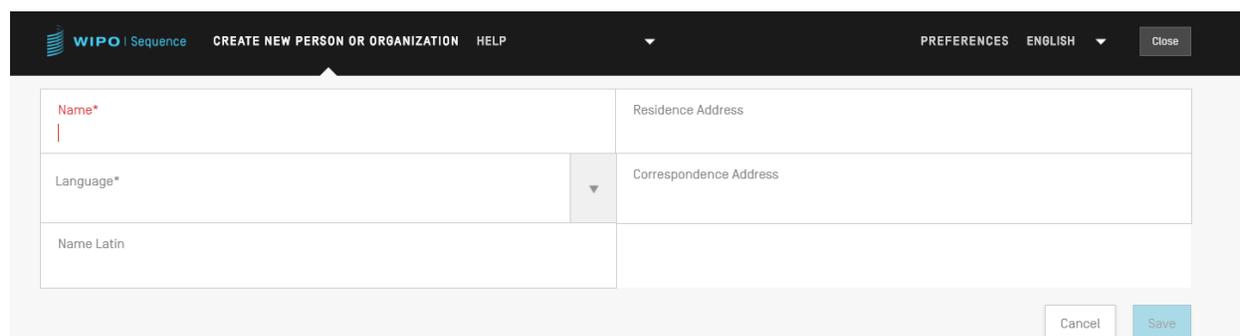


Figure 34 Créer une nouvelle personne ou organisation : panneau

Dans la nouvelle vue, il doit ensuite remplir au moins l'un des champs obligatoires (indiqués par une étoile "**") correspondant aux détails de la nouvelle personne ou organisation.

Lorsque le nom de la personne ou de l'organisation n'est pas en caractères latins, il convient d'indiquer ce nom en caractères latins dans le champ "Name Latin" (Nom en caractères latins). Si cette information n'est pas fournie, le projet ne pourra pas être validé au moment de générer le listage des séquences ST.26.

4.3 ORGANISMES PERSONNALISES

Pour créer, modifier, importer, exporter ou supprimer des organismes personnalisés, l'utilisateur doit commencer par se placer dans la vue "Organisms" (Organismes).

4.3.1 Créer un organisme personnalisé

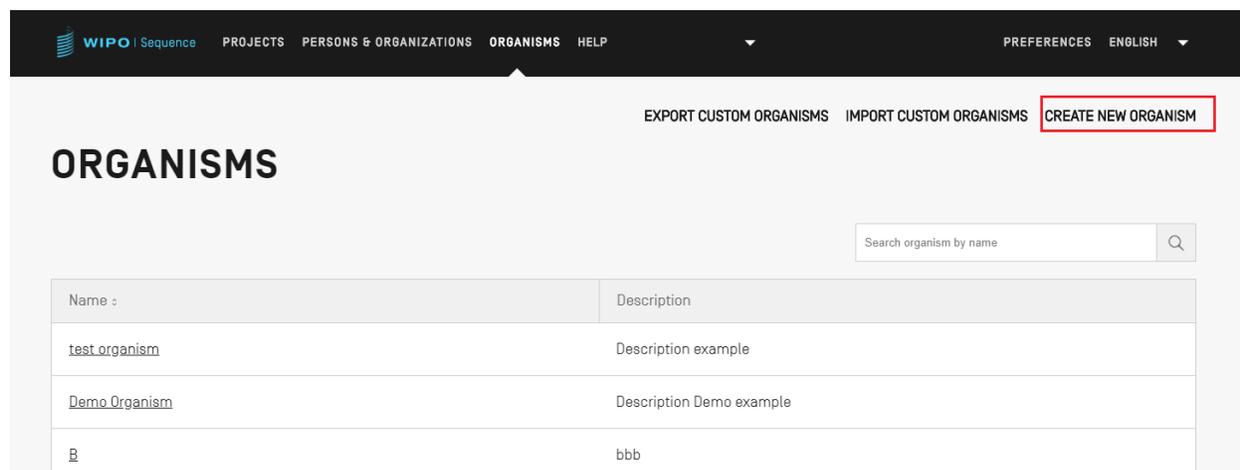


Figure 35 Créer un nouvel organisme

Pour créer un nouvel organisme personnalisé, cliquer sur le lien "CREATE NEW ORGANISM" (CRÉER UN NOUVEL ORGANISME) en haut de la vue, comme le montre la Figure 35. Dans l'écran suivant (Figure 36), saisir le nom du nouvel organisme et cliquer sur "Save" (Sauvegarder).

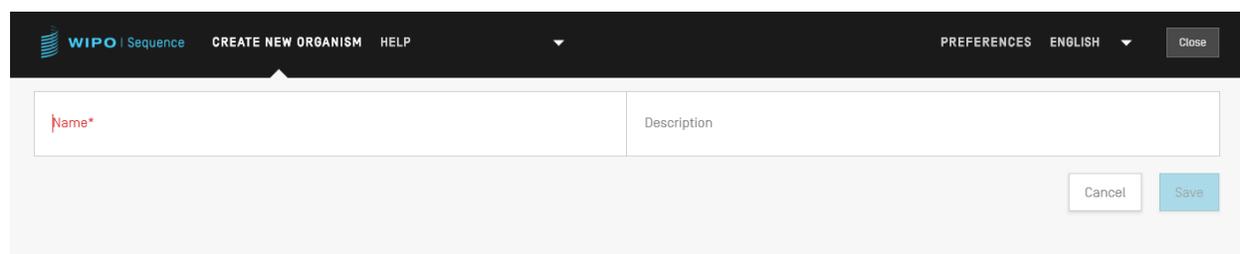


Figure 36 Créer un nouvel organisme (formulaire)

4.3.2 Exporter les organismes personnalisés

Tous les organismes personnalisés et leur description qui sont stockés dans le logiciel peuvent être exportés et enregistrés dans un fichier texte pour être modifiés en dehors du logiciel ou être importés ultérieurement. Pour exporter cette liste, commencer par choisir "EXPORT CUSTOM

ORGANISMS” (EXPORTER LES ORGANISMES PERSONNALISÉS), comme l'indique la Figure 37 :

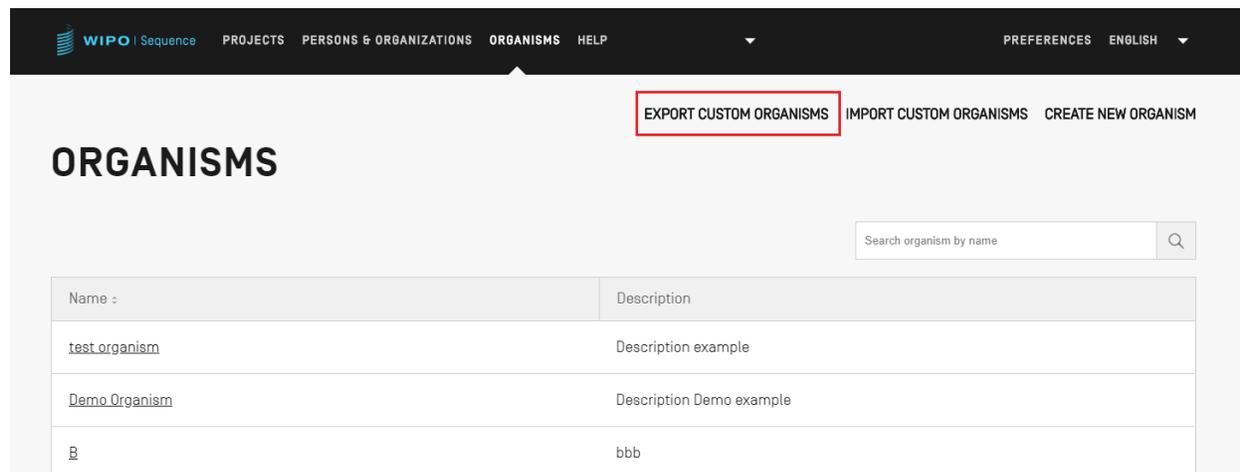


Figure 37 Exporter les organismes personnalisés

Une boîte de dialogue s'ouvre alors pour permettre à l'utilisateur de choisir le nom du fichier et l'emplacement du fichier souhaité, voir Figure 38.

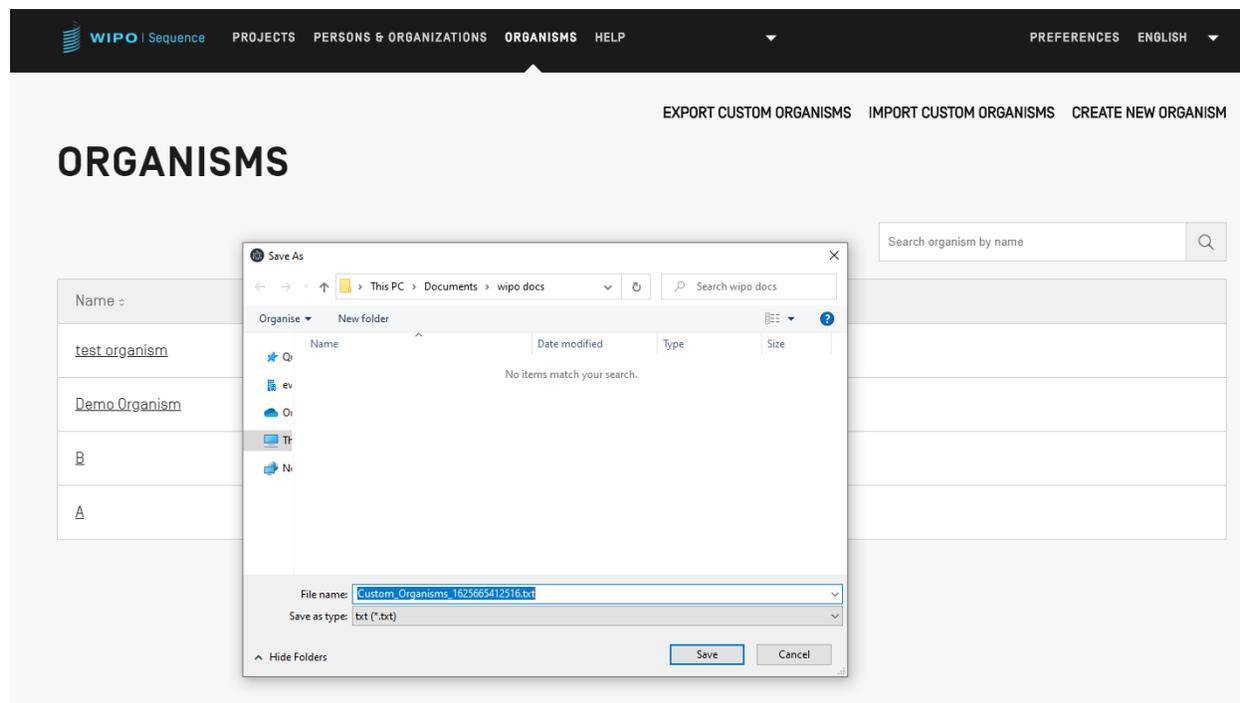
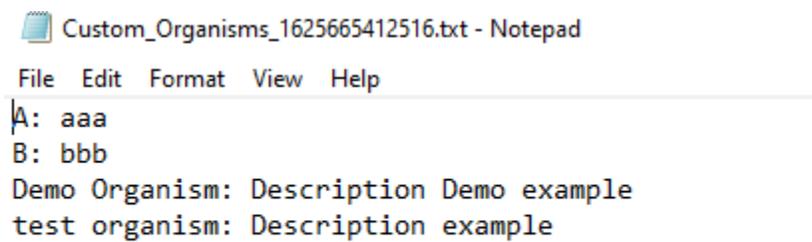


Figure 38 Exporter les organismes personnalisés (boîte de dialogue)

Le fichier qui est exporté est un fichier txt qui comprend le nom et la description de l'organisme qui doit être modifié et importé dans l'outil (voir **Error! Reference source not found.**).



The image shows a Notepad window titled "Custom_Organisms_1625665412516.txt - Notepad". The window has a menu bar with "File", "Edit", "Format", "View", and "Help". The text content of the file is as follows:

```
A: aaa  
B: bbb  
Demo Organism: Description Demo example  
test organism: Description example
```

Figure 39 Exemple de fichier d'organismes personnalisés

4.3.3 Importer les organismes personnalisés

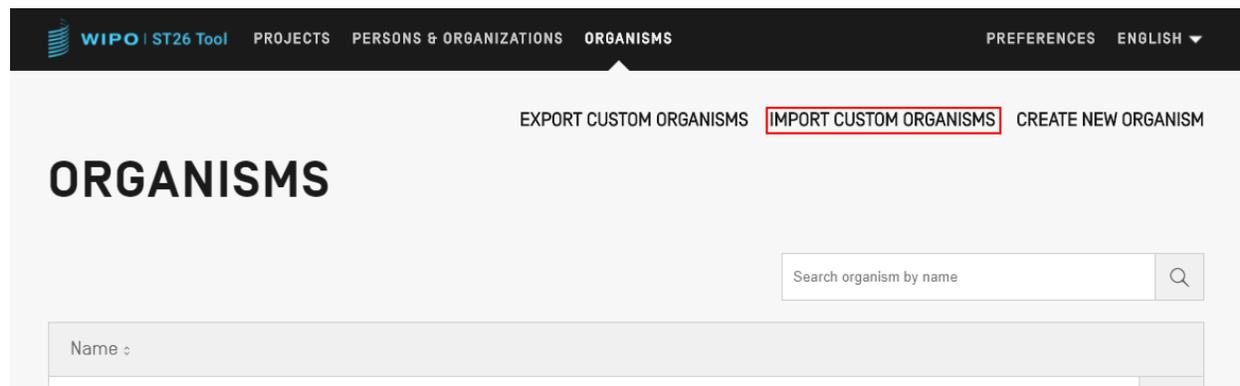


Figure 40 Importer les organismes personnalisés

Dans un premier temps, pour importer une liste d'organismes personnalisés, l'utilisateur doit cliquer sur le lien "IMPORT CUSTOM ORGANISMS" (IMPORTER LES ORGANISMES PERSONNALISÉS) en haut de la vue, comme le montre la **Error! Reference source not found.** Une zone grisée s'ouvre alors par-dessus le tableau des organismes, comme l'illustre la **Error! Reference source not found.**

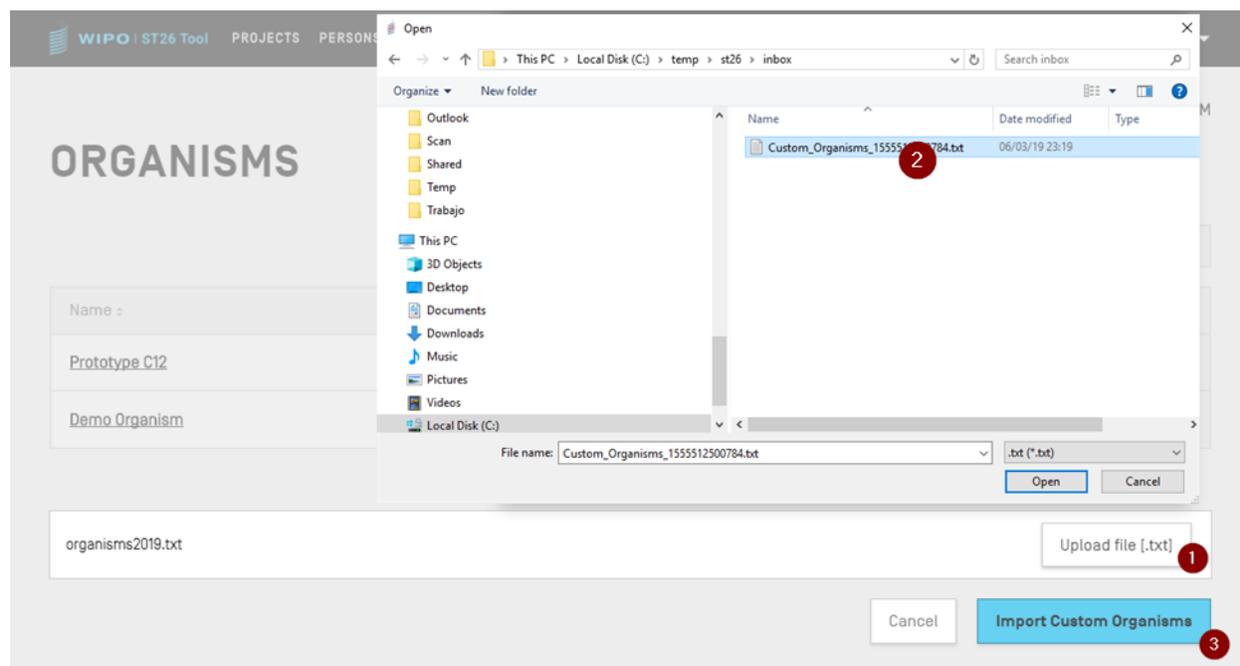


Figure 41 Importer les organismes personnalisés (boîte de dialogue)

- 1) Cliquer sur le bouton "Upload file [.txt]" (Télécharger un fichier [.txt]) (1)
- 2) Choisir le fichier contenant les noms d'organismes personnalisés dans la boîte de dialogue (2)

- 3) Enfin, cliquer sur le bouton bleu "Import Custom Organisms" (Importer les organismes personnalisés) (3)

Note :

Le fichier à importer doit être un fichier texte (*.txt) contenant des noms d'organismes personnalisés en texte simple (UTF-8), chaque élément figurant sur une nouvelle ligne.

4.4 PREFERENCES DE SYSTEME

La vue "System Preferences" (Préférences de système) permet de modifier plusieurs paramètres de configuration du logiciel. Ces paramètres s'appliqueront à chaque projet créé ou modifié par le logiciel (voir **Error! Reference source not found.**).

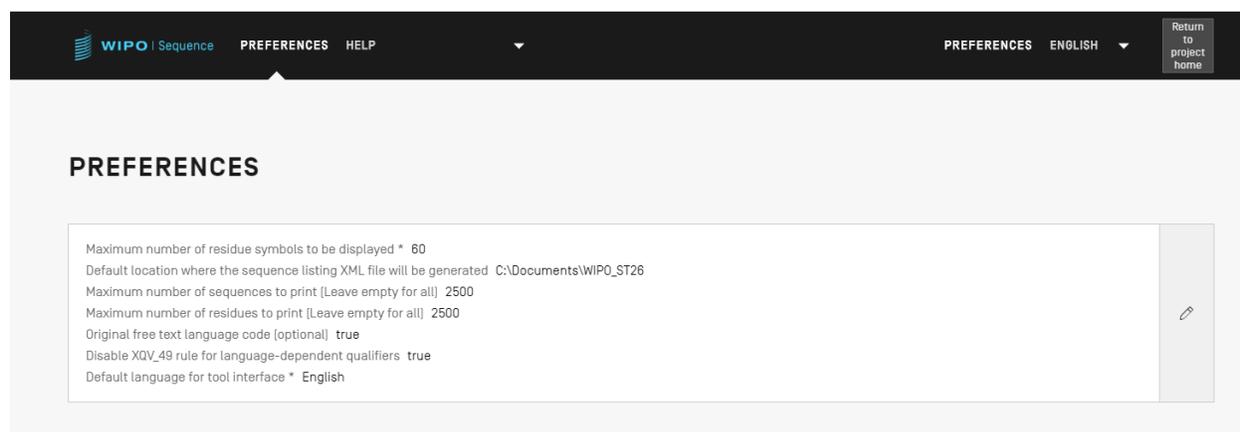


Figure 42 Résumé des préférences de système

Pour modifier les préférences de système, l'utilisateur doit cliquer sur l'icône représentant un crayon dans la figure ci-dessus pour ouvrir le panneau de modification illustré dans la Figure :

WIPO | Sequence PREFERENCES HELP

PREFERENCES ENGLISH Return to project home

Maximum number of residue symbols to be displayed *
60

Default location where the sequence listing XML file will be generated
C:\Documents\WIPO_ST26 Select folder

Maximum number of sequences to print [Leave empty for all]
2500
WARNING: If the project to print contains a large number of sequences, the PDF file may not be generated as the resulting file would be too large to view.

Maximum number of residues to print [Leave empty for all]
2500
WARNING: If the project to print contains a large number of residues within a sequence, the PDF file may not be generated as the resulting file would be too large to view.

Original free text language code [optional]

Disable XQV_49 rule for language-dependent qualifiers

Default language for tool interface *
English

Cancel Save

Figure 43 Configuration des préférences de système

Les paramètres de configuration pouvant être modifiés dans cette vue sont les suivants :

- “Maximum number of residue symbols to be displayed” (Nombre maximal de symboles de résidus à afficher). Ce paramètre définit le nombre de résidus qui apparaîtront dans chaque ligne lorsqu’une séquence sera affichée : par défaut, il est de 60 résidus;
- “Default location where the ST.26 sequence listing file (.xml) will be generated” (Emplacement par défaut où sera généré le fichier XML de listage des séquences);
- “Maximum number of sequences to print (leave empty for all): default is 1000 sequences” (Nombre maximal de séquences à imprimer (laisser vide pour la totalité) : le nombre par défaut est de 1000 séquences);
- “Maximum number of residues to print (leave empty for all): default is 1200 residues” (Nombre maximal de résidus à imprimer (laisser vide pour la totalité) : le nombre par défaut est de 1200 résidus).
- Original Free Text language code default (Code langue par défaut du texte libre original) : coché
- Disable XQV_49 (Désactiver XQV_49) : coché

- Default interface language (Langue de l'interface par défaut) : anglais

Note :

Le 3^e et le 4^e éléments sont pertinents lorsqu'on souhaite imprimer le projet dans un fichier PDF. Pour les listages des séquences très volumineux, le fichier PDF obtenu peut contenir plusieurs milliers de pages et être impossible à afficher.

5 PAGE PROJETS

La page consacrée à un projet donné comporte six vues permettant de naviguer entre différentes étapes du processus, comme le montre la Figure :

1. La vue détaillée du projet (1) (dont l'intitulé est le nom du projet),
2. La vue "Verification Report" (Rapport de vérification) (2),
3. La vue "Free Text Qualifiers" (Qualificateurs de texte libre) (3),
4. La vue "Import Report" (Rapport d'importation) (4),
5. La vue "Display Sequence Listing" (Afficher le listage des séquences) (5)
6. Menu Aide
7. La vue "Preferences" (Préférences) (6).

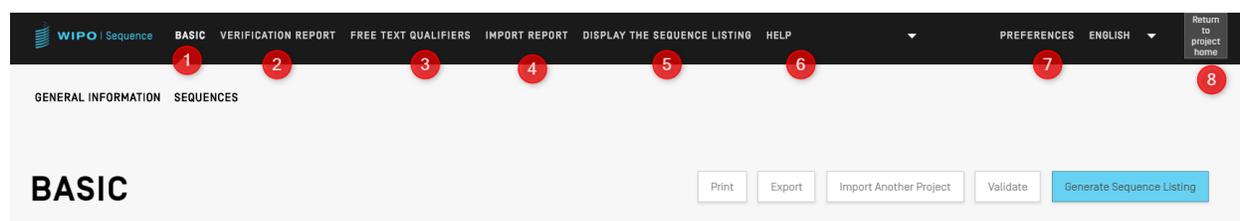


Figure 44 Bandeau supérieur de la page Projets

Pour revenir à la vue Projets (page d'accueil principale), l'utilisateur peut cliquer sur le bouton "Return to project home" (Retour à la page d'accueil du projet) (8) à l'extrémité droite du bandeau supérieur.

5.1 DETAILS DU PROJET

5.1.1 Informations générales

Un tableau contenant les informations essentielles du projet est disponible en haut de la vue détaillée du projet, comme le montre la Figure 5.

Ce tableau indique :

- Le nom du projet
- La date de création

- Le statut du projet (valeurs possibles : “new” (nouveau)/“modified” (modifié)/ “generated” (généré)/“invalid” (invalide)/ “valid” (valide)/ “warnings” (avertissements)
- Le nom du fichier importé (si le projet a été importé)
- La description de projet
- Le nombre de séquences (intitulé “Sequences”)
- Le code langue source pour les qualificateurs de texte libre
- Le code langue pour texte libre autre que l’anglais
- Le code langue pour texte libre original
- Ajouter automatiquement un qualificateur de traduction en cas de création d’une caractéristique CDS

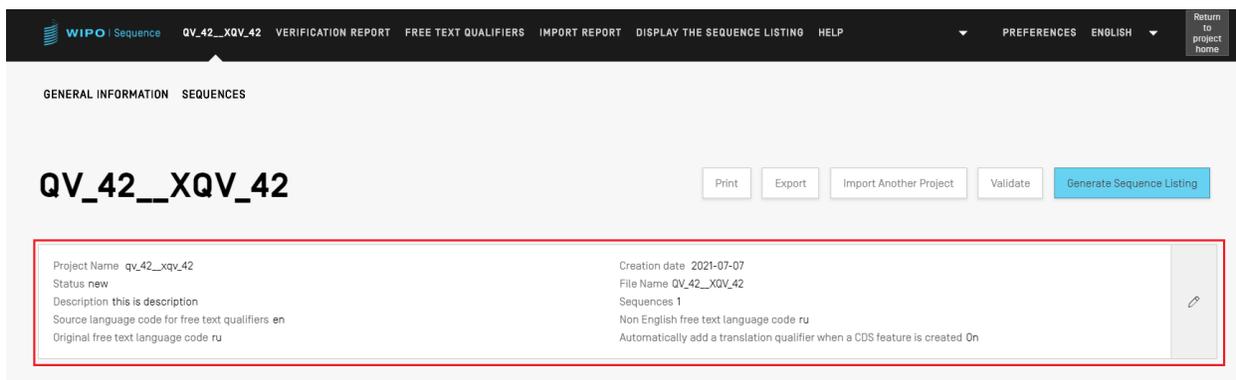


Figure 45 Section Informations générales

5.1.1.1 Imprimer un projet

Pour imprimer un projet, l'utilisateur doit afficher la vue détaillée du projet souhaité et cliquer sur le bouton “Print” (Imprimer) en haut de la vue (voir Figure).

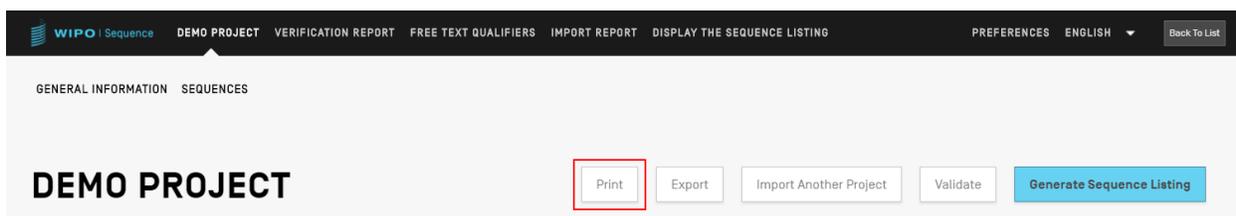


Figure 46 Imprimer un projet

Deux cases à cocher vont alors s'afficher pour préciser les informations du projet que l'utilisateur souhaite imprimer, à savoir la partie consacrée aux informations et/ou les séquences (voir Figure).

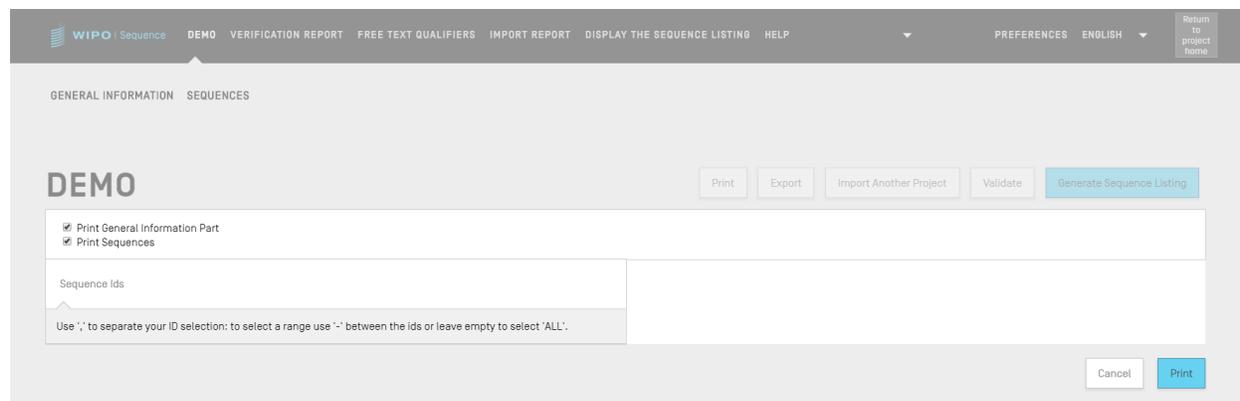


Figure 47 Imprimer un projet : choix des sections

Si l'utilisateur choisit la case "Print Sequences" (Imprimer les séquences), il doit préciser quelles séquences il souhaite imprimer en indiquant la fourchette des numéros d'identifiant dans le champ "Sequence IDs" (ID des séquences), ou il peut simplement imprimer toutes les séquences en laissant ce champ vide.

Après un clic sur le bouton bleu "Print" (Imprimer), si le fichier PDF a été généré correctement, le logiciel va l'ouvrir dans un lecteur de PDF pour que l'utilisateur puisse l'examiner.

On trouvera les instructions concernant le téléchargement du fichier PDF dans la section 3.2.

5.1.1.2 Importer des informations d'un autre projet

L'utilisateur peut copier dans le projet actuellement ouvert des informations provenant d'autres projets stockés dans le logiciel. Les informations importées peuvent se trouver dans la section "General Information" (Informations générales), dans la section "Sequences" (Séquences) ou dans les deux.

Note : Les informations générales importées vont remplacer les informations générales déjà présentes dans le projet en cours, tandis que les séquences importées seront ajoutées à la suite du listage des séquences existant du projet.

Pour commencer, l'utilisateur doit cliquer sur le bouton "Import Another Project" (Importer un autre projet) en haut de la vue détaillée du projet (voir Figure).

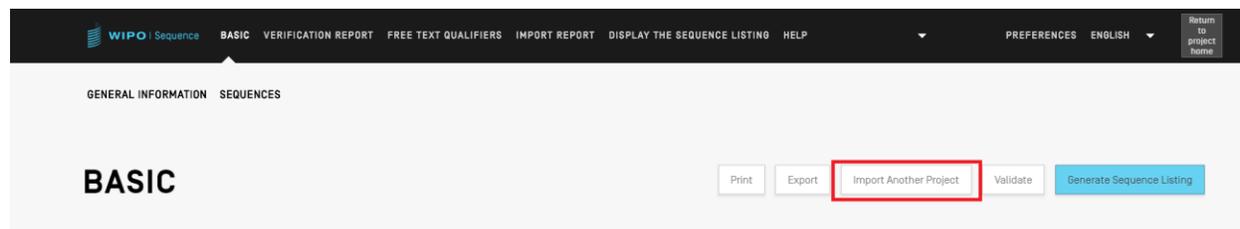


Figure 48 Importer un autre projet

Le logiciel ouvre une zone grisée, comme l'illustre la Figure . L'utilisateur doit d'abord choisir le projet dont il souhaite importer les informations.

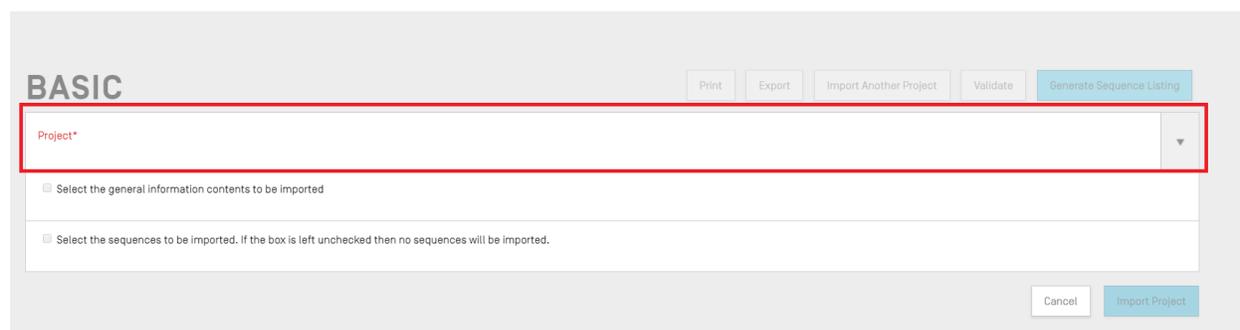


Figure 49 Importer un autre projet : choix de la cible

Ensuite, comme le montre la Figure , l'utilisateur peut indiquer s'il souhaite importer certains éléments particuliers des informations générales (1); il peut aussi saisir une fourchette de numéros d'ID de séquences (2) pour préciser quelles séquences doivent être importées dans le projet.

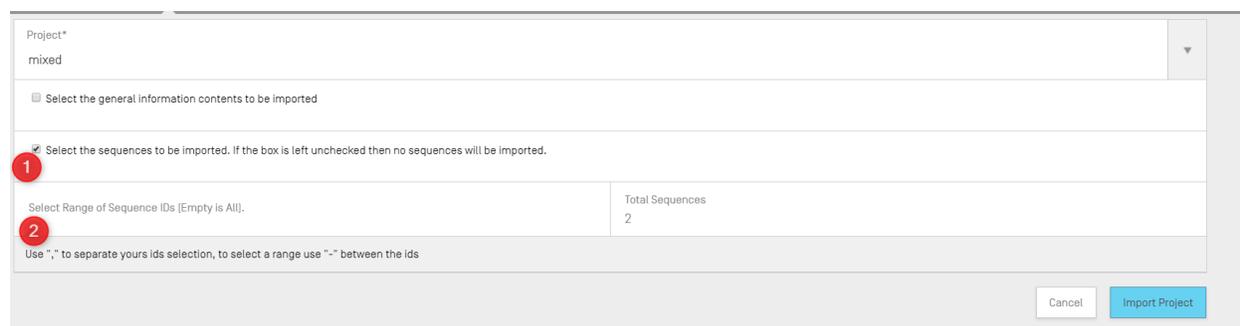


Figure 50 Importer un autre projet : panneau

Si la case "General Information" est cochée, un tableau apparaît et présente toutes les informations générales des deux projets : le projet actuellement choisi (origine) et le projet cible (destination).

L'utilisateur doit ensuite indiquer quels éléments des informations générales doivent être remplacés par les éléments correspondants du projet cible, comme le montre la Figure .

BASIC

Project*
mixed

Select the general information contents to be imported

<input type="checkbox"/>	Element	Origin Element Value	Target Element Value
<input checked="" type="checkbox"/>	Application Identification	IP Office = FR Application number = 1234	Application number = 18675309 Filing date = 2017-03-24
<input checked="" type="checkbox"/>	Applicant File Reference	Applicant file reference = 4586789415231	Applicant file reference = S3C test file
<input checked="" type="checkbox"/>	Applicant Name	Name = Mazinger Language code = tk	Name = Kalafus, Kathleen
<input checked="" type="checkbox"/>	Applicant List	Applicant name = Mazinger	Applicant name = Kalafus, Kathleen
<input checked="" type="checkbox"/>	Invention Title Bag	Invention title = mi titulo de invención, Language code = es Invention title = my title of invention bro, Language code = en Invention title = le titulé de la inventé, Language code = fr	Invention title = PatentIn and Checker Test File

The data for the selected attributes will be overwritten

Select the sequences to be imported. If the box is left unchecked then no sequences will be imported.

Cancel Import Project

Figure 51 Importer un autre projet : choix des éléments des informations générales

Enfin, une fois que l'utilisateur a défini les éléments des informations générales et les séquences à importer dans le projet, il doit cliquer sur le bouton bleu "Import Project" (Importer un projet) en bas de la Figure .

SUCCESS: The project has been imported successfully.

Figure 52 Importer un autre projet : bandeau d'importation réussie

Si les éléments ont été importés correctement, un bandeau bleu apparaît, comme le montre la Figure .

5.1.1.3 Valider le projet

Avant de générer le listage des séquences sous forme de fichier XML conforme à la norme ST.26, un projet peut faire au préalable l'objet d'un processus de validation. Cette étape est toujours effectuée avant la génération du listage des séquences, mais elle peut aussi être effectuée de manière indépendante.

Pour valider un projet, l'utilisateur doit cliquer sur le bouton "Validate" (Valider) en haut de la vue détaillée du projet, comme le montre la Figure .

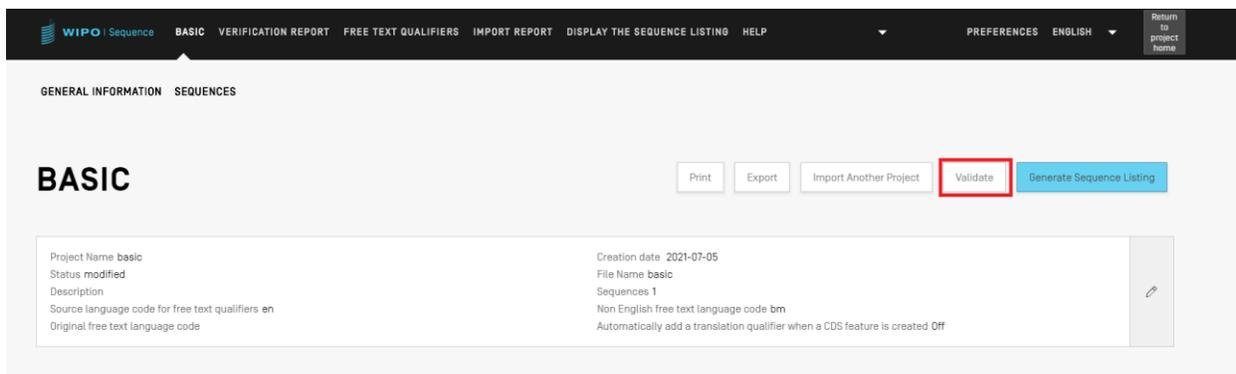


Figure 53 Validation du projet

Une fois la validation achevée, le logiciel présente la vue “Verification Report” (Rapport de vérification), dans laquelle se trouvent tous les messages d'avertissement et d'erreur relatifs à la vérification qui ont pu être générés. La Figure montre l'écran qui s'affiche en cas de succès de la validation.

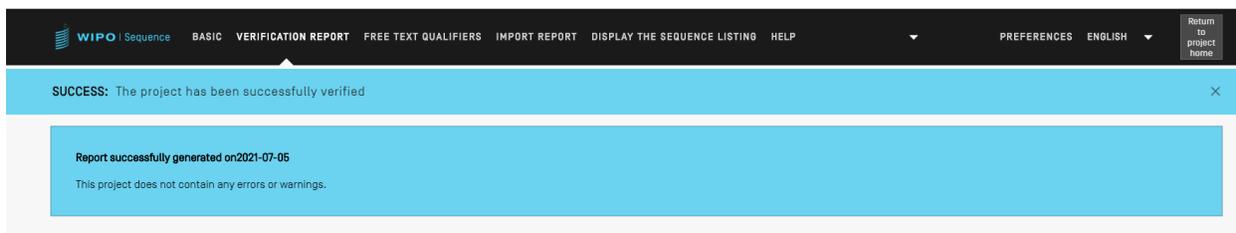


Figure 54 Validation du projet sans erreur

Si le processus de validation produit des erreurs ou des avertissements, le rapport de vérification généré contient un tableau indiquant les règles et directives de vérification qui n'ont pas été respectées. Un exemple de rapport est proposé dans la Figure . Chaque ligne du tableau indique en outre s'il s'agit d'une erreur, qui doit alors être corrigée, ou s'il s'agit d'un avertissement, que l'utilisateur peut ignorer.

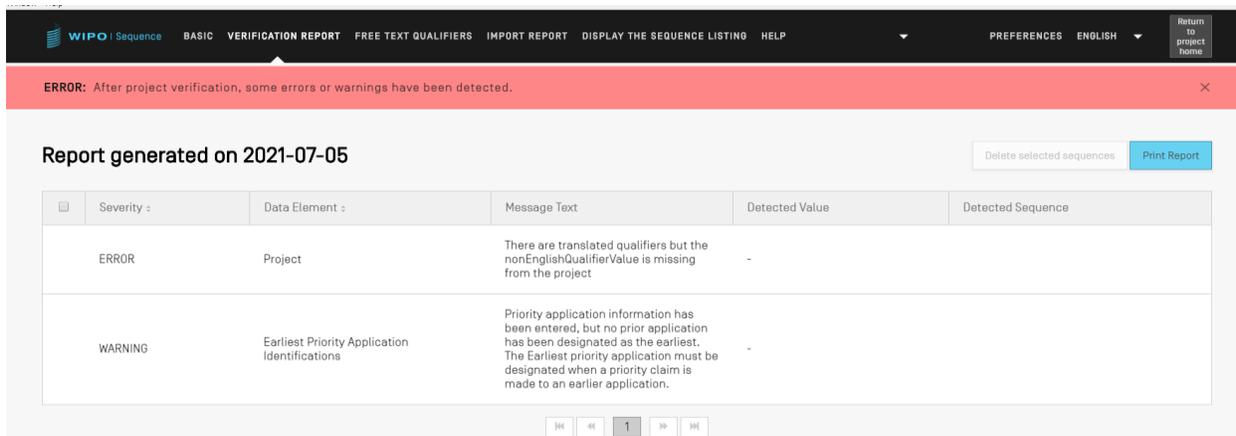


Figure 55 Validation de projet comportant des erreurs ou des avertissements

5.1.1.4 Exporter un projet

L'utilisateur peut exporter un projet dans un fichier .zip pour sauvegarder ses données; il peut aussi importer le projet dans un autre ordinateur équipé du logiciel WIPO Sequence, comme le montre la Figure .

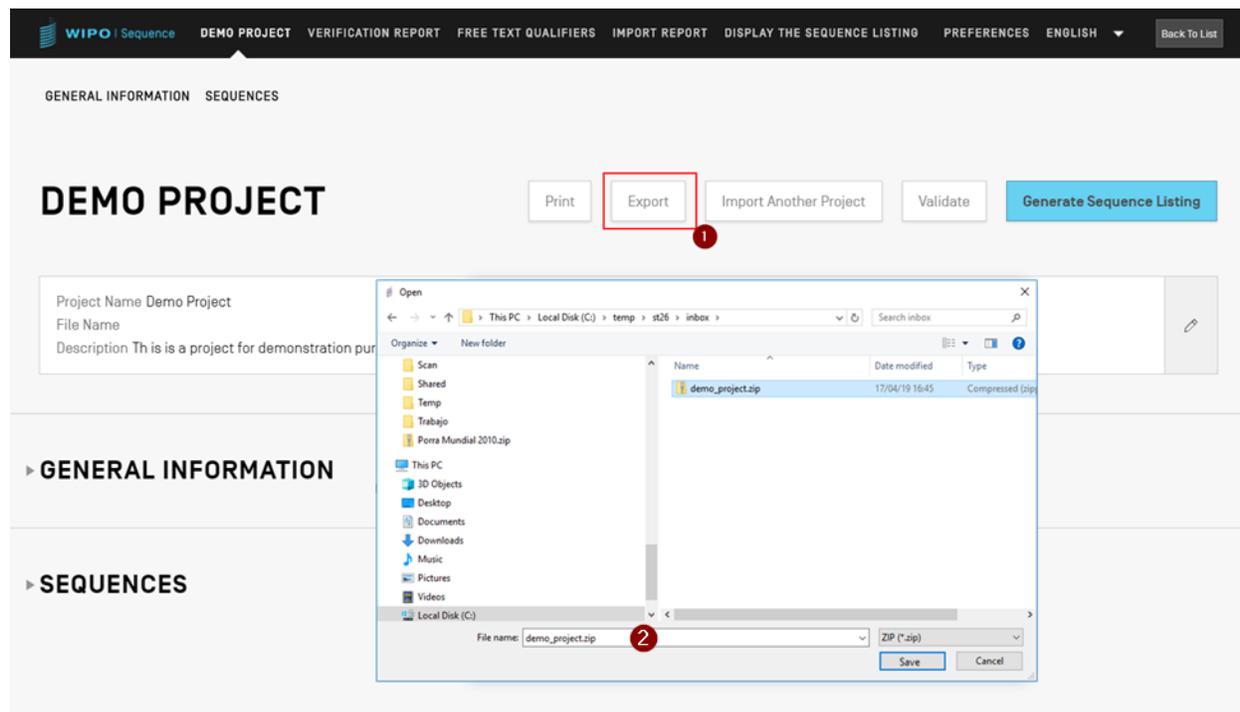


Figure 56 Exporter un projet

- 1) Cliquer sur le bouton “Export” (Exporter) en haut de la vue détaillée du projet.
- 2) Dans la boîte de dialogue qui apparaît, choisir le nom du fichier et l'emplacement de sauvegarde souhaité.

Si l'exportation du projet réussit, un bandeau bleu indiquant le nom et l'emplacement du fichier sauvegardé apparaît en haut de l'écran, comme le montre la Figure .

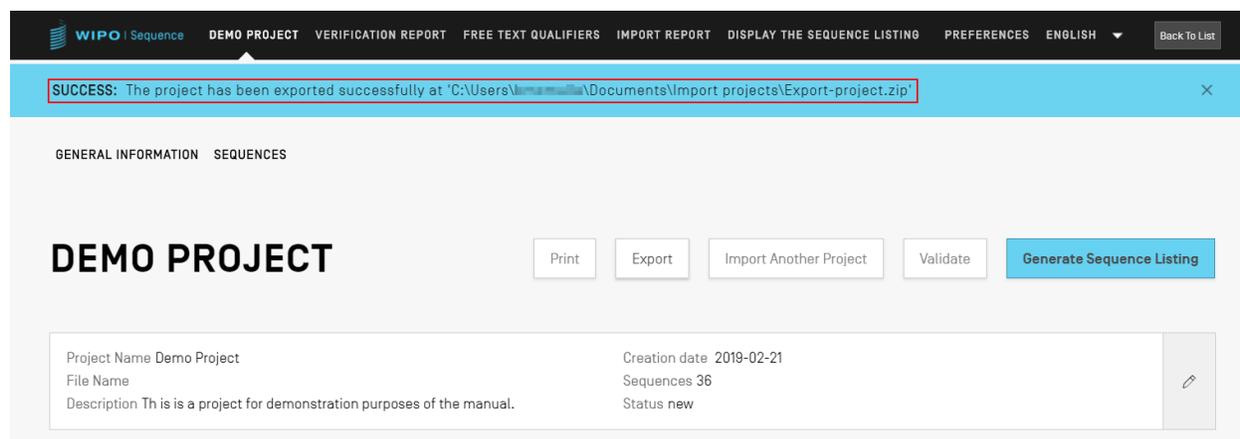


Figure 57 Exporter un projet : succès

5.1.1.5 Générer un listage des séquences

La dernière fonction qui puisse être appliquée à un projet, et qui est peut-être la plus importante, consiste à générer le listage des séquences. À cette fin, l'utilisateur doit cliquer sur le bouton bleu "Generate Sequence Listing" (Générer un listage des séquences) en haut de la vue détaillée du projet, qui est mis en évidence dans la Figure . Cette action déclenche automatiquement un processus préalable de validation (voir 5.1.1.3).

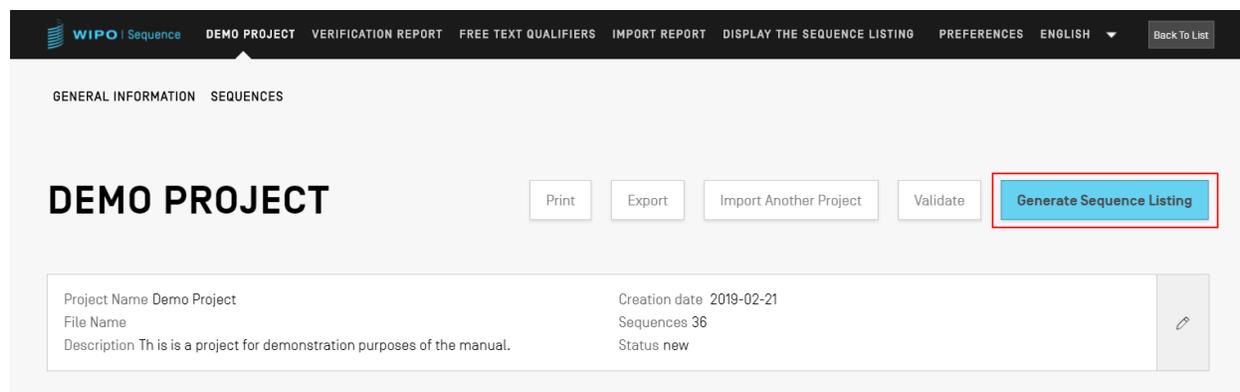


Figure 58 Générer un listage des séquences

Si le processus de validation du projet réussit, une boîte de dialogue s'ouvre pour permettre à l'utilisateur de choisir l'emplacement où il souhaite sauvegarder le listage des séquences (fichier .xml) qui est généré conformément à la norme ST.26, comme le montre la Figure .

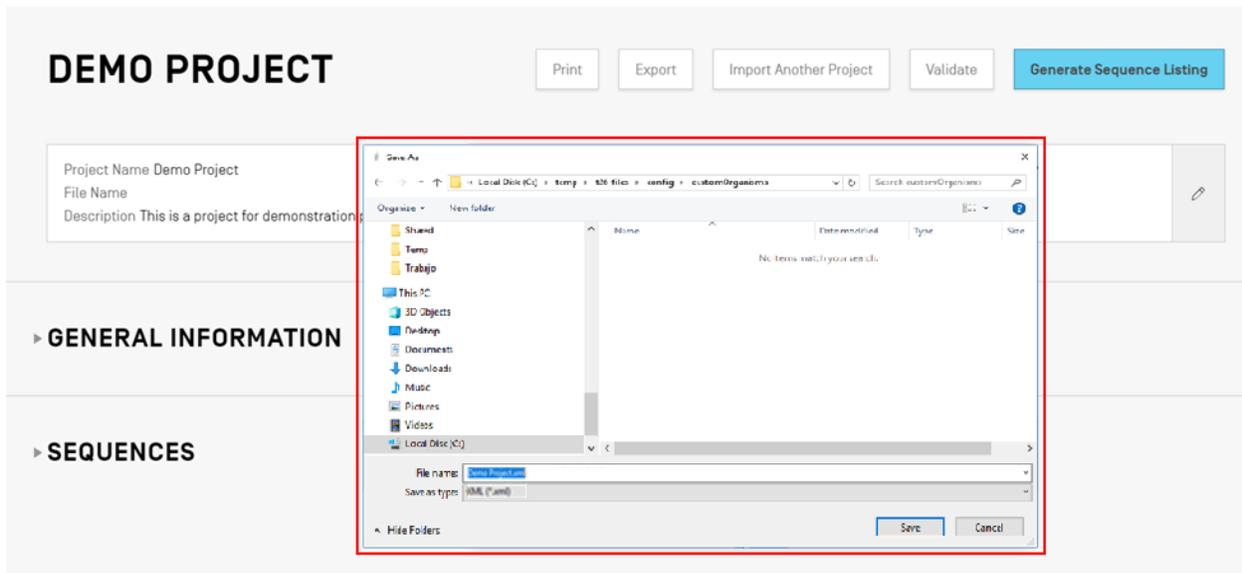


Figure 59 Générer un listing de séquences (boîte de dialogue)

Si la validation du projet échoue, c'est la vue sur le rapport de vérification qui s'affiche, ainsi qu'un bandeau rouge, comme le montre la Figure .

ERROR: The ST.26 sequence listing file cannot be generated because the project contains errors.

[Print Report](#)

Report generated on 28 Feb 2019, 16:19

Severity	Data Element	Message Text	Detected Value	Detected Sequence
WARN	earliest priority application identification	Earliest priority application information has not been entered. It must be entered when a priority claim is made to an earlier application.	{ "IPOfficeCode": "", "applicationNumb...	
ERROR	invention title bag	The invention title is missing. At least one invention title must be entered.	[]	
ERROR	applicant name name	The person or organization name has not been entered. At least one name must be entered.		
ERROR	inventor name name	The person or organization name has not been entered. At least one name must be entered.		

⏪
⏩
1
⏪
⏩

Figure 60 Générer un listing de séquences, échec

5.1.2 Informations générales

La présente section indique comment l'utilisateur peut saisir des informations concernant la demande de brevet à laquelle sera associé le listage des séquences généré.

5.1.2.1 Identification de demande

La sous-section "Application Identification" (Identification de la demande) de la section des informations générales contient le statut de la demande de brevet et quelques informations sur le projet choisi (voir Figure).

The screenshot shows a web interface with a section titled "GENERAL INFORMATION". Underneath, there is a sub-section "APPLICATION IDENTIFICATION". The content is displayed in a table-like format:

Application Identified Before the assignment of the application number	IP Office BD - Bangladesh
Application filed	Application number 12345
	Filing date 2019-02-20

A red rectangular box highlights a small pencil icon in the top right corner of the table area, indicating that the information can be edited.

Figure 61 Identification de la demande

Pour saisir des informations dans cette sous-section, cliquer sur l'icône représentant un crayon qui est entourée dans la figure à droite de l'écran. Saisir ensuite les informations en suivant les étapes indiquées dans la

The screenshot shows the "APPLICATION IDENTIFICATION" form with several fields and a "Save" button. Red circles with numbers 1 through 6 indicate the steps for data entry:

- 1: IP Office (dropdown menu)
- 2: Application Identification* (radio buttons)
- 3: Applicant file reference* (text input)
- 4: Application number (text input)
- 5: Filing date (calendar icon)
- 6: Save button

A tooltip is visible for field 3, stating: "Application File Reference is a mandatory field when 'Before the assignment of the application number' is provided."

Figure :

- 1) Si un numéro a déjà été attribué à la demande, l'utilisateur doit choisir le code "IP Office" (code de l'Office de propriété intellectuelle) sous lequel la demande a été déposée. Il s'agit du code ST.3 de l'OMPI.

- 2) L'utilisateur doit indiquer s'il a déjà été informé du numéro de demande ou s'il ne dispose que de la référence du dossier du déposant, en cliquant le bouton radio correspondant.
- 3) S'il ne dispose pas du numéro de demande, il DOIT indiquer la référence du dossier du déposant dans ce champ.
- 4) Si un numéro a déjà été attribué à la demande, l'utilisateur doit l'indiquer dans ce champ.
- 5) Choisir la date de dépôt de la demande au moyen du sélecteur de date, si une date a déjà été attribuée.
- 6) Cliquer sur le bouton "Save" (Sauvegarder).

GENERAL INFORMATION

APPLICATION IDENTIFICATION

IP Office BD	
Application Identification* <input checked="" type="radio"/> Before the assignment of the application number <input type="radio"/> After the assignment of the application number	Applicant file reference* 123456 <small>Application File Reference is a mandatory field when 'Before the assignment of the application number' is provided.</small>
Application number 12345	Filing date 2019-02-20

Cancel Save

Figure 62 Identification de la demande : panneau de modification

5.1.2.2 Identification de priorité

Pour ajouter au projet une demande établissant la priorité, l'utilisateur doit cliquer sur le bouton "Add Earliest Priority Identification" (Ajouter la demande établissant la priorité la plus ancienne) dans la section des informations générales de la vue détaillée du projet, comme l'illustre la Figure .

▼ GENERAL INFORMATION

APPLICATION IDENTIFICATION

Application Identified Before the assignment of the application number Application filed	IP Office GB - United Kingdom Application number: 98968268463829 Filing date: 2019-02-21	
---	--	---

PRIORITY IDENTIFICATION

Add Earliest Priority Application

Figure 63 Demande établissant la priorité la plus ancienne

Pour indiquer que la demande établissant la priorité est la plus ancienne, l'utilisateur doit choisir "Yes" (Oui) dans le menu déroulant "Selected Earliest Priority Application" (Demande établissant la priorité la plus ancienne). Il définit ou modifie ainsi la demande établissant la priorité pour indiquer qu'il s'agit de la plus ancienne dans le listage des séquences.

Pour finir, cliquer sur le bouton bleu "Add Earliest Priority Application" (Ajouter la demande établissant la priorité la plus ancienne) dans la zone grisée, comme le montre la Figure .

PRIORITY IDENTIFICATION

Add Earliest Priority Application

IP Office*	▼	Filing date yyyy-MM-dd	
Application number*		Selected Earliest Priority Application No	▼

Cancel Add Earliest Priority Application

Figure 64 Demande établissant la priorité la plus ancienne : panneau de modification

5.1.2.3 Déposant et inventeur

Pour ajouter au projet des données concernant un nouveau déposant ou inventeur, l'utilisateur doit cliquer sur le bouton "Add Inventor" (Ajouter un inventeur) ou "Add Applicant" (Ajouter un déposant) dans la section des informations générales de la vue détaillée du projet. Les étapes permettant d'effectuer ces deux actions étant identiques, seules des instructions générales seront fournies ici; toutefois, les deux processus doivent être effectués pour ajouter à la fois un déposant et un inventeur au projet, même si le déposant est aussi l'inventeur.

Une zone grisée s'ouvre et présente deux boutons radio, comme le montre la Figure . Si l'utilisateur choisit "Existing applicant/inventor" (Déposant/inventeur existant), il peut choisir dans une liste déroulante un nom parmi les personnes et les organisations déjà enregistrées en local dans le logiciel. La Figure montre que trois déposants sont déjà présents dans la liste, par exemple "John Smith".

The screenshot shows a web form with two buttons at the top: "Add Applicant" and "Add Inventor". Below them is a section titled "Select the option*" with two radio buttons: "Existing applicant" (which is selected) and "New applicant". Below this is a dropdown menu labeled "Select applicant*" with a downward arrow. The dropdown is open, showing three options: "הילה בן אברהם" (Hebrew), "Juan Rodriguez Garcia" (Spanish), and "John Smith" (English).

Figure 65 Ajouter un déposant ou un inventeur existant

Si l'utilisateur choisit "New applicant/inventor" (Nouveau déposant/inventeur), il doit remplir le panneau de modification de la même manière que pour créer une nouvelle personne ou organisation (voir section 4.2.1 et Figure).

Enfin, une fois qu'il a saisi toutes les informations, l'utilisateur clique sur le bouton "Add Applicant/Inventor" (Ajouter un déposant/inventeur) illustré dans la Figure .

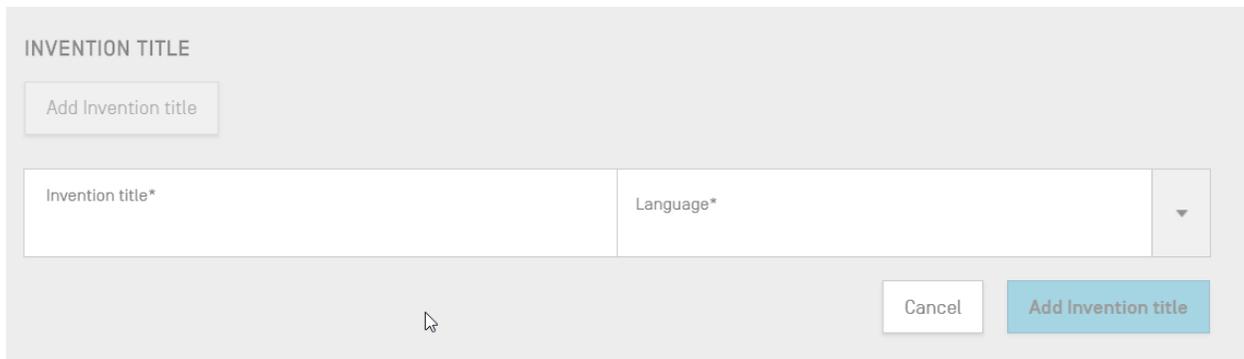
The screenshot shows the same "Add Applicant" form, but now the "New applicant" radio button is selected. The form contains several input fields: "Name*", "Residence Address", "Language*" (with a dropdown arrow), "Correspondence Address", and "Name Latin". At the bottom right, there are two buttons: "Cancel" and "Add Applicant" (highlighted in blue).

Figure 66 Ajouter un nouveau déposant ou inventeur

5.1.2.4 Titre de l'invention

La dernière sous-section des informations générales s'intitule "Invention Title" (Titre de l'invention).

- 1) Pour ajouter un nouveau titre d'invention, cliquer sur le bouton "Add Invention Title" (Ajouter le titre de l'invention), comme le montre la Figure .



INVENTION TITLE

Add Invention title

Invention title*

Language*

Cancel

Add Invention title

Figure 67 Ajouter le titre de l'invention

- 2) Dans cette zone grisée, l'utilisateur doit saisir le titre de l'invention et préciser la langue dans laquelle le titre est écrit.
- 3) Cliquer sur le bouton bleu "Add Invention Title" (Ajouter le titre de l'invention).

En vertu de la norme ST.26 de l'OMPI, dans un listage des séquences, le titre d'une invention doit obligatoirement être écrit dans la langue de dépôt de la demande. Cependant, un projet peut aussi comporter, à titre facultatif, d'autres titres de l'invention dans d'autres langues. Tout titre supplémentaire peut être ajouté en suivant les étapes décrites ci-dessus.

5.1.3 Séquences

La section “Sequences” (Séquences) de la vue détaillée du projet permet à l'utilisateur de fournir les informations techniques concernant les séquences elles-mêmes.

Pour créer, importer, insérer ou réordonner une séquence, l'utilisateur doit descendre jusqu'à la section “Sequences” (Séquences) en bas de la vue détaillée du projet. La sous-section ci-après contient de plus amples détails sur les étapes à suivre pour effectuer ces actions.

5.1.3.1 Créer une séquence

- 1) Cliquer sur le bouton “Create new sequence” (Créer une nouvelle séquence) illustré dans la Figure .

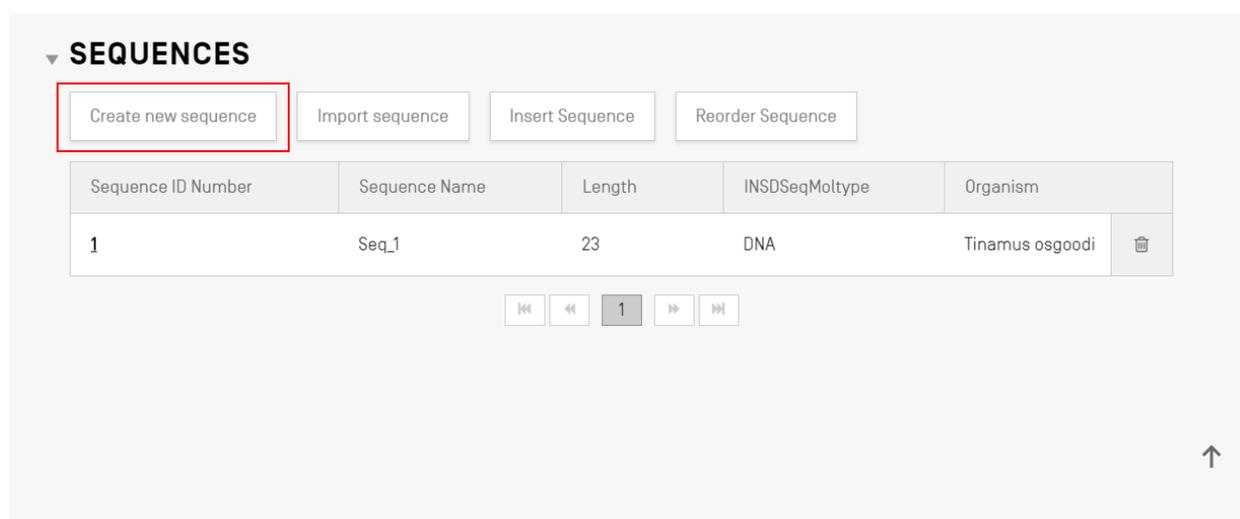


Figure 68 Créer une nouvelle séquence

Les autres étapes sont illustrées dans la Figure :

- 2) L'utilisateur a aussi la possibilité d'indiquer un nom en saisissant une valeur dans le champ “Sequence name” (Nom de la séquence) afin que la séquence soit plus facile à distinguer. Si ce champ reste vide, le logiciel attribue à chaque nouvelle séquence une valeur par défaut et un nom par défaut commençant par “Seq”, puis un nombre qui est incrémenté de manière itérative (“Seq_1”, “Seq_2”, “Seq_3”) (1).

L'utilisateur doit choisir un des trois types de molécules autorisés par la norme ST.26 et présentés dans la liste déroulante (“DNA”, “RNA” et “AA”) (2). La séquence elle-

même doit être saisie dans le champ de texte “Residues”² (Résidus) (3). À noter que si l'utilisateur souhaite créer une séquence contenant à la fois des segments d'ADN et d'ARN, il doit choisir l'ADN comme type principal de molécule.

L'utilisateur doit aussi donner un nom d'organisme à la séquence créée, car ce champ est obligatoire. Ce nom peut être choisi soit à partir d'une liste d'organismes prédéfinis dans la base de données du logiciel, soit à partir de l'un des organismes personnalisés qui ont été créés et sauvegardés en local par l'utilisateur. À cette fin, il faut choisir le bouton radio “Existing organism” (Organisme existant) (4).

L'utilisateur peut saisir directement le nom d'un nouvel organisme (personnalisé) en cliquant sur le bouton radio “New organism” (Nouvel organisme) (4).

Il peut également classer l'organisme en choisissant un type de molécule de qualificateur³ dans la liste déroulante “Qualifier Molecule Type” (5), dont les valeurs peuvent varier selon le type de molécule précédemment choisi.

Si la case “Mark as an intentionally skipped sequence” (Marquer comme séquence délibérément omise) (6) est cochée, toutes les contraintes de renseignement des éléments obligatoires disparaissent du panneau des séquences et la séquence ainsi sauvegardée sera ignorée au moment de la validation du projet et de la génération du listage des séquences (les valeurs des résidus apparaîtront sous la forme “000”).

Si la case “The sequence contains both DNA & RNA segments” (La séquence contient à la fois des segments d'ADN et d'ARN) est cochée (6), le panneau s'allonge et présente des champs permettant de décrire chaque segment d'ADN et d'ARN au moyen de la caractéristique “misc_feature”. L'emplacement de chacun des segments définis sera stocké dans une caractéristique “misc_feature” différente (7) de la séquence, ainsi que dans un qualificateur de type “note” intégré dans chaque “misc_feature”, le type de molécule étant suivi d'une valeur dans le champ de texte “Further Text” (Texte supplémentaire) de chaque “misc_feature”. L'utilisateur peut créer autant de ces caractéristiques que nécessaire en cliquant sur le bouton “Add new ‘misc_feature’ feature” (Ajouter une nouvelle caractéristique “misc_feature”), et il doit procéder ainsi pour tous les segments de l'ensemble de la séquence, pour les segments ADN et les segments ARN.

² On trouvera dans la norme ST.26 de l'OMPI, annexe I, sections 1 et 3 les tableaux de symboles de nucléotides et d'acides aminés acceptés.

³ On trouvera dans la norme ST.26 de l'OMPI, annexe I, sections 6 et 8 les valeurs des qualificateurs de l'entrée de type mol respectivement dans les tableaux des nucléotides et des acides aminés.

Figure 69 Créer une nouvelle séquence : panneau

- 3) Pour finir, l'utilisateur peut cliquer sur le bouton gris "Create sequence" (Créer une séquence) ou sur le bouton bleu "Create & Display Sequence" (Créer et afficher une séquence).

Si l'utilisateur clique sur le bouton bleu "Create & Display Sequence" (Créer et afficher une séquence), un affichage se déploie après création de la séquence, en dessous de la section des séquences dans la vue détaillée du projet, pour permettre à l'utilisateur de vérifier les valeurs.

La séquence qui vient d'être créée peut être consultée à la fin du listage des séquences; elle s'accompagne du numéro d'identifiant de séquence disponible suivant.

(On trouvera de plus amples détails sur la manière de réordonner le listage des séquences dans la section 5.1.3.4.)

WIPO ST26 Tool DEMO PROJECT VERIFICATION REPORT FREE TEXT QUALIFIERS IMPORT REPORT DISPLAY THE SEQUENCE LISTING PREFERENCES ENGLISH Back To List

GENERAL INFORMATION SEQUENCES

▶ **SEQUENCES**

▼ **SEQUENCE 2**

Sequence Number (ID) 2
 Sequence Name Seq_2
 Length 100000

Molecule Type DNA
 Organism Demo Organism
 Skipped Sequence No

▼ **FEATURES**

Add feature

Feature Key	Location	Qualifiers
source	1..100000	mol_type = genomic DNA organism = Demo Organism

1

▼ **SEQUENCE**

```

atagtaaaaa  tggtagaaat  taagggaaat  agggatattt  ttaagttaat  atagataaaa  gatgtatgga  70
gaaagtgtta  gtgttgtgtt  agtatgttgg  tggtagaagt  gatataagga  ataattataa  ttgggggatg  140
ggagtatttg  gttattaatt  tttaggtagg  tatataagtg  gtatagggag  taggatatta  taatgttgag  210
atataaaaa  tagtaagggg  aaagtgattt  aggtatattg  ggaataagta  ggtaaaatta  gtgttgatat  280
taaggttaat  gaagttaaaa  aaaaaaagtg  taaggttaag  ggttattagg  gtagtgatga  ggaagggttg  350
-----
    
```

Figure 70 Afficher une séquence

5.1.3.2 Importer une séquence

Les séquences peuvent aussi être importées directement depuis des fichiers dans un projet. Les formats de fichier acceptés⁴ sont **texte brut**, **multiséquence**, **FASTA**, **ST.26** et **ST.25**. Une fois le fichier choisi, le logiciel détecte automatiquement son format.

⁴ Voir la partie du présent document consacrée aux formats de fichiers (section 0).

- 1) Cliquer sur le bouton “Import sequence” (Importer une séquence) mis en évidence dans la Figure .



Figure 71 Importer une séquence

- 2) Cliquer sur le bouton “Upload file [.txt, .xml]” (Télécharger un fichier [.txt, .xml]) comme le montre la Figure .

Dans la boîte de dialogue qui s’est ouverte, choisir le fichier contenant les données de séquence à importer. Le logiciel détecte le format du fichier et effectue certaines tâches de validation au moment de l’importation.

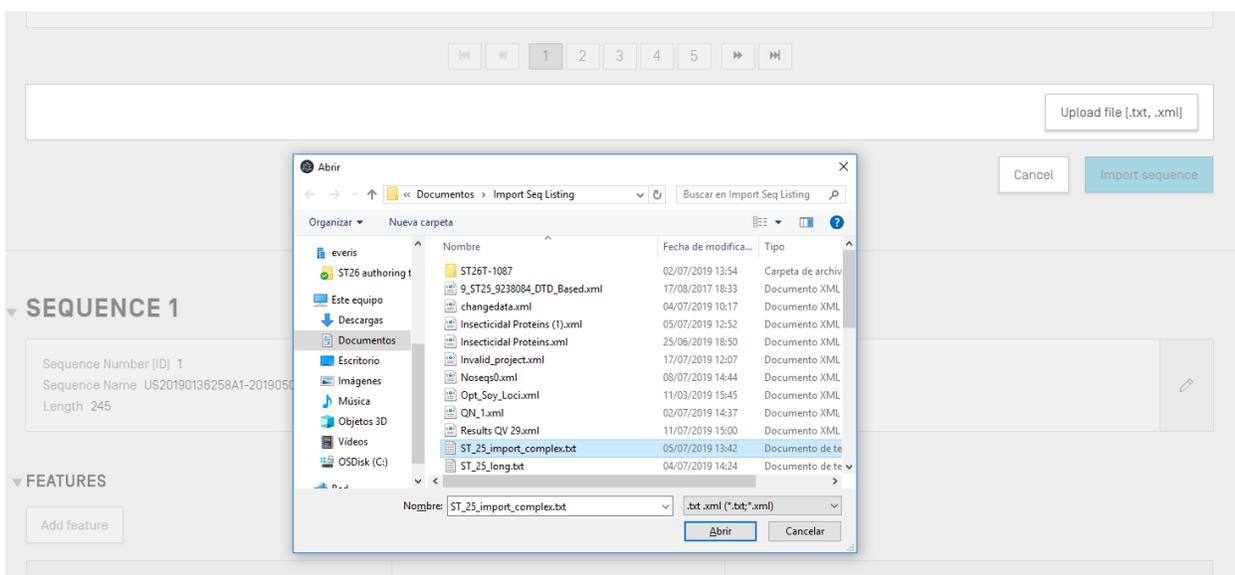


Figure 72 Importer une séquence (boîte de dialogue)

Le logiciel accepte cinq formats de séquences pour l’importation : texte brut, multiséquence, FASTA, ST.26 et ST.25. Ces formats pris en charge sont présentés dans la section 0 du présent document.

Si le fichier choisi est au format ST.25 ou ST.26 (voir Figure), l’utilisateur verra tout d’abord une case à cocher intitulée “Select Range Sequences” (Choisir une fourchette de séquences) (1). Une fois cette case cochée, un tableau s’ouvre (2) et présente le numéro d’identifiant de chaque séquence du fichier dans l’ordre dans lequel les séquences ont été ajoutées au listage dans le projet.

Si l'utilisateur ne veut pas importer toutes les séquences dans le projet, il peut définir la fourchette des numéros d'identifiant de séquence souhaités (3).

Il peut saisir une ou plusieurs séquences, un listage de séquences séparées par une virgule ou encore une fourchette de séquences sous la forme x-y.

Exemple : "1, 3, 7, 13-20, 30-50".

Sequence Number [ID]	Detail
[1]	1
[2]	2
[3]	3
[4]	4
[5]	5

Figure 73 Importer une séquence au format ST.25 ou ST.26

Si le fichier importé est au format multiséquence (on trouvera dans la section **6.1** des informations sur ce format; voir aussi la Figure), l'utilisateur voit s'afficher une case à cocher intitulée "Select Range Sequences" (Choisir une fourchette de séquences) (1), qui une fois cochée affiche un tableau de prévisualisation indiquant les numéros d'identifiant des séquences correspondantes dans le fichier, ainsi que le détail de chaque séquence dans la colonne "Detail" (Détail) (2), à savoir le nom de la séquence, le type de molécule et le nom de l'organisme.

L'utilisateur doit définir la fourchette des numéros d'identifiant de séquence qu'il souhaite importer dans le listage des séquences du projet (3).

C:\Users\bmcmmulle\everis\ST26 authoring tool - Desarrollo 2018\02 Delivery\09- Development\ficheros extremos de test\MULTI\AA3_multisequence.txt Upload file [:.txt, .xml]

1 Select Range Sequences

Sequence Number [ID]	Detail
[1]	<AA3_Sequence_1;AA3;Homo sapiens>
[2]	<AA3_Sequence_2;AA3;Mus musculus>
[3]	<AA3_Sequence_3;AA3;Saccharomyces cerevisiae>
[4]	<AA3_Sequence_4;AA3;Drosophila melanogaster>

2

3 Select range Sequence ID Numbers [Empty is All]

Use "," to separate yours ids selection, to select a range use "-" between the ids

Cancel Import sequence

Figure 74 Importer une séquence au format multiséquence

Le dernier format accepté pour le processus d'importation de séquences est le format texte brut (voir section 6.3). Ce format ne permet de définir qu'une seule séquence par fichier. Lorsqu'un fichier en texte brut est choisi dans le processus d'importation, le logiciel affiche le panneau de modification illustré dans la Figure . Le type de molécule de la séquence est le seul champ obligatoire.

C:\Users\bmcmmulle\everis\ST26 authoring tool - Desarrollo 2018\02 Delivery\09- Development\ficheros extremos de test\RAW\test_raw_long.txt Upload file [:.txt, .xml]

The file selected is in raw format. Please select the sequence molecule type in order to import the sequence.

Sequence Name	Molecule Type*
<input checked="" type="radio"/> Existing organism. <input type="radio"/> New organism.	
Organism name	Qualifier Molecule Type

Cancel Import sequence

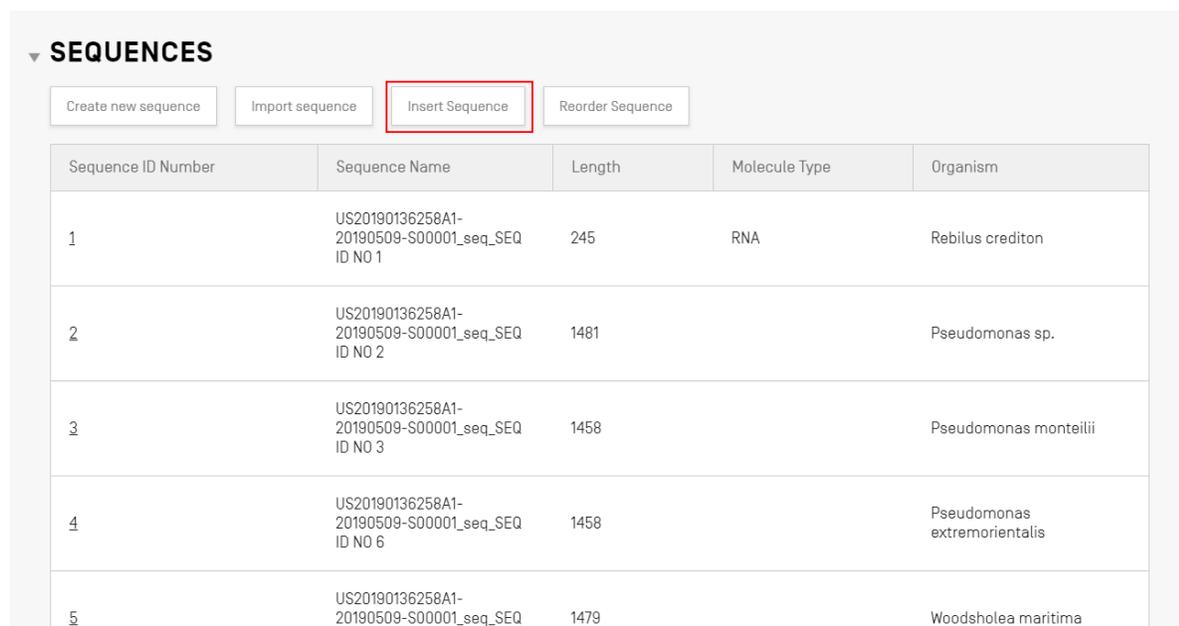
Figure 75 Importer une séquence au format texte brut

- 3) Pour finir, l'utilisateur doit cliquer sur le bouton bleu "Import sequence" (Importer une séquence).

Après l'importation, le logiciel présente la vue "Import Report" (Rapport d'importation) qui est décrite dans la section 5.4.

5.1.3.3 Insérer une séquence

Pour insérer une séquence à une position particulière dans le listage, l'utilisateur doit cliquer sur le bouton "Insert Sequence" (Insérer une séquence) en haut de la section consacrée aux séquences (ce bouton est mis en évidence dans la Figure).



The screenshot shows a web interface for managing sequences. At the top, there is a section titled "SEQUENCES" with a dropdown arrow. Below this title are four buttons: "Create new sequence", "Import sequence", "Insert Sequence" (highlighted with a red border), and "Reorder Sequence". Below the buttons is a table with the following data:

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism
1	US20190136258A1-20190509-S00001_seq_SEQ ID NO 1	245	RNA	Rebilus crediton
2	US20190136258A1-20190509-S00001_seq_SEQ ID NO 2	1481		Pseudomonas sp.
3	US20190136258A1-20190509-S00001_seq_SEQ ID NO 3	1458		Pseudomonas monteilii
4	US20190136258A1-20190509-S00001_seq_SEQ ID NO 6	1458		Pseudomonas extremorientalis
5	US20190136258A1-20190509-S00001_seq_SEQ	1479		Woodsholea maritima

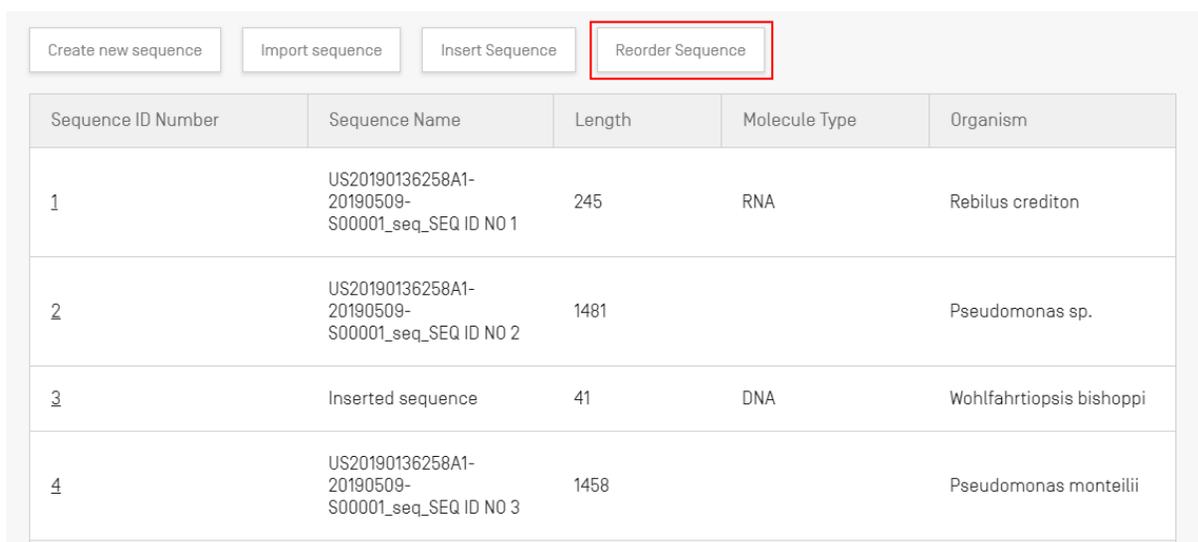
Figure 76 Insérer une séquence

Une zone grisée comportant un panneau apparaît (voir Figure). L'utilisateur doit fournir toutes les informations nécessaires pour créer une séquence (voir section 5.1.3.1), et il doit aussi indiquer, en haut et à gauche du panneau, la position à laquelle la séquence doit apparaître dans le listage (comme l'illustre la Figure).

5.1.3.4 Réordonner une séquence

L'utilisateur peut réorganiser l'ordre dans lequel les séquences devraient apparaître dans le listage du projet en effectuant les étapes suivantes. La transformation de l'ordre des séquences est illustrée de la Figure (début) à la Figure (résultat).

- 1) Cliquer sur le bouton "Reorder Sequence" (Réordonner une séquence) encadré dans la Figure .



Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism
1	US20190136258A1-20190509-S00001_seq_SEQ ID NO 1	245	RNA	Rebilus crediton
2	US20190136258A1-20190509-S00001_seq_SEQ ID NO 2	1481		Pseudomonas sp.
3	Inserted sequence	41	DNA	Wohlfahrtiopsis bishoppi
4	US20190136258A1-20190509-S00001_seq_SEQ ID NO 3	1458		Pseudomonas monteilii

Figure 79 Réordonner une séquence

- 2) Choisir la ou les séquences à déplacer, puis la position à laquelle elles doivent apparaître par rapport à l'ordre actuel du listage des séquences, comme le montre la Figure .



10 20190509-S00001_seq_SEQ ID NO 15 1458 Artificial sequence

1 2 3 4 5

Sequence Number [ID]*
3

New Sequence Position
2

To select a range use "-" between the ids

Cancel Reorder Sequence

Figure 80 Réordonner une séquence : panneau

- 3) La séquence apparaît à présent dans la Figure en seconde position.

SEQUENCES

Create new sequence Import sequence Insert Sequence Reorder Sequence

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism
1	US20190136258A1-20190509-S00001_seq_SEQ ID NO 1	245	RNA	Rebilus crediton
2	Inserted sequence	41	DNA	Wohlfahrtiopsis bishoppi
3	US20190136258A1-20190509-S00001_seq_SEQ ID NO 2	1481		Pseudomonas sp.
4	US20190136258A1-20190509-S00001_seq_SEQ ID NO 2	1458		Pseudomonas monteilii

Figure 81 Séquence réordonnée

5.1.3.5 Modifier une séquence

Pour modifier une séquence, l'utilisateur doit cliquer sur son numéro d'identifiant, comme illustré dans la Figure (Sequence ID "1").

SEQUENCES

Create new sequence Import sequence Insert Sequence Reorder Sequence

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	INSDSeqMoltype	Organism
1	Seq_1	23	DNA	Tinamus osgoodi

Figure 82 Modifier une séquence

Il ouvre ainsi une nouvelle section dans la vue détaillée du projet, sous la section des séquences, comme le montre la Figure .

Cette section concernant la séquence se compose du panneau de modification "Basic Information" (Informations générales) (1), du tableau contenant la liste "Features" (Caractéristiques) (2) et du panneau de modification des résidus "Sequences" (Séquences) (3).

GENERAL INFORMATION SEQUENCES

SEQUENCE 2

1 Sequence Number [ID] 2 Molecule Type DNA
 Sequence Name Inserted sequence Organism Wohlfahrtiopsis bishoppi
 Length 41

FEATURES

2 Add feature

Feature Key	Location	Qualifiers
source	1.41	mol_type = genomic DNA organism = Wohlfahrtiopsis bishoppi

SEQUENCE

3 gatagtatgt atatatagta gtatgatgat gatgatgga t 41

Figure 83 Modifier une séquence : afficher la séquence

5.1.3.6 Caractéristiques

En vertu de la norme ST.26 de l'OMPI, toute séquence DOIT s'accompagner d'au moins une caractéristique source ou SOURCE, selon le type de molécule.

Le tableau des caractéristiques comporte trois colonnes : Feature Key (Clé de caractérisation), Location (Emplacement de la caractéristique dans la séquence génétique) et Qualifier (qualificateur associé à une caractéristique de séquence donnée).

L'emplacement de la caractéristique indique dans quel segment de la séquence se trouve la caractéristique. Les formats autorisés pour indiquer l'emplacement de la caractéristique sont définis dans la norme ST.26 de l'OMPI et sont les suivants :

- Numéro de résidu unique : x
- Numéros de résidus définissant une fourchette : x..y
- Résidus se trouvant avant le premier ou après le dernier numéro de résidu défini : <x, >x, <x..y, x..>y, <x..>y
- Site entre deux nucléotides adjacents : x^y

- Numéros de résidu reliés par une liaison intrachaîne : x..y

On peut employer des **opérateurs** d'emplacement pour former des descriptions d'emplacement complexes :

- “**join** (location, location, ... location)” : Les emplacements sont joints (mis bout à bout) pour former une séquence contiguë.
- “**order** (location, location, ... location)” : Les éléments se trouvent dans l'ordre défini mais rien n'indique que l'on peut raisonnablement les joindre entre eux.
- “**complement** (location)” : Indique que la caractéristique est située sur le brin de codage complémentaire à la fourchette de séquences définie dans le descripteur d'emplacement lorsque la séquence est lue dans la direction 5' 3', ou dans la direction qui imite la direction 5' 3'.

Pour ajouter une nouvelle caractéristique à la séquence, cliquer sur le bouton “Add feature” (Ajouter une caractéristique) dans la section “Features” (Caractéristiques) de la séquence choisie, comme le montre la Figure ci-dessous.

▼ **SEQUENCE 2**

Sequence Number (ID) 2 Sequence Name Inserted sequence Length 41	Molecule Type DNA Organism Wohlfahrtiopsis bishoppi	
--	--	--

▼ **FEATURES**

Add feature

Feature Key	Location	Qualifiers
<u>source</u>	1..41	mol_type = genomic DNA organism = Wohlfahrtiopsis bishoppi

▼ **SEQUENCE**

gatagtatgt atatatagta gtatgatgat gatatatgga t	41
---	----

Figure 84 Ajouter une caractéristique

La zone grisée qui s'ouvre ensuite (illustrée dans la Figure) permet de choisir une entrée dans la liste déroulante des clés de caractérisation⁵ et de préciser l'emplacement de la caractéristique au sein de la séquence à laquelle la caractéristique s'applique.

▼ FEATURES

Add feature

Feature Key	Location	Qualifiers	
source	1..23	molType = genomic DNA organism = Tinamus osgoodi	🗑️

1

Feature 1

Feature Key*	Feature Location*
D_segment	4..15

For a detailed explanation of the format of the feature location please [click here](#)

▼ QUALIFIERS

Add qualifier

Cancel Create Feature

Figure 85 Ajouter une caractéristique : zone grisée

À ce stade, il est aussi possible d'ajouter des qualificateurs à la caractéristique, mais ceux-ci seront traités dans la prochaine section (section 5.1.3.7).

Un lien a été ajouté pour obtenir une explication détaillée du format de l'emplacement de la caractéristique. Ce lien se trouve à la fin de la phrase "click here" (cliquer ici). Il est mis en évidence dans la Figure 86 afin que l'utilisateur puisse facilement le repérer.

⁵ On trouvera dans la *norme ST.26 de l'OMPI, annexe I, sections 5 et 7* les tableaux de clés de caractérisation pour les nucléotides et les acides aminés.

Figure 86 Lien de l'emplacement de la caractéristique

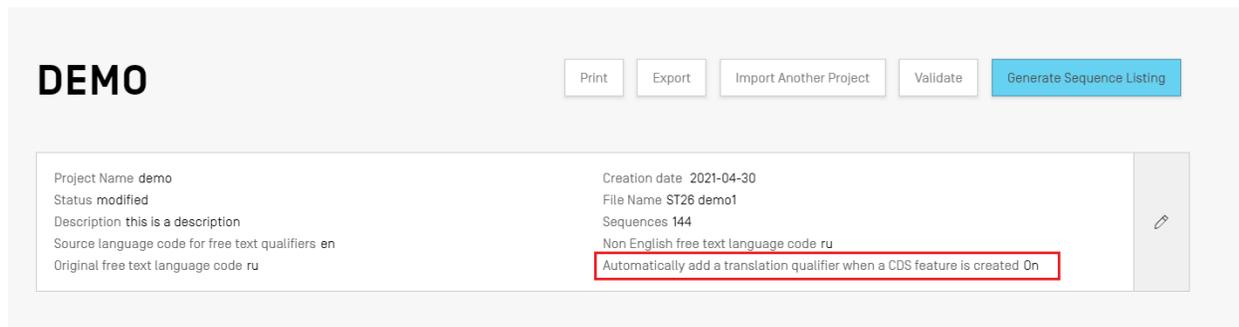
Pour finir, cliquer sur le bouton bleu “Create Feature” (Créer une caractéristique) comme le montre la Figure .

5.1.3.6.1 Caractéristiques CDS

Le type Caractéristique CDS est employé pour convertir un segment de la séquence auquel il appartient en séquence d'acides aminés associée mais distincte dans la liste des séquences figurant dans le projet. Au sein de la caractéristique CDS de la séquence originale, l'identifiant de référence de la séquence d'acides aminés traduite sera fourni dans le qualificateur “protein_id”.

Lorsque l'on crée une caractéristique CDS concernant une séquence, il est possible d'ajouter automatiquement un qualificateur “translation” (traduction) (dont la valeur par défaut du “Genetic Code” (Code génétique) est de 1 – “Standard Code” (Code normalisé)) pour traduire un groupe de résidus de la séquence en cochant la case dans les informations générales (Basic Information) (voir Figure 87 et Figure 88). Ce qualificateur n'est toutefois pas obligatoire et peut être supprimé après avoir été généré. L'utilisateur peut aussi créer lui-même manuellement un qualificateur intitulé “protein_id” et fournir comme référence l'identifiant de la séquence traduite associée.

Figure 87 Traitement automatique de la traduction de la caractéristique CDS : cocher pour activer cette fonction



The screenshot shows a software interface with a header area containing the word "DEMO" on the left and a row of buttons: "Print", "Export", "Import Another Project", "Validate", and "Generate Sequence Listing". Below this is a table of project details:

Project Name demo	Creation date 2021-04-30
Status modified	File Name ST26 demo1
Description this is a description	Sequences 144
Source language code for free text qualifiers en	Non English free text language code ru
Original free text language code ru	<input checked="" type="checkbox"/> Automatically add a translation qualifier when a CDS feature is created On

Figure 88 : Traitement automatique de la traduction de la caractéristique CDS activé

Si l'utilisateur souhaite que le qualificateur de traduction soit généré automatiquement, il peut définir la valeur du tableau de traduction et le nom de la séquence depuis le panneau de modification du qualificateur. Lorsque l'utilisateur crée la caractéristique, le logiciel effectue la traduction puis ajoute un qualificateur "protein_id" à la caractéristique ainsi qu'une nouvelle séquence comportant la valeur de la traduction.

La traduction ne sera effectuée à nouveau que si l'emplacement de la caractéristique ou les valeurs de l'un des qualificateurs "transl_table", "transl_except" ou "codon_start" sont modifiés; dans ce cas, la séquence associée sera mise à jour.

Note :

Si la valeur de la traduction est modifiée, la séquence associée est mise à jour automatiquement. En revanche, si la séquence de nucléotides associée est modifiée, la valeur du qualificateur de traduction ne change pas. Si le qualificateur "protein_id" est modifié après sa création, la séquence associée perd son association à la séquence originale.

Conseils concernant l'utilisation du codon d'arrêt :

En principe, les codons d'arrêt devraient se trouver uniquement à la fin de la caractéristique CDS, pour indiquer la fin de la séquence d'acides aminés codée. Ils ne devraient jamais se trouver au milieu d'une caractéristique CDS, à moins qu'il n'existe un qualificateur transl_except qui indique que le codon d'arrêt doit être traduit dans une séquence d'acides aminés donnée.

Si un codon d'arrêt se trouve au milieu d'une caractéristique CDS et qu'il n'y a pas de qualificateur transl_except indiquant que le codon d'arrêt doit être traduit dans une séquence d'acides aminés donnée, comme indiqué dans la Figure 89, l'outil devrait arrêter la traduction à cet endroit et un bandeau rouge s'afficher pour informer l'utilisateur qu'aucune traduction ne sera générée.

ERROR: No translated sequence will be generated as the CDS feature contains an improper internal stop codon. Please ensure that the correct genetic code table has been selected or whether qualifiers 'transl_except' or 'codon_start' are required.

FEATURES

Feature Key	Location	Qualifiers
<u>CDS</u>	1.14	translation
<u>source</u>	1.342	mol_type = other DNA organism = synthetic construct

SEQUENCE

```

atcTaaactc  atcctcatca  ctccattaaca  tcctcatctca  tctctctctac  tctctctctat  60
cactctctcat  cactctctcat  catctctctct  catctctctct  actctctctct  atcactctctc  120
    
```

Figure 89 : La case Traduction automatique est cochée et la séquence contient un codon d'arrêt inapproprié

Une erreur devrait en outre être répertoriée dans le rapport de vérification afin d'alerter l'utilisateur qu'il existe un problème dans le codage de sa séquence, comme indiqué dans la Figure 90.

Report generated on 2021-07-08

Severity	Data Element	Message Text	Detected Value	Detected Sequence
ERROR	Feature Key	The CDS feature contains an improper internal stop codon. Please ensure that the correct genetic code table has been selected or whether qualifiers 'transl_except' or 'codon_start' are required.	CDS	Sequence 1

The value of the qualifier

Figure 90 : Séquence contenant une erreur de vérification concernant un codon d'arrêt inapproprié

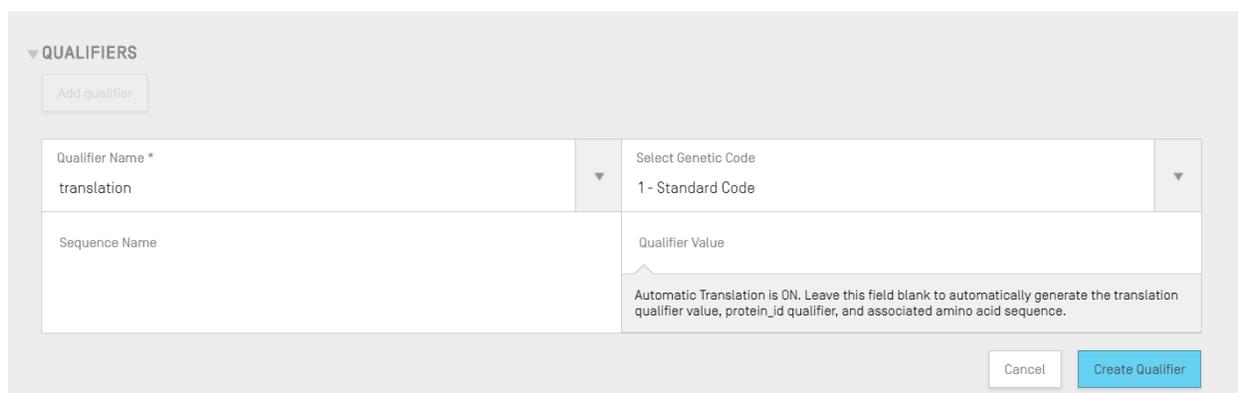
Création automatique d'une caractéristique CDS

Les étapes de création automatique d'un qualificateur de caractéristique CDS sont les suivantes :

- 1) Dans la séquence affichée, cliquer sur le bouton "Add feature" (Ajouter une caractéristique) et choisir "CDS" comme clé de caractérisation. Si la case

“automatically add a translation qualifier” (Ajouter automatiquement un qualificateur de traduction)” dans les informations générales est cochée, l'outil ajoutera automatiquement un qualificateur de traduction, sa valeur et un qualificateur identifiant de protéine et sa séquence d'acides aminés associée (le cas échéant) lorsqu'une caractéristique est ajoutée à une séquence de nucléotides.

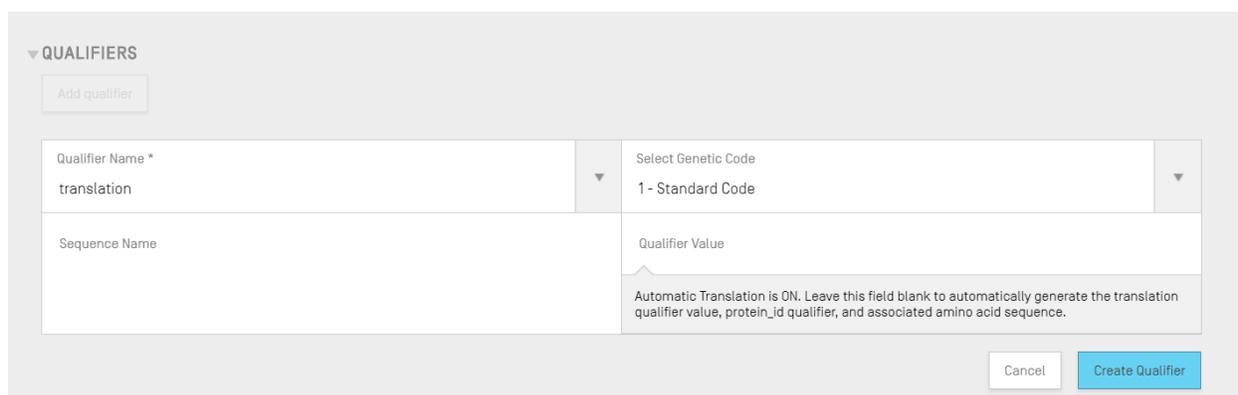
2) L'utilisateur peut aussi créer un qualificateur de traduction manuellement.



The screenshot shows a web interface for creating a translation qualifier. At the top left, there is a section titled 'QUALIFIERS' with a dropdown arrow and an 'Add qualifier' button. Below this, there is a form with two main sections. The first section has a 'Qualifier Name *' field containing 'translation' and a 'Select Genetic Code' dropdown menu set to '1 - Standard Code'. The second section has a 'Sequence Name' field and a 'Qualifier Value' field. A tooltip is visible over the 'Qualifier Value' field, stating: 'Automatic Translation is ON. Leave this field blank to automatically generate the translation qualifier value, protein_id qualifier, and associated amino acid sequence.' At the bottom right of the form, there are two buttons: 'Cancel' and 'Create Qualifier'.

Figure 91 Créer un qualificateur de traduction

3) Lorsque l'utilisateur a fini de modifier la caractéristique et ses qualificateurs connexes, il doit cliquer sur le bouton “Create Feature” (Créer une caractéristique) pour la sauvegarder. Un exemple de caractéristique CDS ainsi obtenue est présenté dans la Figure .



This screenshot is identical to Figure 91, showing the 'QUALIFIERS' form for creating a translation qualifier. It includes the 'Add qualifier' button, the 'Qualifier Name *' field with 'translation', the 'Select Genetic Code' dropdown set to '1 - Standard Code', the 'Sequence Name' field, the 'Qualifier Value' field with a tooltip, and the 'Cancel' and 'Create Qualifier' buttons.

Figure 92 Caractéristique CDS

Le logiciel crée alors une **nouvelle séquence*** dans le projet avec les attributs suivants :

- **Sequence ID Number** = valeur disponible suivante d'identifiant de séquence
- **Length** = longueur de la séquence traduite

- **Sequence Name** = valeur donnée au champ “Sequence Name” (Nom de la séquence) du qualificateur “translation” (traduction) (voir Figure). Si aucun nom n’est indiqué, un nom par défaut (“Seq_#”) est attribué à la séquence.
- **Molécule Type** (Type de molécule) = “AA”
- **Organism Name** = le nom de l’organisme est identique à celui qui a été fourni dans la séquence originale
- **Qualifier Molécule Type** (Type de molécule du qualificateur) = “protein” (protéine)
- **Sequence Residues** (Résidus de la séquence) = valeurs traduites de la séquence originale

Un exemple de résultat de ce processus est présenté dans la Figure .

SEQUENCE 20

Sequence Number (ID) 20 Sequence Name ST26 demo_seq_8 Length 4	Molecule Type AA Organism synthetic construct	✎
--	--	---

▼ FEATURES

Add feature

Feature Key	Location	Qualifiers
COILED	1..4	NOTE = qual val
SOURCE	1..4	MOL_TYPE = protein ORGANISM = synthetic construct

⏪ ⏩ 1 ⏪ ⏩

Figure 93 Caractéristique CDS : séquence générée

*** Note concernant la création de la séquence traduite :**

La séquence traduite n’est créée que si sa longueur est d’au moins 4 caractères, les caractères “X” étant exclus du décompte (ainsi, AXTG compte pour 3 caractères).

Si le qualificateur “translation” (traduction) est modifié et que sa valeur passe en deçà de 4 caractères, la traduction de la séquence associée est retirée, de même que le qualificateur “id_protein”.

5.1.3.7 Qualificateurs

Pour voir les qualificateurs d’une caractéristique, l’utilisateur doit d’abord choisir celle-ci dans le tableau des caractéristiques de la séquence pertinente. Dans l’exemple de la Figure , la caractéristique “source” est mise en évidence.

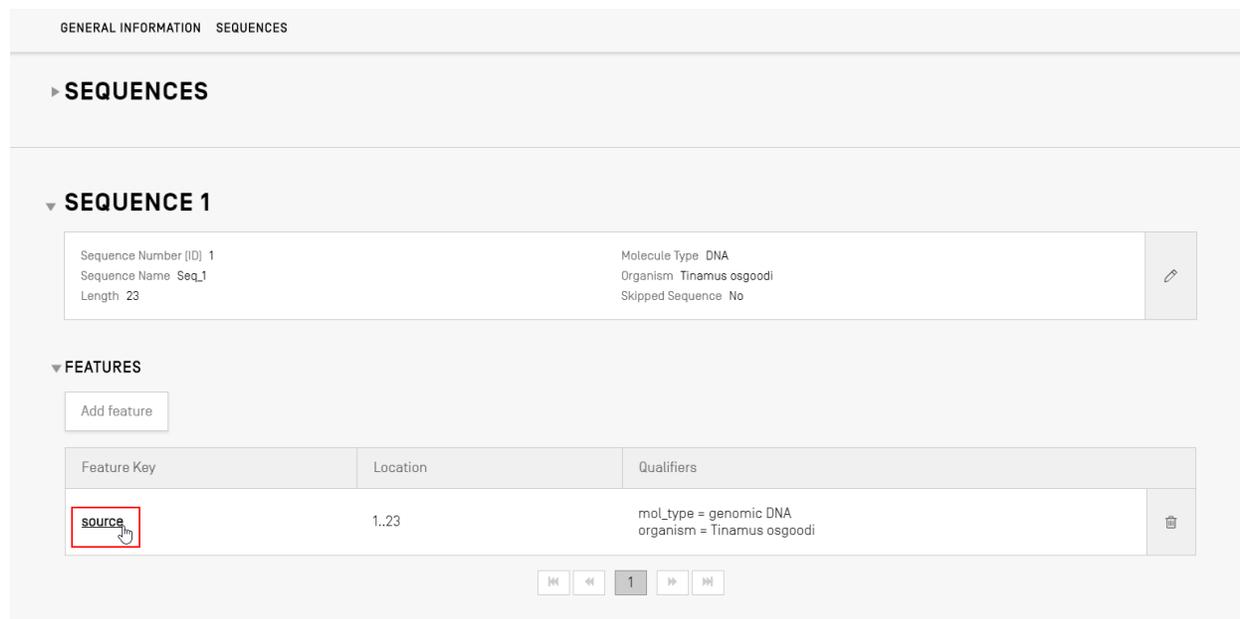


Figure 94 Voir les qualificateurs

Un clic sur une clé de caractérisation ouvre la zone grisée correspondante, comme le montre la Figure .

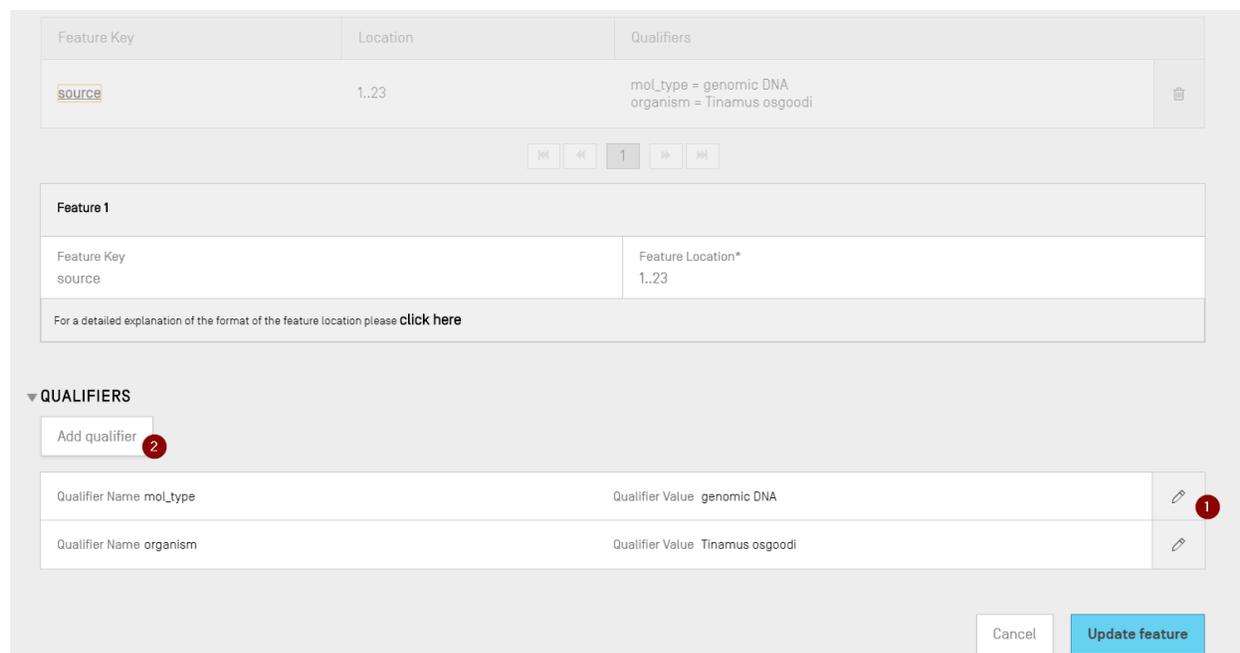


Figure 95 Ajouter ou modifier des qualificateurs

Les qualificateurs existants peuvent être modifiés en cliquant sur l'icône représentant un crayon à droite de chaque ligne (1); l'utilisateur peut aussi ajouter un nouveau qualificateur à la caractéristique choisie en cliquant sur le bouton "Add qualifier" (Ajouter un qualificateur) (2).

Lorsque l'utilisateur modifie ou ajoute un qualificateur, il voit s'afficher les deux champs illustrés dans la Figure : "Qualifier Name"⁶ (Nom du qualificateur, à sélectionner dans une liste déroulante) et "Qualifier Value" (Valeur du qualificateur).

The screenshot shows a web interface titled "QUALIFIERS". At the top left, there is a button labeled "Add qualifier". Below it is a table with two rows of existing qualifiers:

Qualifier Name	Qualifier Value	
mol_type	genomic DNA	
organism	Tinamus osgoodi	

Below the table is a form to create a new qualifier. It consists of a "Qualifier Name" dropdown menu with a list of options: cell_line, cell_type, chromosome, clone, and clone_lib. To the right is a "Qualifier Value" text input field. At the bottom right of the form are two buttons: "Cancel" and "Create Qualifier".

Figure 96 Qualificateurs : panneau

Le champ "Qualifier Value" (Valeur du qualificateur) a un comportement différent selon le type de qualificateur :

- **Qualificateurs à valeurs prédéfinies.** Le champ de valeur est une liste déroulante dans laquelle l'utilisateur peut choisir l'une des valeurs prédéfinies pour ce qualificateur, comme le montre l'exemple ci-après :

The screenshot shows a close-up of the "Qualifier Value" dropdown menu. The "Qualifier Name" is "organelle". The dropdown list contains the following options: chromatophore, hydrogensome (highlighted in blue), mitochondrion, and nucleomorph.

- **Qualificateurs de texte libre.** Le champ de valeur est un champ de texte libre. Outre le nom du qualificateur et la valeur du qualificateur, qui ne peut prendre que la valeur anglais, deux champs supplémentaires apparaissent pour permettre à l'utilisateur de

⁶ On trouvera dans la *norme ST.26 de l'OMPI, annexe I, sections 6 et 8* la liste de tous les qualificateurs possibles pour les nucléotides et les acides aminés.

saisir un code langue (p. ex. "ru") et la valeur de la langue correspondante dans le champ Non English Qualifier Value (Valeur de qualificateur autre que l'anglais) :

Le champ code langue doit être paramétré avec la même valeur que le "Code langue du texte libre autre que l'anglais" indiqué dans les Informations détaillées du projet.

L'utilisateur peut saisir une série de valeurs autres que l'anglais (Non English) pour chaque langue sélectionnée soit manuellement, soit en important la langue associée appropriée à partir d'un fichier XLIFF (voir la section Error! Reference source not found. pour de plus amples informations sur l'importation).

- **Qualificateurs à format prédéfini.** Le champ de valeur est un champ de texte libre, mais la valeur saisie doit être validée pour garantir sa conformité aux règles spécifiques énoncées dans l'annexe I, section 6 de la norme ST.26 de l'OMPI⁷. Dans l'exemple proposé, la date n'a pas été saisie au format exigé :

- **Qualificateurs sans valeur autorisée.** Le champ de valeur du qualificateur n'est pas modifiable, comme l'illustre l'exemple ci-dessous :

⁷ On trouvera dans la norme ST.26 de l'OMPI, annexe I, section 6 les règles concernant ces qualificateurs.

Lorsqu'il a terminé, l'utilisateur doit cliquer sur le bouton bleu "Create Qualifier" (Créer un qualificateur) pour ajouter le nouveau qualificateur, ou sur "Save" (Sauvegarder) pour enregistrer les changements apportés au qualificateur existant.

La dernière étape, après l'ajout ou la modification du ou des qualificateurs, consiste à cliquer sur le bouton "Update feature" (Mettre à jour la caractéristique) en bas de la zone grisée, comme le montre la Figure pour continuer.

The screenshot shows a web interface for editing a feature. At the top, there is a section titled "Feature 2" with a table containing "Feature Key" (source) and "Feature Location*" (1..339). Below this is a link for a detailed explanation of the feature location format. Underneath is a section titled "QUALIFIERS" with an "Add qualifier" button. A table lists two qualifiers: "mol_type" with value "other DNA" and "organism" with value "synthetic construct". Each row has an edit icon. At the bottom right, there are "Cancel" and "Update feature" buttons, with the latter highlighted by a red box.

Feature 2	
Feature Key source	Feature Location* 1..339
For a detailed explanation of the format of the feature location please click here	

▼ QUALIFIERS

Add qualifier

Qualifier Name mol_type	Qualifier Value other DNA	
Qualifier Name organism	Qualifier Value synthetic construct	

Cancel Update feature

Figure 97 Mettre à jour la caractéristique

5.2 RAPPORT DE VERIFICATION

Pour ouvrir le rapport de vérification du listage des séquences d'un projet depuis la vue détaillée de celui-ci, l'utilisateur peut cliquer sur le lien "VERIFICATION REPORT" (RAPPORT DE VÉRIFICATION) dans la barre de menu en haut de la vue.

On trouvera de plus amples détails sur la manière de générer le rapport de vérification dans la section **5.1.1.3**.

The screenshot shows the WIPO Sequence web application interface. At the top, a dark navigation bar contains the logo and menu items: 'WIPO | Sequence', 'VALID', 'VERIFICATION REPORT' (highlighted with a red box), 'FREE TEXT QUALIFIERS', 'IMPORT REPORT', 'DISPLAY THE SEQUENCE LISTING', 'HELP', 'PREFERENCES', 'ENGLISH', and a 'Return to project home' button. Below the navigation bar, the main content area is titled 'GENERAL INFORMATION SEQUENCES'. The central part of the page features a large 'VALID' status indicator. To its right are several buttons: 'Print', 'Export', 'Import Another Project', 'Validate', and 'Generate Sequence Listing'. Below these buttons is a table with project details:

Project Name valid	Creation date 2021-07-06
Status modified	File Name validSTS
Description	Sequences 3
Source language code for free text qualifiers en	Non English free text language code
Original free text language code	Automatically add a translation qualifier when a CDS feature is created Off

At the bottom of the page, there is a section header 'GENERAL INFORMATION'.

Figure 98 Rapport de vérification : vue et bouton

Deux vues peuvent apparaître selon que le listage des séquences du projet est validé ou non : celle de la Figure , qui illustre le cas où des erreurs ou des avertissements ont été générés, et celle de la Figure , si la validation a réussi.

Report generated on 2021-07-06

<input type="checkbox"/>	Severity	Data Element	Message Text	Detected Value	Detected Sequence
<input checked="" type="checkbox"/>	ERROR	Feature Location	The feature location includes a residue number less than 1, which is invalid.	-2	Sequence 10
<input type="checkbox"/>	ERROR	Sequence Residue	The sequence contains the invalid nucleotide symbol u at position 10. Nucleotide sequences must only contain the symbols set forth in WIPO ST.26 Annex I, Section 1.	-	Sequence 14
<input type="checkbox"/>	ERROR	Sequence Residue	The sequence contains the invalid nucleotide symbol u at position 2. Nucleotide sequences must only contain the symbols set forth in WIPO ST.26 Annex I, Section 1.	-	Sequence 14
<input type="checkbox"/>	ERROR	Sequence Residue	The sequence contains the invalid nucleotide symbol u at position 8. Nucleotide sequences must only contain the symbols set forth in WIPO ST.26 Annex I, Section 1.	-	Sequence 14
<input type="checkbox"/>	ERROR	Sequence Residue	The sequence contains the invalid nucleotide symbol u at position 18. Nucleotide sequences must only contain the symbols set forth in WIPO ST.26 Annex I, Section 1.	-	Sequence 14

Figure 99 Rapport de vérification : erreurs

L'utilisateur a la possibilité de supprimer en bloc des séquences en cochant la case située dans la première colonne et en cliquant sur le bouton "Delete Selected Sequences" (Supprimer les séquences sélectionnées) (voir Figure)

Il est possible d'exporter le rapport de vérification au format PDF en cliquant sur le bouton "Print Report" (Imprimer le rapport) apparaissant dans le coin supérieur droit de la Figure . Le rapport généré sera affiché dans le lecteur de PDF, comme indiqué dans la section 3.2.



Figure 100 Rapport de vérification : aucune erreur

5.3 QUALIFICATEURS DE TEXTE LIBRE

Les qualificateurs permettant de saisir une valeur en texte libre dans un projet sont présentés plus en détail dans la vue “FREE TEXT QUALIFIERS” (QUALIFICATEURS DE TEXTE LIBRE) de la page Projets.

Lorsqu'un qualificateur de texte libre est ajouté au projet en cours, il est aussi ajouté à cette vue, comme le montre la Figure .

Sequence ID Number	Sequence Name	Feature Key	Feature Location	Qualifier ID	Qualifier Name	Qualifier Value	Non English Qualifier Value-(ko)	Available language codes
1	basic_seq_1	source	1.26	q1	organism	Una virus	organism Ko	ko

Figure 101 Vue Qualificateurs de texte libre

L'utilisateur peut modifier la valeur en texte libre traduite qui est associée à un qualificateur en cliquant sur la valeur “Name” (Nom) du qualificateur, comme le montre la Figure , ce qui ouvre une zone grisée comportant un panneau de modification.

5.3.1 Importer des qualificateurs de texte libre

Si l'utilisateur clique sur le bouton “IMPORT FREE TEXT QUALIFIERS” (Importer des qualificateurs de texte libre), le logiciel ouvrira l'explorateur de fichiers et l'utilisateur pourra parcourir les dossiers jusqu'à ce qu'il trouve et sélectionne le fichier (.XLIFF) qu'il veut importer puis affichera plusieurs étapes de validation afin de s'assurer que les bonnes mises en correspondances ont été effectuées.

Le fichier sélectionné doit contenir les éléments de données suivants :

- Le nom du projet
- Le code de la langue cible
- Le code de la langue source
- Pour chaque élément unitaire XLIFF :
 - L'identifiant unique du qualificateur (suivant le format : un chiffre précédé de la lettre “q”)
 - La valeur du qualificateur dans la balise de la langue source
 - La valeur du qualificateur dans la balise de la langue cible

```
<xliff xmlns:xsi="http://www.w3.org/2001/XMLSchema-instance" xsi:schemaLocation="urn:oasis:names:tc:xliff:document:1.2 http://docs.oasis-open.org/xliff/v1.2/os/xliff-core-1.2.xsd" >
  <file original="basic1" datatype="plaintext" source-language="en" target-language="fr" >
    <body >
      <trans-unit id="q1" sequenceIDNumber="1" sequenceName="basic_seq_1" featureKey="source" featureLocation="1..26" qualifierName="organism" >
        <source>Una virus</source>
        <target>organism fr</target>
      </trans-unit>
      <trans-unit id="q2" sequenceIDNumber="2" sequenceName="basic_seq_2" featureKey="source" featureLocation="1..26" qualifierName="organism" >
        <source>Una virus</source>
        <target>organism fr</target>
      </trans-unit>
    </body >
  </file >
</xliff >
```

Figure 102 Exemple de fichier XLIFF valide

Une fois le fichier à importer sélectionné, le logiciel demandera de vérifier si l'on veut vraiment continuer en confirmant les étapes de vérification (voir Figure 103 à Figure 107).

- Le système compare le nom du projet dans le fichier source avec le nom du projet sélectionné :

Sequence ID Number	Sequence Name	Feature Key	Feature Location	Qualifier ID	Qualifier Name	Qualifier Value	Non English Qualifier Value-[bm]	Available language codes
1	basic_seq_1	source	1..26	q1	organism	Una virus	organism	bm

Figure 103 Validation du nom du projet

- Le système informera l'utilisateur si aucune correspondance n'a été trouvée pour certains qualificateurs :

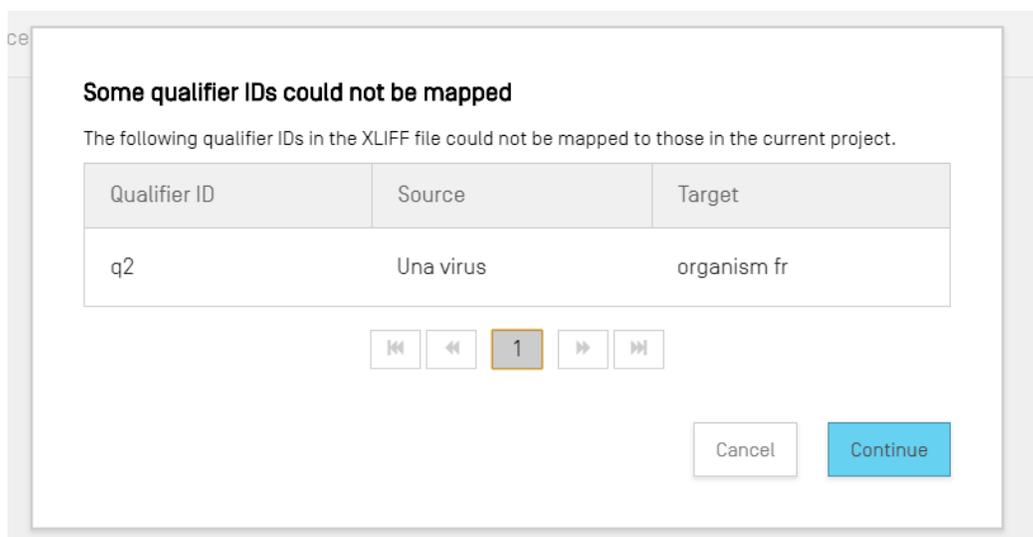


Figure 104 Validation des mises en correspondance des qualificateurs

- Le système informera l'utilisateur des modifications liées à la langue source et aux valeurs des qualificateurs :

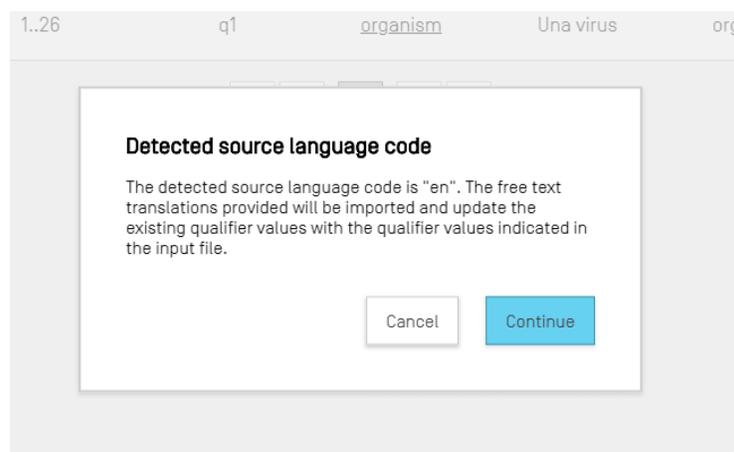


Figure 105 Validation de la langue source

- Le système informera l'utilisateur des modifications liées à la langue cible et aux valeurs traduites associées aux qualificateurs :

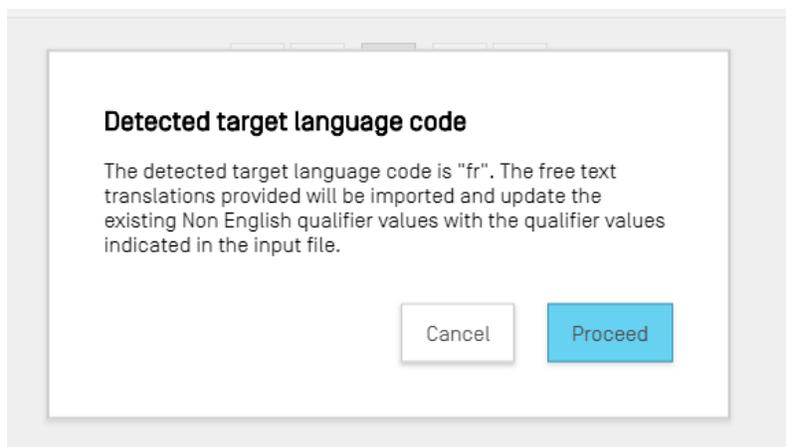


Figure 106 Validation de la langue cible

Après quoi, l'utilisateur recevra le message suivant qui s'affichera en haut de l'écran en bleu : "SUCCESS: THE FREE TEXT QUALIFIER HAS BEEN IMPORTED SUCCESSFULLY" (OPÉRATION RÉUSSIE : le qualificateur de texte libre a été importé avec succès) ainsi qu'un rapport présentant le détail des champs concernés avec leurs valeurs précédentes et leurs valeurs actuelles importées.

WIPO | Sequence BASIC VERIFICATION REPORT FREE TEXT QUALIFIERS IMPORT REPORT DISPLAY THE SEQUENCE LISTING HELP PREFERENCES ENGLISH Return to project home

SUCCESS: The free text qualifiers have been imported correctly

< RETURN TO FREE TEXT QUALIFIERS

IMPORT FREE TEXT QUALIFIERS REPORT

Sequence ID Number	Feature Key	Feature Location	Qualifier ID	Qualifier Name	Original qualifier value	Previous Non English qualifier value	Current Non English qualifier value	Affected field
1	source	1..26	q1	organism	Una virus		organism fr	Non English Qualifier Value - [fr]

1

Figure 107 Rapport d'importation de qualificateurs de texte libre

L'utilisateur peut revenir à la vue Qualificateur de texte libre en cliquant sur le bouton "RETURN TO FREE TEXT QUALIFIERS" (Retour aux qualificateurs de texte libre), mis en évidence dans la Figure 107.

5.3.2 Exporter des qualificateurs de texte libre

Si l'utilisateur clique sur le bouton "EXPORT FREE TEXT QUALIFIERS" (Exporter les qualificateurs de texte libre) en haut de la vue, puis sélectionne dans la boîte de dialogue le nom du fichier et l'emplacement où enregistrer le fichier texte de qualificateurs, **tous** les

qualificateurs de texte libre du projet seront exportés et enregistrés dans un fichier au format XLIFF.

Ce fichier comprendra :

- La langue source du projet.
- La langue cible du projet.
- Les valeurs des qualificateurs de texte libre.
- Les valeurs en texte libre traduites associées aux qualificateurs⁸.
- Les informations associées au qualificateur et à la caractéristique communiqués dans le tableau présenté dans la Figure 107.

Il est possible de consulter, de modifier d'importer à nouveau ce fichier dans le logiciel après avoir fourni la traduction appropriée en suivant les étapes indiquées dans la section 5.3.1.

5.4 RAPPORT D'IMPORTATION

Si un projet est importé à partir d'un listage des séquences (aux formats ST.25 ou ST.26) ou lorsque l'utilisateur importe plusieurs séquences à partir d'un fichier (aux formats ST.26, ST.25, texte brut, FASTA ou multiséquence), le rapport d'importation correspondant comporte un tableau indiquant toutes les modifications apportées aux données pour adapter le listage des séquences importé au format exigé.

Si un projet n'a pas été créé par un processus d'importation et qu'aucune séquence n'a été importée dans ce projet, la vue Rapport d'importation affiche le bandeau illustré dans la Figure .

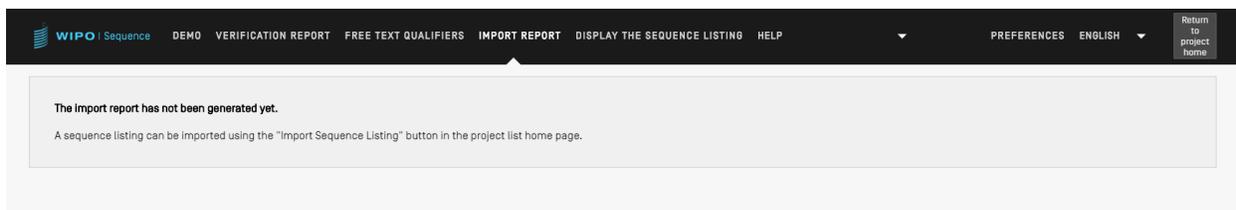


Figure 108 Vue Rapport d'importation : aucune importation effectuée

Si une importation est effectuée avec succès et que le projet est créé, la vue peut afficher les deux tableaux suivants :

- Le tableau du rapport d'importation (voir section 5.4.1)

⁸ La traduction du code langue du texte libre sélectionné autre que l'anglais fournie dans le projet durant l'exportation.

- Le tableau des données modifiées (voir section 5.4.2)

5.4.1 Tableau du rapport d'importation

Type of Note	Data Element	Message Text	Detected Sequence
Global		Please provide appropriate value(s) for the qualifier 'mol_type' of the following SEQ ID NO(s): 5, as prescribed by Annex VII, ST.26.	
Global		Mandatory features source/SOURCE have been automatically created with the exception of intentionally skipped sequences.	
Global	<300> - <313>	SEQ ID NOs: [4] contain publication information (ST.25 numeric identifiers <300> to <313>) that has not been imported into the project. This information can be inserted into the accompanying application body, if not already contained therein: SEQ ID: 4 => fields	
Global	<221>	Mandatory features source/SOURCE have been automatically created with the exception of intentionally skipped sequences.	
Global	<400>	Three-letter amino acid symbols have been replaced with their corresponding one-letter codes.	

Figure 109 Rapport d'importation généré

Le tableau du rapport d'importation n'est affiché que lorsque l'importation d'un fichier a provoqué des erreurs; il contient alors les colonnes suivantes :

- **“Type of note”** (Type de note) : “INDIVIDUAL” (INDIVIDUELLE) pour un message concernant une séquence particulière, ou “GLOBAL” (GLOBALE) pour un message concernant une ou plusieurs séquences de manière générale;
- **“Data element code”** (Code d'élément de donnée) : valeur reprise du fichier source aux fins des listages des séquences ST.25;
- **“Message text”** (Texte du message) : message détaillé contenant des informations sur le problème détecté et sur les modifications à apporter pour le régler (le cas échéant);
- **“Detected sequence”** (Séquence détectée) : numéro de la séquence importée liée au message (lorsque le type est “INDIVIDUAL”, sinon ce champ reste vide).

5.4.2 Tableau des données modifiées

The screenshot shows the WIPO Sequence application interface. At the top, there is a navigation bar with the WIPO logo and several menu items: DEMO, VERIFICATION REPORT, FREE TEXT QUALIFIERS, IMPORT REPORT, DISPLAY THE SEQUENCE LISTING, HELP, PREFERENCES, ENGLISH, and a 'Return to project home' button. Below the navigation bar, there are two rows of data in a table format. The first row shows a 'Global' element with tag '<221>' and a note: 'Mandatory features source/SOURCE have been automatically created with the exception of intentionally skipped sequences.' The second row shows a 'Global' element with tag '<400>' and a note: 'Three-letter amino acid symbols have been replaced with their corresponding one-letter codes.' Below this, there are navigation buttons for page 1 and 2. The main section is titled 'Change Data' and contains a table with the following data:

Origin Tag	Origin Element Name	Origin Element Value	Target Element Name	Target Element Value	Transformation	Sequence ID Number
<222>	Feature Location		Feature Location	1..184	A feature location has been specified automatically since one was not provided.	4
<221>	Name/Key		Feature Key	REGION	The custom feature key has been replaced with a recommended key (see Annex VII, ST.26).	4
<223>	Other information		Qualifier Name	NOTE	A 'Note' qualifier has been created.	4
<223>	Other information		Qualifier Value	synthetically generated sequence	A value has been added to qualifier.	4

Below the table, there are navigation buttons for page 1 and 2.

Figure 110 Tableau des données modifiées

Ce tableau affiche toutes les données ayant subi des transformations ou des modifications au cours du processus d'importation. Il contient les données suivantes (voir **Error! Reference source not found.**) :

- **“Origin Tag”** (Balise source) : code de l'élément de donnée correspondant au type d'élément dans des listages des séquences ST.25;
- **“Origin Element Name”** (Nom de l'élément source) : nom correspondant au type d'élément;
- **“Origin Element Value”** (Valeur de l'élément source) : valeur correspondant à l'élément original dans le fichier source;
- **“Target Element Name”** (Nom de l'élément cible) : nom de l'élément équivalent dans le format ST.26 si l'information va être stockée dans le projet;
- **“Target Element Value”** (Valeur de l'élément cible) : valeur qui sera attribuée au nom de l'élément cible dans le projet;
- **“Transformation”** : description des modifications ou des transformations subies par l'élément;
- **“Sequence ID Number”** (Numéro ID de la séquence) : numéro d'identifiant de la séquence correspondant à l'élément transformé dans le projet.

5.5 AFFICHER UN LISTAGE DES SÉQUENCES

WIPO Sequence permet de générer un listage des séquences sous un format plus facile à lire pour l'utilisateur que le XML. Lorsque la vue "DISPLAY THE SEQUENCE LISTING" (AFFICHER LE LISTAGE DES SÉQUENCES) est présentée, elle contient tout d'abord un bandeau bleu indiquant que la génération du fichier de listage des séquences a réussi, et deux options permettant d'afficher ce listage dans un format (.html) ou (.txt) (voir **Error! Reference source not found.**).

On trouvera de plus amples détails sur la manière de générer un listage des séquences dans la section **5.1.1.5**.

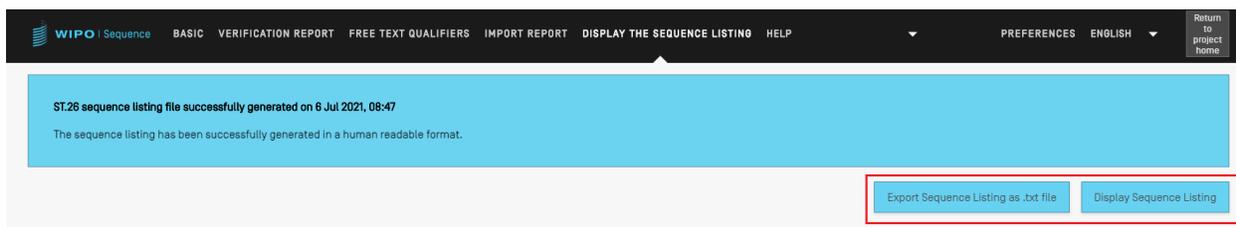


Figure 111 Afficher un listage des séquences : listage généré

Si la génération du listage des séquences a échoué pour un projet donné, les boutons d'affichage du listage et d'importation du listage des séquences en tant que fichier .txt sont désactivés dans la vue correspondante et le message présenté dans la **Error! Reference source not found.** va s'afficher.

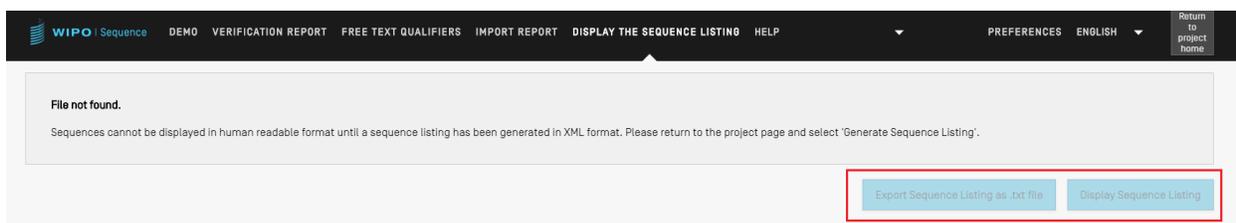


Figure 112 Afficher un listage des séquences : listage non généré

Lorsque l'utilisateur clique sur le bouton "Display Sequence Listing" (Afficher le listage des séquences), un fichier HTML s'ouvre dans le navigateur défini par défaut. Il présente les données du fichier XML ST.26 de telle sorte que les valeurs de certains champs soient plus faciles à lire. Un exemple est proposé dans la Figure.

Note :

Pour afficher le listage des séquences dans une autre langue, ce listage doit être à nouveau généré. Il faut d'abord choisir la nouvelle langue d'interface dans le logiciel, puis répéter les étapes décrites ci-dessus.

← → ↻ 🏠 ⓘ File | C:/Users/ /AppData/Roaming/ST26_authoring/Project_458/generated.html

Sequence Listing

Sequence Listing Information

File Name	validSTS.xml
DTD Version	V1_3
Software Name	WIPO Sequence
Software Version	1.1.0-beta.7
Production Date	2021-07-06

General Information

Current application: IP Office	US
Current application: Application number	1231123343
Current application: Filing date	2019-05-02
Current application: Applicant file reference	app_file_ref
Earliest priority application: IP Office	US
Earliest priority application: Application number	1231123343
Earliest priority application: Filing date	2019-04-30
Applicant name	Vault Tec
Applicant name: Language	en
Applicant name: Name Latin	
Inventor name	Vault Tec
Inventor name: Language	en
Inventor name: Name Latin	
Invention title	FEV (en)
Invention title	fdF (ru)
Sequence Total Quantity	3

Sequences

Figure 113 Afficher un listage des séquences : fichier HTML

Note : L'emplacement du fichier HTML sera affiché dans la barre d'adresse du navigateur de l'utilisateur, ce qui permet de copier le fichier dans un emplacement différent.

Lorsque l'utilisateur clique sur le bouton "Export Sequence Listing as .txt file" (Exporter le listage des séquences en tant que fichier .txt), un fichier texte s'ouvrira. Il donne une vue formatée du fichier XML conforme à la norme ST.26, de sorte que les valeurs de certains champs particuliers sont plus visibles pour l'utilisateur. Un exemple est présenté dans la Figure 114.

Sequence Listing Information:

DTD Version: V1_3
 File Name: validSTS.xml
 Software Name: WIPO Sequence
 Software Version: 1.1.0-beta.7
 Production Date: 2021-07-06

General Information:

Current application / IP Office: US
 Current application / Application number: 1231123343
 Current application / Filing date: 2019-05-02
 Current application / Applicant file reference: app_file_ref
 Earliest priority application / IP Office: US
 Earliest priority application / Application number: 1231123343
 Earliest priority application / Filing date: 2019-04-30
 Applicant name: Vault Tec
 Applicant name / Language: en
 Inventor name: Vault Tec
 Inventor name / Language: en
 Invention title: FEV (en)
 Invention title: fdf' (ru)
 Sequence Total Quantity: 3

Sequences:

Sequence Number (ID): 1
 Length: 368
 Molecule Type: DNA
 Features Location/Qualifiers:
 - source, 1..368
 > mol_type, other DNA
 > organism, synthetic construct
 - STS, 1
 - STS, 2..4

Residues:

atcatgctaa	tcatgctagc	tagtagctga	tgatcatgct	agcatcatgc	taatcatgct	60
agctagtagc	tgatgatcat	gctagctagt	agctgatgat	catgctagct	agtagctgat	120
gatcatgcta	gctagtagct	gatgatcatg	ctagctagta	gctgatgctc	atgctagcta	180
gtagctgatg	atcatgctag	ctagtagctg	atggctagta	gctgatgtag	tagctgatga	240
tcatgctagc	tagtagctga	tgatcatgct	agctagtagc	tgatgatcat	gctagctagt	300
agctgatgat	catgctagct	agtagctgat	gatcatgcta	gctagtagct	gatggctagt	360
agctgatg						368

Sequence Number (ID): 2

Length: 368
 Molecule Type: RNA
 Features Location/Qualifiers:
 - source, 1..368
 > mol_type, genomic RNA
 > organism, Asaccus elisae
 - gene, 1
 - gene, 2..4

Figure 114 Affichage d'un listage des séquences : fichier TXT

5.6 AIDE

Le logiciel permet à l'utilisateur de visualiser les options d'aide disponibles pour obtenir une assistance concernant son utilisation (voir Figure 115).

Les options d'aide dirigent l'utilisateur vers des informations qui :

- fournissent un lien vers le Manuel de l'utilisateur;
- fournissent un lien vers la FAQ;
- fournissent un lien pour contacter l'OMPI;
- fournissent un lien vers la norme ST.26;
- décrivent le logiciel.

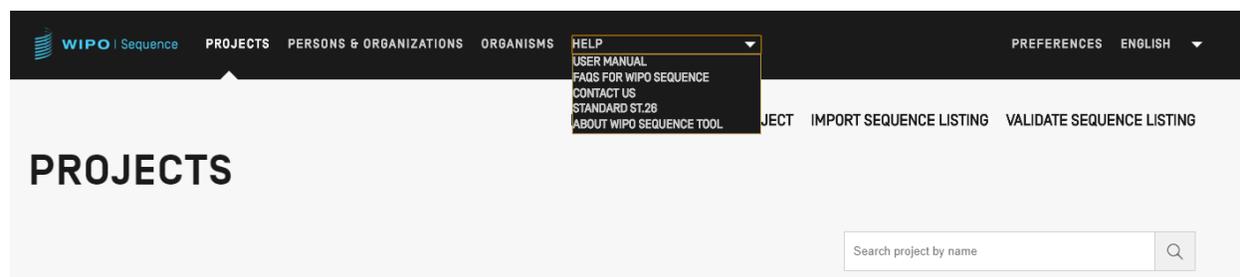


Figure 115 Aide

5.7 PREFERENCES

La dernière vue permet à l'utilisateur de définir des propriétés particulières qui s'appliquent à tous les projets précédemment détaillés.

On trouvera de plus amples détails à ce sujet dans la section 4.4.

6 FORMATS DE FICHER

6.1 ST.25

Le format des fichiers conformes à la norme ST.25 de l'OMPI est décrit en détail dans le document suivant :

<https://www.wipo.int/export/sites/www/standards/fr/pdf/03-25-01.pdf>

6.2 MULTISEQUENCE

Le format multiséquence⁹ permet de décrire une ou plusieurs séquences, ainsi que leur nom, le type de molécule et le nom de l'organisme; c'est l'un des formats autorisés pour importer des séquences au moyen du logiciel PatentIn.

La première ligne de texte non vide est l'en-tête, qui comporte les éléments suivants :

```
<SequenceName; SequenceType; OrganismName>
```

Les données relatives aux séquences commencent à la ligne suivant l'en-tête. Toute nouvelle séquence est délimitée par une nouvelle ligne dans le fichier, à la fin du code génétique de la séquence précédente. L'exemple ci-après présente un ensemble de deux séquences définies au format multiséquence.

Exemple :

```
<Première séquence; ARN; Albies alba>
```

```
uuuucuauuuguuucuccuacugcuuaucauaaugauugucguaguggcuuccucaucgucucccccacc  
gccuaccacaacgacugccgcagcggauuacuaauaguaucaccaacagcauaacaaaaagaugacgaa  
gagggguugcugauggugucgccgacggcguagcagaaggaguggcggagggg
```

```
<Deuxième séquence; ADN; Albies alba>
```

```
attgaugtuagtgauugugtautgaugtuagutguagtautgaugtauaauuauugtggtgagututuga  
uatguaautgautugtugutattgaugtuagtgauugugtautgaugtuagutguagtautgaugtaua  
auuauugtggtgagututugauatguaautgautugtugutuagt
```

⁹ https://www.uspto.gov/sites/default/files/patents/resources/tools/checker/patentin351_20110214_6.pdf.

6.3 TEXTE BRUT

Ce format ne permet de décrire qu'une seule séquence. Le code génétique est écrit sous sa forme la plus simple, sans ajout d'information. Lorsqu'ils sont importés, le type de molécule, les caractéristiques et le nom sont ajoutés à la séquence par le logiciel.

Exemple :

```
aggatagatagatagatatgatagatgatgatgatgatgatgatagtgtagttatga
```

6.4 FASTA

Ce format contient des résidus et une description et, lors de l'importation, l'utilisateur a la possibilité d'enregistrer la description en tant que qualificateur de note.

6.4.1 Fichier FASTA contenant une seule séquence

```
>AJ011880.1 Amorce SSR de séquence d'oligonucléotides artificiels  
(CAC13R)
```

```
CTCAACAATCTGAAGCATCG
```

Voir <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/3724029?report=fasta> (consulté le 22 mai 2017)

6.4.2 Fichier FASTA comportant plusieurs séquences (FASTA-Multi)

```
>SEQUENCE_1  
MTEITAAMVKELRESTGAGMMDCKNALSETNGDFDKAVQLLREKGLGKAAKKADRLAAEG  
LVSVKVSDDFTTIAAMRPSYLSYEDLDMTFVENEYKALVAELEKENEERRRLKDPNKPEHK  
IPQFASRKQLSDAILKEAEEKIKEELKAQGKPEKIWDNIIIPGKMNSFIADNSQLDSKLT  
MGQFYVMDDKKTVEQVIAEKEKEFFGGKIKIVEFICFEVGEGLKKTEDFAAEVAAQL  
>SEQUENCE_2  
SATVSEINSETDFVAKNDQFIALTKDTTAHIQSNSLQSVEELHSSTINGVKFEEYLSQI  
ATIGENLVVRRFATLKAGANGVVNGYIHTNGRVGVVIAACDSA EVASKSRDLLRQICMH
```

Voir [https://fr.wikipedia.org/wiki/FASTA_\(format_de_fichier\)](https://fr.wikipedia.org/wiki/FASTA_(format_de_fichier)) (consulté le 22 mai 2017)

[Fin du document]