

WIPO Sequence Version 2.3.0

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 2.3.0

MANUEL DE L'UTILISATEUR

1	<i>INTRODUCTION</i>	6
	APERÇU	6
	CONFIGURATION REQUISE	6
	Installation	7
	Windows.....	7
	Linux.....	7
	OSX.....	7
	Installation silencieuse	8
	Désinstallation	8
	Windows.....	8
	Linux.....	8
	OSX.....	8
	Processus de mise à jour automatique	9
2	<i>FONCTIONNALITES DU LOGICIEL</i>	10
3	<i>APERÇU DU LOGICIEL</i>	13
	PRINCIPAUX ELEMENTS DU LOGICIEL	13
	Vue	14
	Sections	14
	Zone grisée.....	14
	Tableaux.....	15
	Vues en panneau	16
	Panneau de modification.....	16

Sélecteur de date	17
Lecteur de PDF	17
Navigation au clavier	18
VUE PAGE D'ACCUEIL DES PROJETS	20
PAGE PROJETS	21
DÉTAILS DU PROJET	23
Informations générales.....	23
AIDE	24
PRÉFÉRENCES	25
4 FONCTIONNALITÉS DU LOGICIEL.....	26
PAGE D'ACCUEIL DES PROJETS.....	26
Créer un projet.....	26
Importer un projet	27
Importer un listage des séquences	30
Valider le listage des séquences.....	35
Supprimer un projet.....	38
PERSONNES ET ORGANISATIONS	39
Créer une personne ou une organisation.....	39
ORGANISMES PERSONNALISES	40
Créer un organisme personnalisé	40
Exporter les organismes personnalisés	41
Importer les organismes personnalisés.....	43
PREFERENCES DE SYSTEME.....	44
DETAILS DU PROJET	47
Imprimer un projet	47
Exporter un projet	48

Importer des informations d'un autre projet	49
Valider le projet.....	51
Générer un listage des séquences.....	54
Informations générales.....	55
Identification de demande	55
Identification de priorité	57
Déposant et inventeur	58
Titre de l'invention	59
Séquences.....	60
Créer une séquence.....	60
Importer une séquence	63
Insérer une séquence	67
Réordonner une séquence	69
Modifier en bloc.....	71
Modifier une séquence.....	75
Caractéristiques	77
Qualificateurs	85
RAPPORT DE VERIFICATION.....	89
QUALIFICATEURS DEPENDANTS DE LA LANGUE.....	91
Importer des qualificateurs de texte libre.....	92
Exporter des qualificateurs de texte libre.....	95
RAPPORT D'IMPORTATION	96
Tableau du rapport d'importation	97
Tableau des données modifiées	98
AFFICHER UN LISTAGE DES SEQUENCES.....	99
5 FORMATS DE FICHER	103

ST.25	103
MULTISEQUENCE.....	103
TEXTE BRUT	104
FASTA.....	104
FICHER FASTA CONTENANT UNE SEULE SÉQUENCE	104

1 INTRODUCTION

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 des fonctionnalités de ce logiciel se trouve dans la section 2 du document.

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

Installation

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.

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.

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.

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).

Désinstallation

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
```

Linux

La suppression du fichier Linux "ApplImage" 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
```

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
```


Processus de mise à jour automatique

Une fois WIPO Sequence lancé, le logiciel vérifie si des mises à jour sont disponibles; si tel est le cas, il demande à l'utilisateur de procéder à une mise à niveau pour obtenir la nouvelle version stable.

Il est recommandé de ne pas ignorer la mise à jour afin de s'assurer que la version utilisée est conforme à la dernière version de la norme ST26.

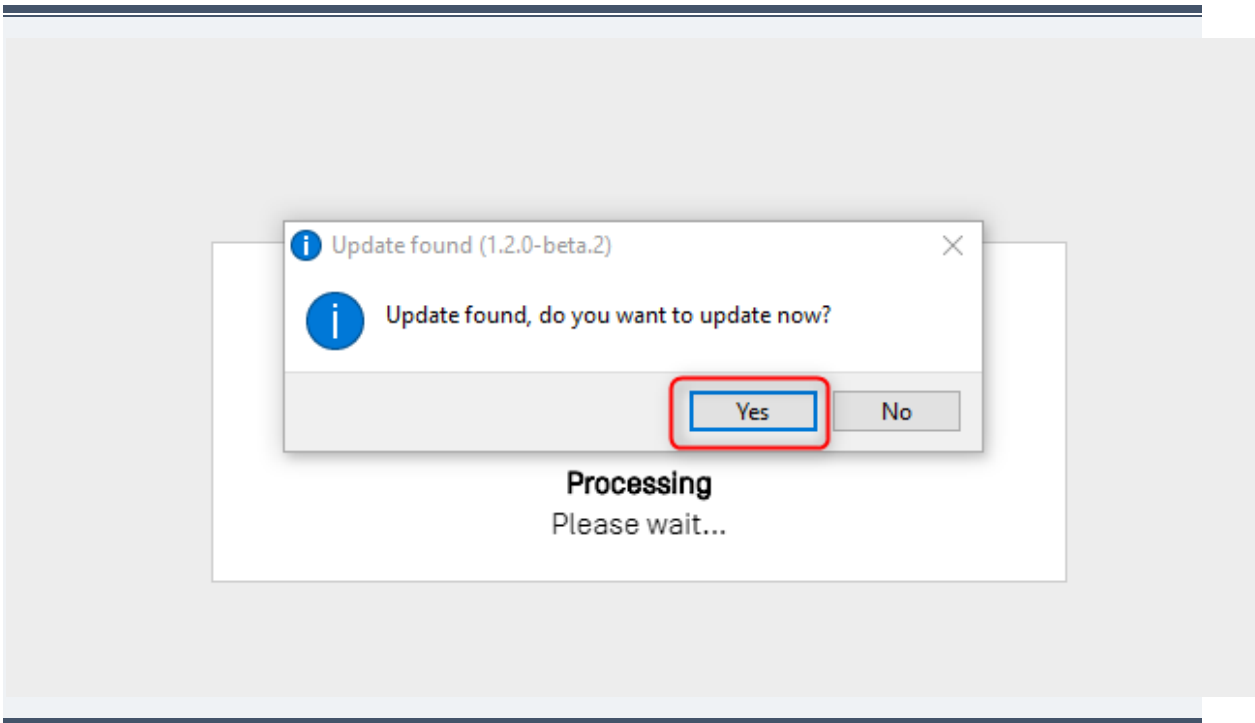


Figure 1: pop-up de mise à jour automatique

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.

L'utilisateur doit attendre patiemment le téléchargement et l'installation de la nouvelle version.

2 FONCTIONNALITES DU LOGICIEL

On trouvera dans la présente section l'ensemble des fonctionnalités disponibles dans la version actuelle du logiciel.

Catégorie	Fonctionnalité
Projets	Créer un projet pour stocker les données concernant un listage des séquences.
Projets	Générer un listage des séquences.
Projets	Modifier les attributs d'un projet.
Projets	Exporter des qualificateurs de texte libre à des fins de traduction au format XLIFF.
Projets	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 (à l'exception des métadonnées relatives au projet).
Projets	Afficher/exporter le listage des séquences généré dans un format déchiffrable par l'homme (.html et .txt).
Projets	Importer toutes les données stockées dans un fichier de projet (.zip) dans un projet nouvellement créé.
Projets	Importer des données d'un fichier de listage des séquences conforme à la norme ST.25 dans un projet venant d'être créé.
Projets	Importer des données d'un fichier de listage des séquences conforme à la norme ST.26 dans un projet venant d'être créé.
Projets	Importer des données à partir d'une séquence FASTA dans un projet existant.
Projets	Importer les données sur les séquences à partir d'un fichier au format multiséquence.
Projets	Importer dans le projet en cours (projet cible) les données d'un autre projet (projet source).
Projets	Imprimer les données du projet.
Projets	Imprimer les données du listage des séquences ST.26 généré.
Projets	Enregistrer des données modifiées par une importation dans un rapport indiquant les données originales et les nouvelles données modifiées.
Projets	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.
Projets	Vérifier les données stockées dans un projet et recenser les problèmes dans un rapport de vérification contenant des messages d'avertissement

	et d'erreur.
Projets	Supprimer un projet.
Informations générales	Ajouter un titre d'invention et le code de langue correspondant à un projet.
Informations générales	Ajouter une information relative à une demande (qu'il s'agisse de la demande en cours ou d'une demande antérieure) dans un projet.
Informations générales	Ajouter des informations concernant un déposant ou un inventeur à un projet.
Séquences	Ajouter une caractéristique source et ses qualificateurs obligatoires à une séquence.
Séquences	Ajouter des informations de caractéristiques à une séquence.
Séquences	Ajouter un qualificateur à une caractéristique.
Séquences	Créer une séquence dans un projet.
Séquences	Modifier en bloc plusieurs séquences ou y ajouter des caractéristiques.
Séquences	Omettre en bloc plusieurs séquences.
Séquences	Supprimer en bloc plusieurs séquences.
Séquences	Créer ou insérer une séquence à une autre position du listage.
Séquences	Importer une séquence dans un projet existant.
Séquences	Supprimer une séquence.
Séquences	Créer automatiquement un qualificateur traduction et éventuellement sa séquence d'acides aminés associée identifiée par <code>protein_id</code> pour une caractéristique CDS sélectionnée.
Séquences	Modifier les données d'un qualificateur.
Séquences	Modifier les données sur les séquences.
Séquences	Modifier les données sur les clés de caractérisation.
Séquences	Préciser les informations sur l'emplacement d'une caractéristique choisie.
Séquences	Vérifier que les résidus ne contiennent pas de symboles invalides.
Séquences	Donner à l'attribut molécule d'une séquence d'acides aminés l'une des valeurs prédéfinies.
Séquences	Traduire la séquence d'acides nucléiques selon le tableau de codes génétiques dont le numéro est indiqué (la valeur par défaut du Code génétique est de 1).
Séquences	Importer des paires de qualificateurs de texte libre source-cible au format XLIFF en vue de fournir des traductions dans un projet.
Séquences	Modifier en bloc l'annotation d'une séquence, notamment le qualificateur <code>mol_type</code> .

Séquences	Supprimer en bloc plusieurs séquences en utilisation une modification en bloc.
Séquences	Réordonner des séquences d'un listage des séquences.
Organismes personnalisés	Ajouter de nouveaux noms d'organisme à la liste des noms d'organisme stockée dans ce système
Organismes personnalisés	Exporter la liste des noms d'organismes personnalisés vers un fichier texte pour pouvoir ultérieurement importer celui-ci dans une instance différente de WIPO Sequence.
Organismes personnalisés	Importer une liste des noms d'organismes personnalisés dans un projet existant à partir d'un fichier XLIFF.
Personne et organisation	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.
Personne et organisation	Créer un nouveau nom de personne ou d'organisation.
Préférences de système	Ajuster certaines préférences du logiciel qui concernent tous les projets générés par cette instance.

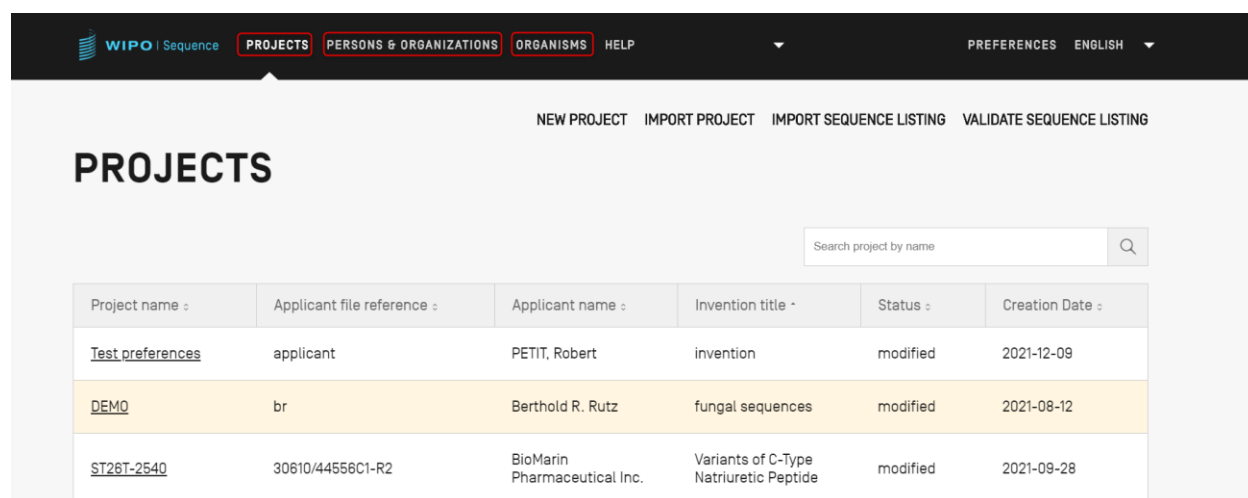
3 APERÇU DU LOGICIEL

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.

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

- Page principale
 - Vue de la page d'accueil des 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 qualificatifs dépendants de la langue
 - Vue du rapport d'importation
 - Vue sur l'affichage du listage des séquences



Project name	Applicant file reference	Applicant name	Invention title	Status	Creation Date
Test preferences	applicant	PETIT, Robert	invention	modified	2021-12-09
DEMO	br	Berthold R. Rutz	fungal sequences	modified	2021-08-12
ST26T-2540	30610/44556C1-R2	BioMarin Pharmaceutical Inc.	Variants of C-Type Natriuretic Peptide	modified	2021-09-28

Figure 2: Vue de la page d'accueil des projets

Vue

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

Sections

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

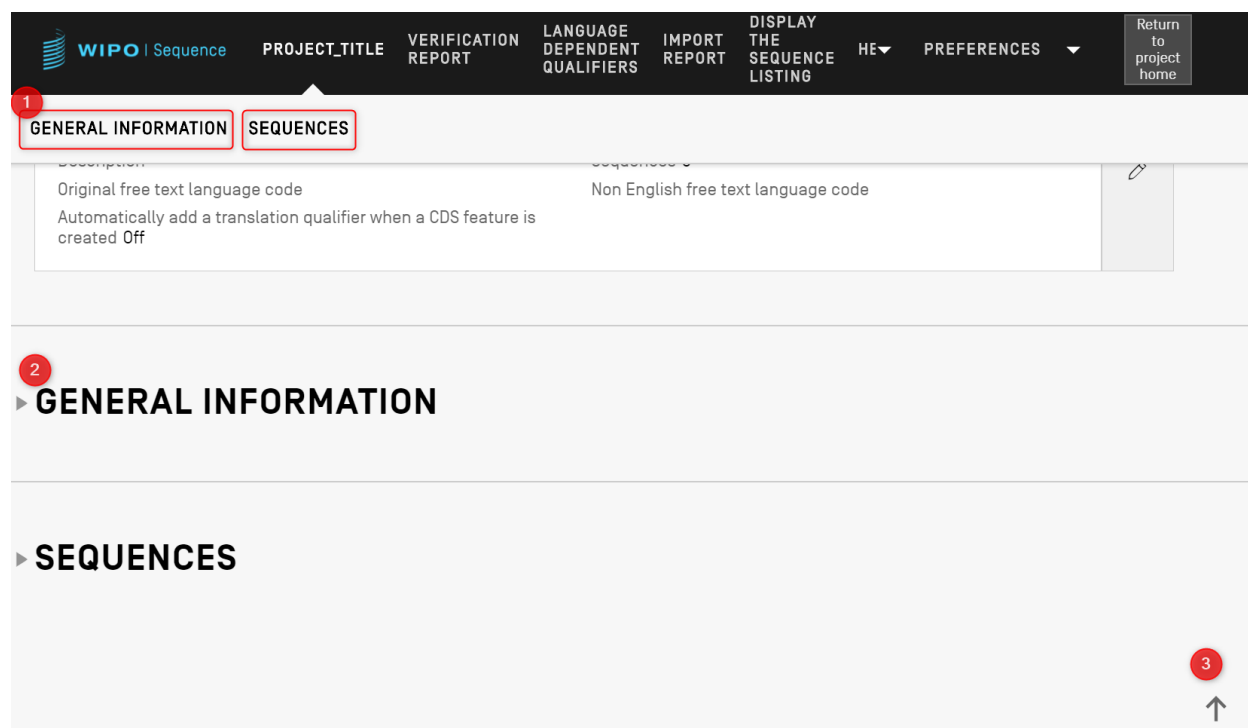


Figure 3 : Vue détaillée du projet

Dans la vue détaillée d'un projet, qui est illustrée dans la Figure 3, 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).

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 4.

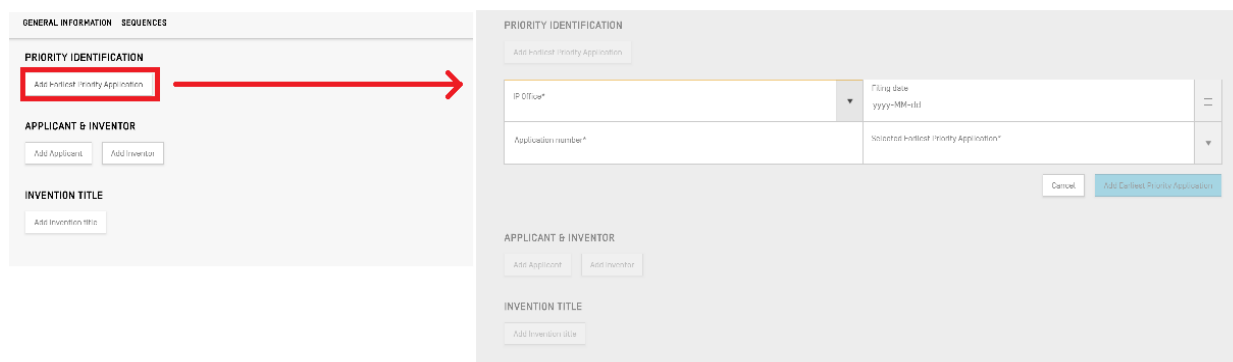


Figure 4 : Zone grisée

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

Tableaux

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

Figure 5 : Exemple de tableau

On trouvera un exemple de tableau dans la Figure 5.

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

Figure 6 : Modifier 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.

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 AI - Anguilla	1
Applicant file reference 4342	Application number 32424 Filing date 2022-01-03	

Figure 7 : Exemple de vue en panneau

Comme le montre la Figure 7, lorsqu'on clique sur le bouton représentant un crayon (1) dans la vue en panneau, celle-ci est remplacée par un panneau de modification.

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 8).

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

Cancel Save

Figure 8 : Modifier un panneau

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 9.

Year: 2019, Month: Feb

Calendar grid showing dates from 27 to 02.

Filing date: 2019-02-22

Figure 9 : 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).

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 10.

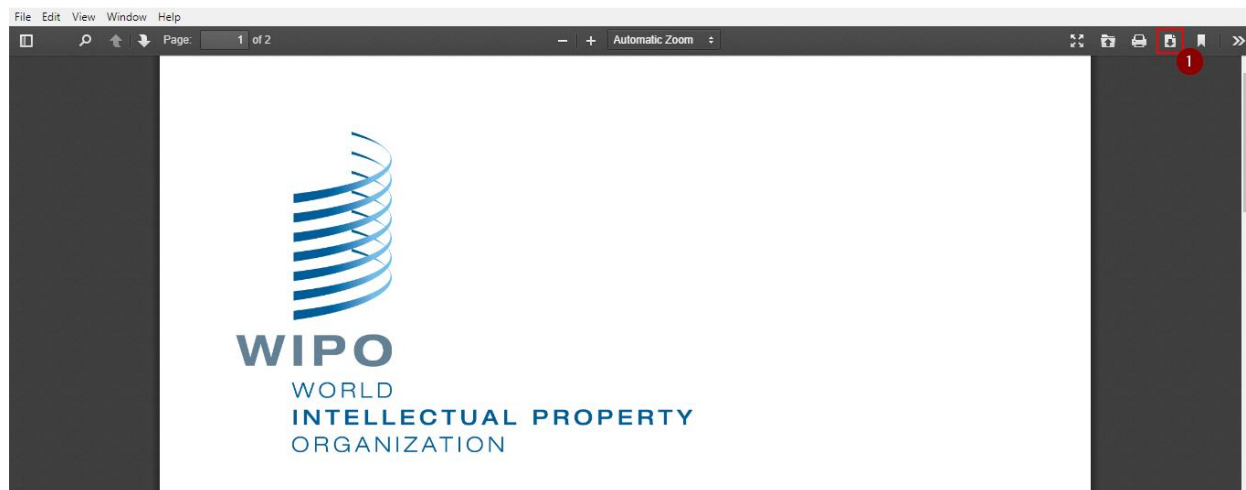


Figure 10 : Lecteur de PDF

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 une case à cocher et des boutons radio.

Lors de la navigation, lorsqu'il est sélectionné, le bouton "Edit" (modifier) est mis en évidence (voir la Figure 11).

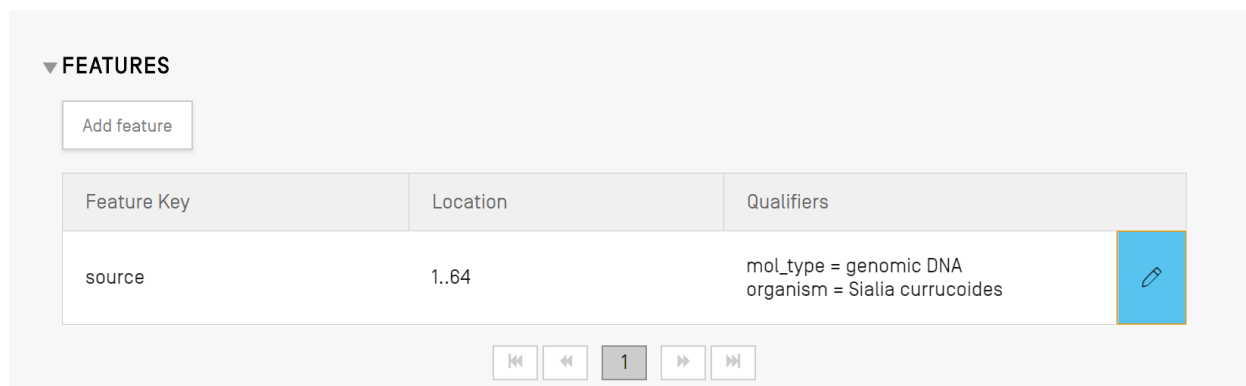
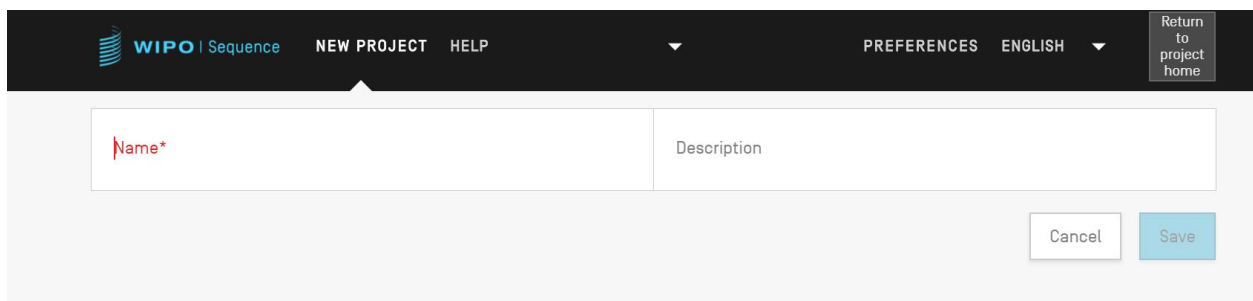


Figure 11 : Focus sur le bouton de fonction Editer

On peut également placer le curseur et se concentrer sur le champ de saisie situé en haut à gauche.

Lors de la création d'un nouveau projet, par exemple, il n'y a qu'un seul champ obligatoire : Nom. Le curseur et l'attention sont placés sur le champ Nom du projet comme illustré Figure 12 ci-dessous :



The screenshot shows a dark navigation bar at the top with the WIPO logo and 'Sequence' text on the left, and 'NEW PROJECT', 'HELP', 'PREFERENCES', and 'ENGLISH' on the right. A 'Return to project home' button is in the top right corner. Below the navigation bar is a form with two input fields: 'Name*' (with a red asterisk and a red cursor) and 'Description'. At the bottom right of the form are 'Cancel' and 'Save' buttons.

Figure 12 : Focalisation du curseur sur le champ obligatoire

VUE PAGE D'ACCUEIL DES PROJETS

La vue de la page d'accueil des projets comporte trois vues principales :

La vue **Projet** (voir la Figure 13), la vue **Personnes et organisations** (voir la Figure 14) et la vue **Organismes** (voir la Figure 15). Il y a aussi les **Préférences** (voir la Figure 19) qui s'applique à tous les projets à l'extrémité droite du bandeau supérieur.

Project name :	Applicant file reference :	Applicant name :	Invention title :	Status :	Creation Date :
cds_feature	15123-WO-PCT[2]	Novozymes A/S	Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same	modified	2021-09-07
160K_500_SEQ	A400: 66076	University of Tokyo	COPOLYMER INCLUDING UNCHARGED HYDROPHILIC BLOCK AND CATIONIC POLYAMINO ACID BLOCK HAVING HYDROPHOBIC GROUP IN PART OF SIDE CHAINS, AND USE THEREOF	modified	2021-09-07
160K_100_SEQS	A400: 66076	University of Tokyo	aaaaaaaa	modified	2021-09-06
cds_feature	15123-WO-PCT[2]	Novozymes A/S	Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same	invalid	2021-09-02
cdsFeatures	15123-WO-PCT[2]	Novozymes A/S	Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same	modified	2021-09-01

Figure 13 : Vue de la page d'accueil des projets

Name :	Language Code :	Name Latin :	Residence Address :	Correspondence Address :
Джо, Смит				
Джейн, Эйр				
Влад	ru - Russian	test name		

Figure 14 : Vue des personnes et des organisations

Name :	Description
test_organism	
Demo Organism	
B	bbb
A	aaa

Figure 15 : Vue des organismes

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 16 :

1. La vue détaillée du projet (1) (dont l'intitulé est le nom du projet, dans le cas présent "Project") : vue principale qui contient toutes les données du projet.
2. La vue "Verification Report" (2) : endroit où il est possible d'accéder au rapport de vérification.
3. La vue "Language dependent Qualifiers" (Qualificateurs dépendants de la langue) (3) : endroit où il est possible d'accéder aux qualificateurs de texte libre dépendants de la langue et de les importer ou les exporter.
4. La vue "Import Report" (Rapport d'importation) (4) : endroit où il est possible d'accéder au rapport d'importation.
5. La vue "Display Sequence Listing" (Afficher le listage des séquences) (5) : endroit où il est possible d'accéder aux formats déchiffrables par l'homme des listages des séquences générés conformes à la norme ST26.
6. Menu Aide : comprend des renvois au Manuel de l'utilisateur, à la norme ST.26 de l'OMPI et à la base de connaissances de WIPO Sequence et de la norme ST.26 (6).
7. La vue "Preferences" (Préférences) (7).



Figure 16 : Barre d'outils Détails du projet

Pour revenir à la page d'accueil des projets, 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/de la barre d'outils.

DÉTAILS DU PROJET

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 17.

Ce tableau indique :

- le nom du projet;
- la date et l'heure de création du projet;
- la date et l'heure des dernières mises à jour apportées au projet;
- le statut du projet (plusieurs valeurs possibles : "new" (nouveau)/"modified" (modifié)/"generated" (généré)/"invalid" (invalide)/ "valid" (valide)/ "warnings" (avertissements) – il convient de noter que ce champ n'est pas modifiable;
- la description du projet – facultative;
- le nom du fichier importé (si le projet a été importé);
- le code langue du texte libre original pour les qualificateurs de texte libre;
- le nombre de séquences (intitulé "Sequences");
- une case à cocher pour demander l'ajout automatique d'un qualificateur de traduction en cas de création d'une caractéristique CDS (une fonction au niveau du projet);
- le code langue pour texte libre autre que l'anglais.

WIPO Sequence ST26T-2136 VERIFICATION REPORT LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS IMPORT REPORT DISPLAY THE SEQUENCE LISTING HELP PREFERENCES ENGLISH Return to project home

GENERAL INFORMATION SEQUENCES

ST26T-2136

Print Export Import Another Project Validate Generate Sequence Listing

Project Name	ST26T-2136	Creation date	2023-04-06 10:45
Last modified	2023-04-06 16:39	Status	generated
Description		File Name	ST26T-2136_3
Original free text language code		Sequences	11
Automatically add a translation qualifier when a CDS feature is created	Off	Non English free text language code	

Figure 17 : Section Informations générales

AIDE

Le logiciel permet à l'utilisateur de visualiser les options d'aide disponibles pour obtenir une assistance concernant son utilisation (voir Figure 18).

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

- fournissent un lien vers le Manuel de l'utilisateur¹;
- fournissent un lien vers La Base de connaissances de la norme ST.26 de l'OMPI²;
- fournissent un lien vers le formulaire permettant de contacter l'équipe d'appui à WIPO Sequence;
- fournissent un lien vers la norme ST.26 de l'OMPI³;
- fournissent des informations générales sur l'outil bureautique WIPO Sequence.

¹ Au moment de la publication, il s'agit de la version anglaise du Manuel de l'utilisateur mise à disposition hors ligne ou dans les 9 autres langues du PCT en ligne.

² Au moment de la publication, ce lien renvoie à la Base de connaissances de WIPO Sequence et de la norme ST.26 de l'OMPI.

³ Au moment de la publication, ce lien renvoie à la dernière version anglaise, espagnole ou française en ligne de la norme.

Note :

la dernière version de WIPO Sequence est accompagnée du manuel de l'utilisateur et de la norme ST.26 de l'OMPI en anglais uniquement. Lorsqu'un utilisateur sélectionne une autre langue pour l'interface utilisateur graphique, il devra être connecté à l'Internet pour pouvoir accéder aux autres versions linguistiques de la norme et du manuel d'utilisation. Toutefois, le lien fourni sera celui de la version linguistique correspondant à sa sélection.

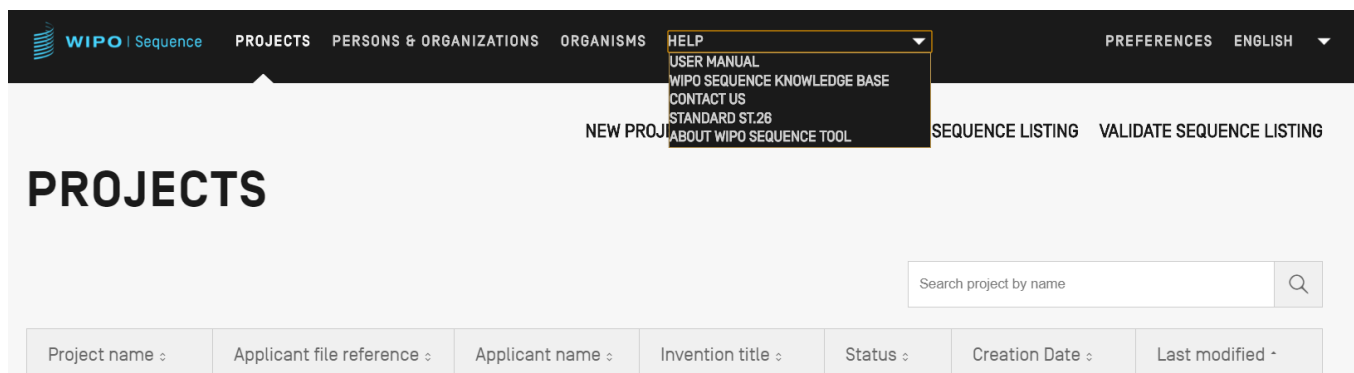


Figure 18 : Menu Aide déroulant

PRÉFÉRENCES

La dernière vue permet à l'utilisateur de définir des propriétés particulières qui s'appliquent à tous les projets (voir la Figure 19). Des détails spécifiques sur chacun de ces paramètres peuvent être trouvés ci-dessous dans la section "Fonctionnalités du logiciel".

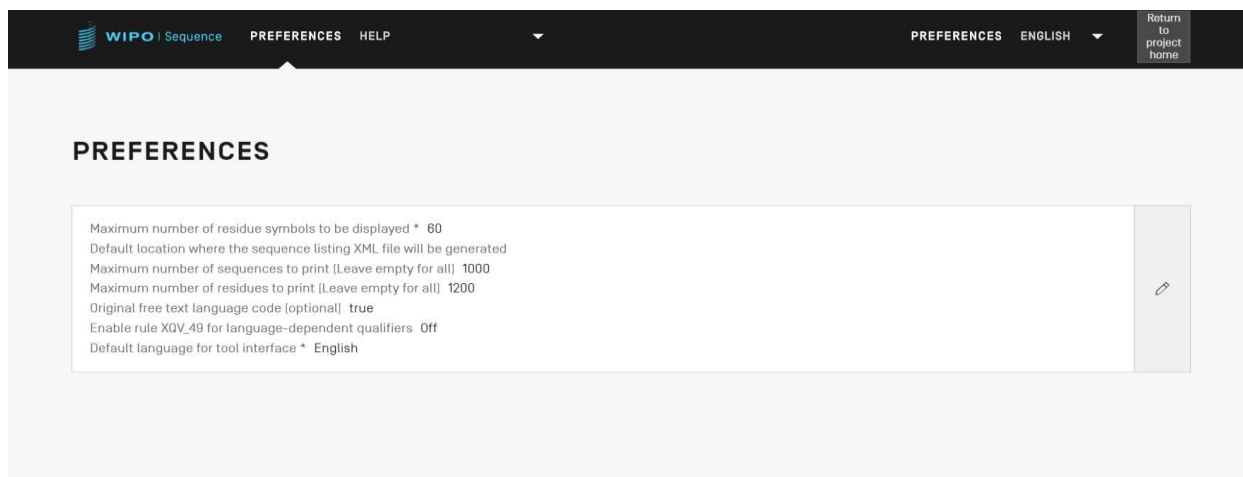


Figure 19 : Vue des préférences

4 FONCTIONNALITÉS DU LOGICIEL

PAGE D'ACCUEIL DES PROJETS

On trouvera dans la présente section une description détaillée des différentes fonctionnalités disponibles dans la vue Page d'accueil des 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.

Dans cette vue, la liste des projets créés s'affiche, ce qui permet à l'utilisateur de trier ou d'utiliser la fonction de recherche pour filtrer par nom de projet, référence du dossier du déposant, nom du déposant, titre de l'invention, statut ou date de création.

Note :

le logiciel affiche un maximum de 1000 projets. Si un projet n'est pas affiché dans la vue Page d'accueil des projets, l'utilisateur doit utiliser la fonction de recherche pour identifier le projet par son nom, car il est toujours stocké localement, mais n'est pas visible dans cette vue.

Créer un projet

Pour créer un nouveau projet, l'utilisateur doit partir de la vue initiale Page d'accueil des projets (voir Figure 20).

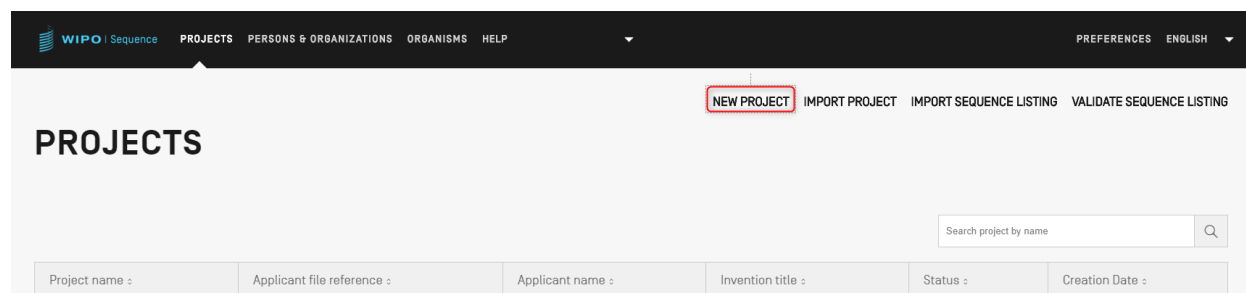
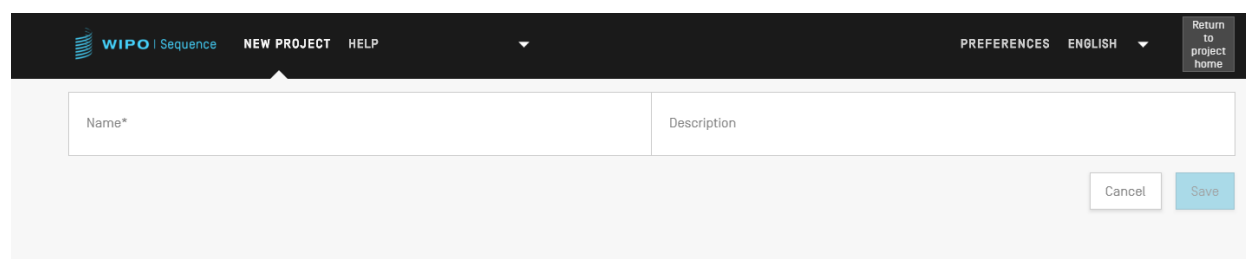


Figure 20 : Créer un nouveau projet Première étape

- 1) Cliquer sur le lien “NEW PROJECT” (NOUVEAU PROJET) en haut de la vue illustrée dans la Figure 20. Dans la vue suivante, le logiciel va demander un nom (obligatoire) et une description (facultative).



WIPO | Sequence NEW PROJECT HELP

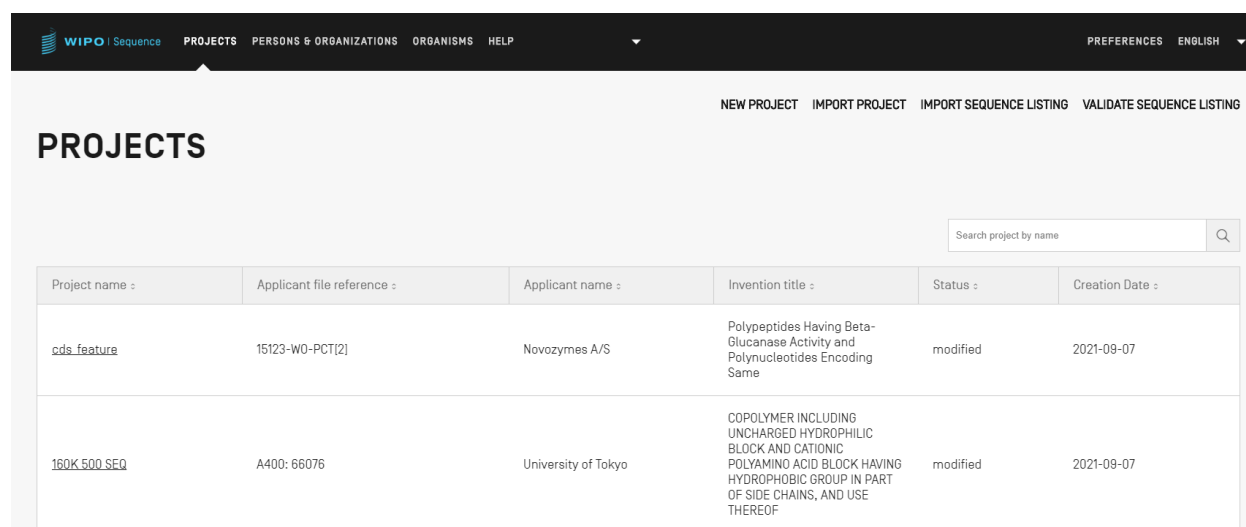
PREFERENCES ENGLISH Return to project home

Name* Description

Cancel Save

Figure 21 : Créer un nouveau projet Seconde étape

- 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 dans la vue Page d'accueil des projets est illustrée dans la Figure 21.



WIPO | Sequence PROJECTS PERSONS & ORGANIZATIONS ORGANISMS HELP

PREFERENCES ENGLISH

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 :
ods_feature	15123-W0-PCT[2]	Novozymes A/S	Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same	modified	2021-09-07
160K.500_SEQ	A400:66076	University of Tokyo	COPOLYMER INCLUDING UNCHARGED HYDROPHILIC BLOCK AND CATIONIC POLYAMINO ACID BLOCK HAVING HYDROPHOBIC GROUP IN PART OF SIDE CHAINS, AND USE THEREOF	modified	2021-09-07

Figure 22 : Nouveau projet indiqué en résumé

Importer un projet

Cette fonctionnalité permet d'importer dans le logiciel un projet précédemment exporté comme le montre la Figure 51. Pour importer un fichier de projet, l'utilisateur doit commencer par afficher la vue Page d'accueil des projets comme le montre la Figure 23.

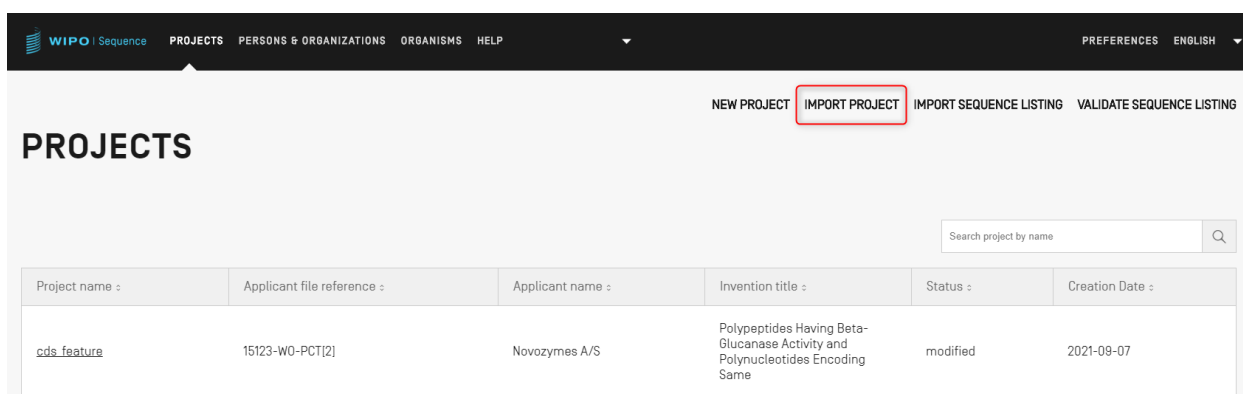


Figure 23 : Importer un projet Première étape

- 1) Cliquer sur le lien “IMPORT PROJECT” (IMPORTER UN PROJET) en haut de la vue comme le montre la Figure 23.

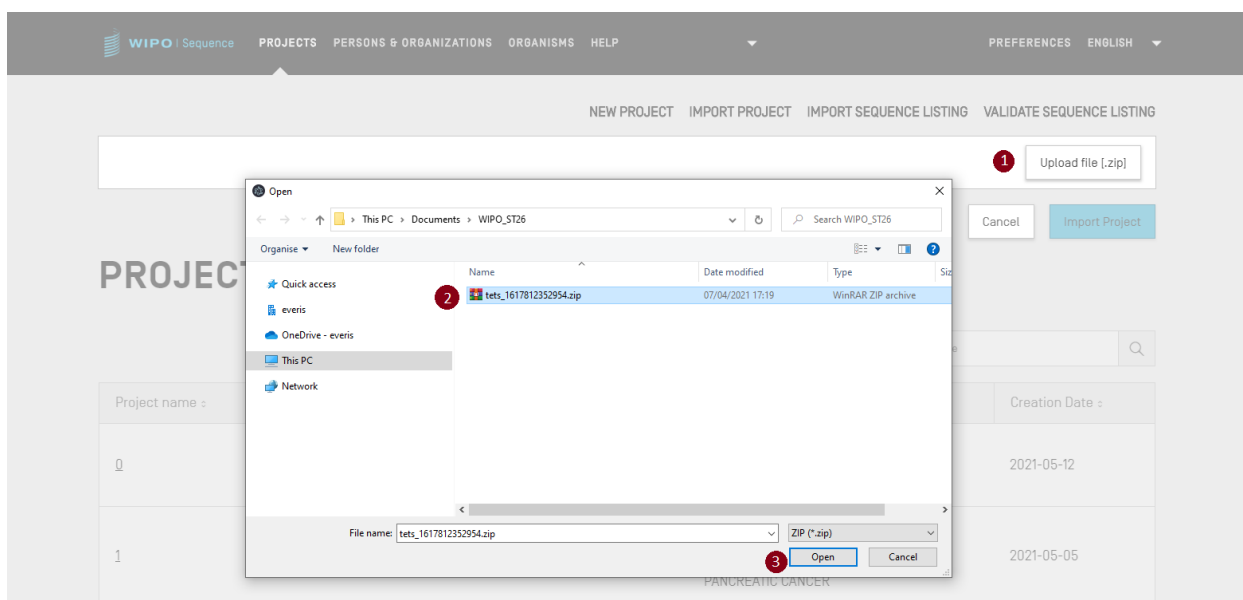


Figure 24 : Importer un projet boîte de dialogue

- 2) Dans la zone grisée illustrée dans la Figure 24, cliquer sur le bouton “Upload file [. zip]” (Télécharger un fichier [. zip]) (1).
- 3) Dans la boîte de dialogue qui s’ouvre, illustrée dans la Figure 24, sélectionner le fichier de projet à importer (2 et 3).

st26t-2576 (1).xml_1640106895750.zip

Upload file [.zip]

1 Enter the sequences to be imported

Sequence Number [ID]	Position
1	
2	

Select Range of Sequence IDs.

1-2

Use commas to separate individual sequences (for example: "2,5,8"); use a dash to indicate a range of sequences (for example: "2-8").

Cancel Import Project

Figure 25 : Importer un projet Choisir une fourchette de 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 25. 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"

Par défaut, le nombre total de séquences du projet importé s'affichera sous forme de fourchette, c'est-à-dire : 1- nombre total de séquences.

- 5) L'étape finale consiste à cliquer sur le bouton bleu intitulé "Import Project" (Importer le projet) (3), comme le montre la Figure 25.

Si l'importation du projet réussit, le bandeau bleu et le message illustrés ci-dessous apparaissent en haut de la vue comme le montre la Figure 26.

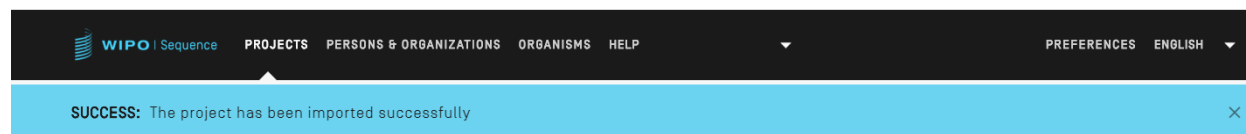


Figure 26 : Projet importé avec succès, bandeau bleu.

Problème connu : WIPO Sequence peut générer un grand nombre d'erreurs inattendues lors de l'importation du projet, mais la cause de ces erreurs n'est pas très claire. Cela se produit essentiellement lorsque l'outil se bloque. Si vous rencontrez des problèmes, veuillez recommencer la procédure d'importation.

Importer un listage des séquences

À partir de la vue Page d'accueil des 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 27.

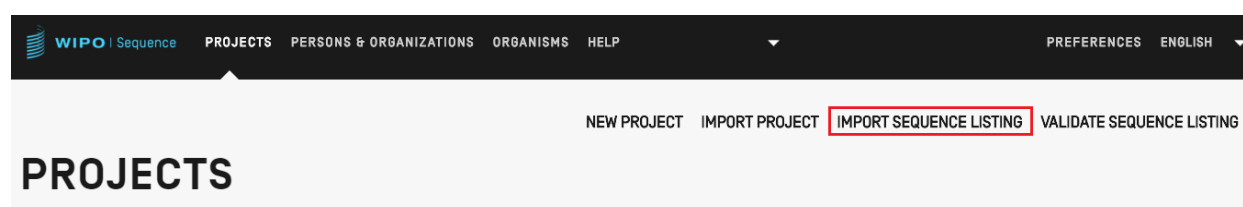


Figure 27 : Importer un listage des séquences Première étape

- 2) Dans la zone grisée qui s'ouvre, comme le montre la Figure 28, 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).

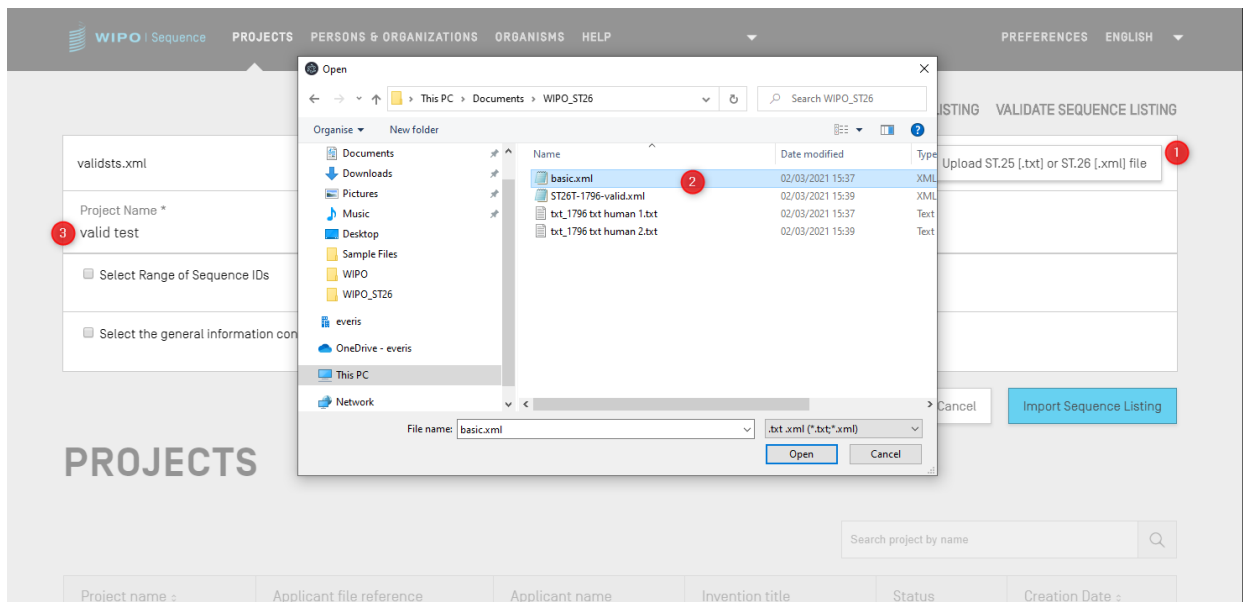


Figure 28 : Importer un listing des séquences, boîte de dialogue

Deux cases à cocher principales, qui sont illustrées dans la Figure 29, 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).

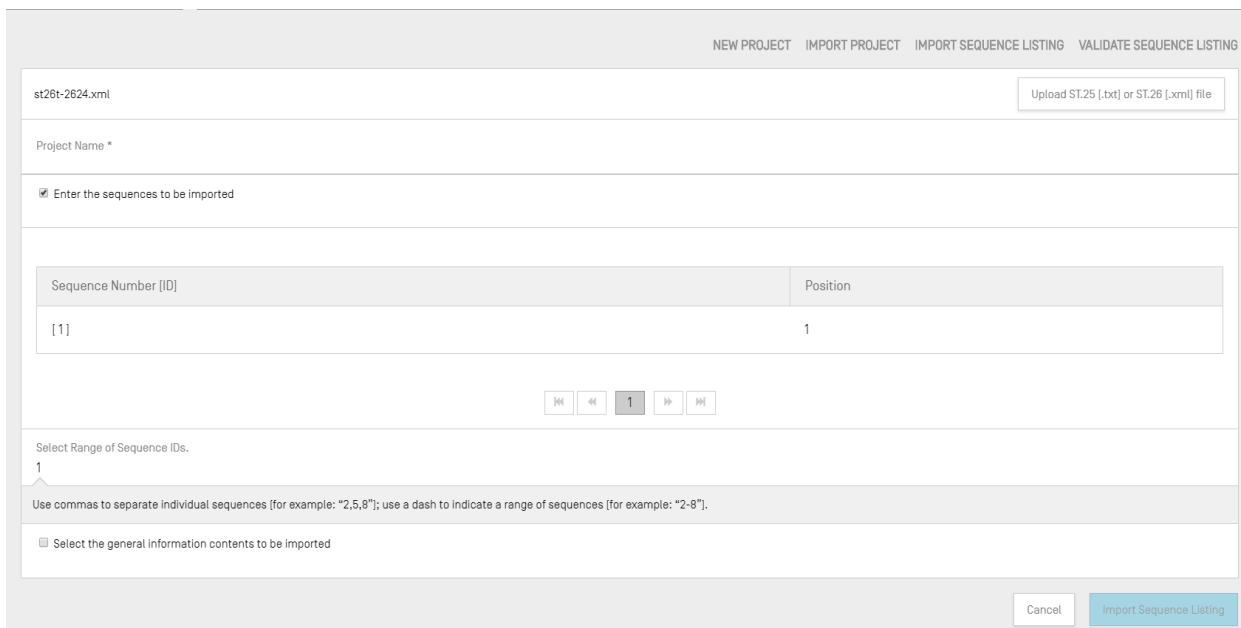


Figure 29 : Importer un listing des séquences, choisir la fourchette de séquences

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"

Par défaut, le nombre total de séquences du projet importé s'affichera sous forme de fourchette.

Le tableau illustré dans la Figure 30 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 30 : Importer un listage des séquences choisir les informations générales

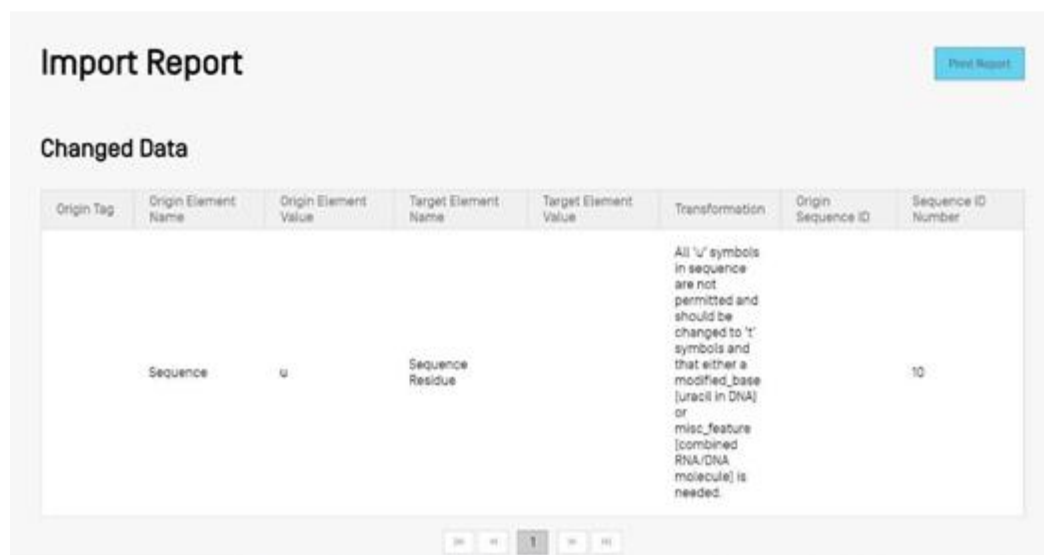
Le fait de cocher la seconde case permet d'afficher une liste de cases à cocher supplémentaires, grâce auxquelles l'utilisateur peut choisir une par une les propriétés à importer ou à ignorer, comme le montre la Figure 30.

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 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.

Note : pour importer un listage des séquences, les fonctionnalités et les qualificatifs sont sensibles à la casse et doivent être conformes aux valeurs indiquées à l'annexe I de la norme ST.26 de l'OMPI.

Il importe également de noter que les listages des séquences conformes à la norme ST.25 de l'OMPI importés doivent être valides, faute de quoi la fonctionnalité du logiciel WIPO Sequence ne peut être garantie.



Origin Tag	Origin Element Name	Origin Element Value	Target Element Name	Target Element Value	Transformation	Origin Sequence ID	Sequence ID Number
	Sequence	u	Sequence Residue		All 'u' symbols in sequence are not permitted and should be changed to 't' symbols and that either a modified_base [uracil in DNA] or misc_feature [combined RNA/DNA molecule] is needed.		10

Figure 31 : Importer un listage 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 31 et un exemple de rapport d'importation dans la **Error! Reference source not found.**

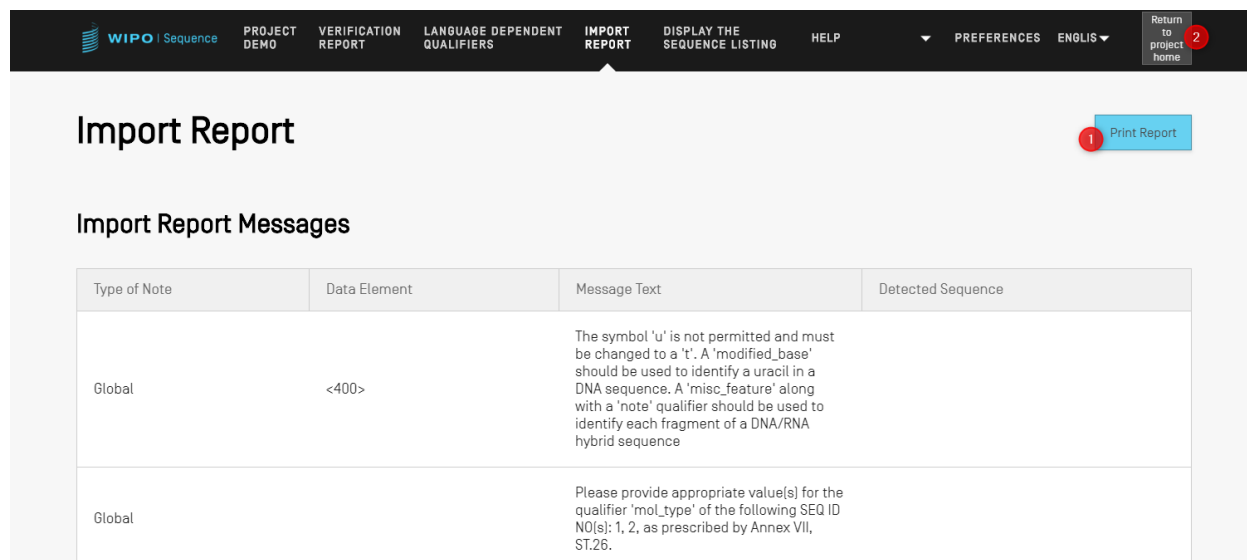


Figure 32 : Importer un listage des séquences, rapport d'importation

À ce stade, l'utilisateur peut revenir à la vue Page d'accueil des projets (2) ou imprimer un rapport sur ces modifications au format PDF (1) (voir Figure 32).

On trouvera les instructions concernant le téléchargement du fichier PDF dans la Figure 10.

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 33).

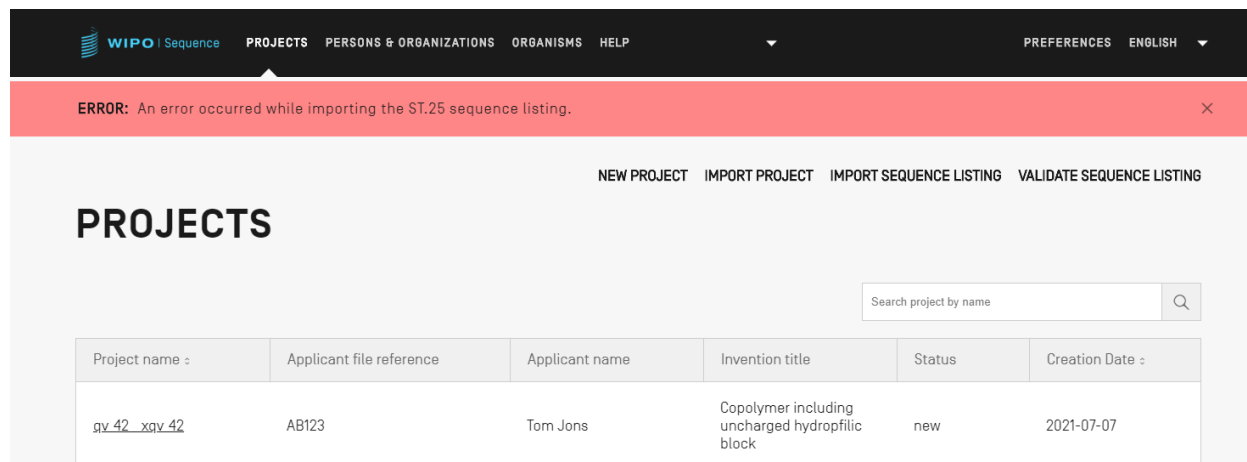


Figure 33 : Importer le listage des séquences conforme à la norme ST.25, bandeau rouge

En outre, le logiciel fonctionne mieux lorsque l'on respecte le seuil limite de 100 000 séquences. Lorsqu'il se trouve en présence de listages des séquences volumineux, l'utilisateur peut utiliser la

solution suivante : décomposer le processus d'importation en une série d'étapes, en choisissant une fourchette précise de séquences à importer, puis en important ces séquences dans un projet fourchette par fourchette. (Par exemple, un listage des séquences d'environ 100 000 séquences peut être divisé en une série de 10 x 10 000 séquences et ces séries peuvent ensuite être importées une par une. Les 10 000 premières séquences seront utilisées lors de la création du projet).

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 **Error! Reference source not found.**

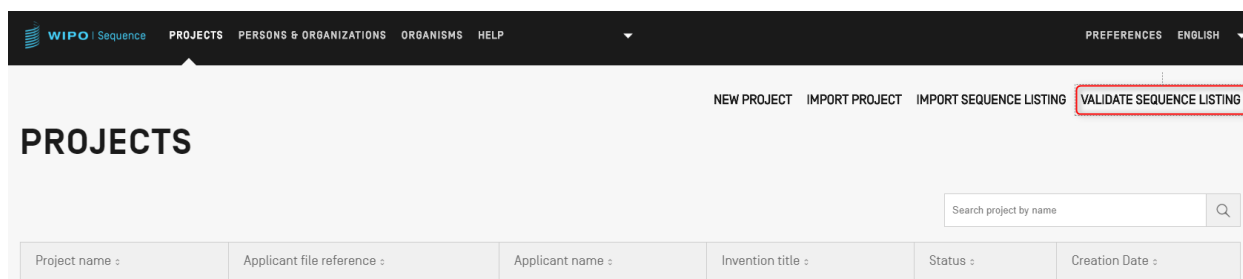


Figure 34: Valider le listage des séquences

Il peut ensuite cliquer sur le bouton "Upload file ST.26 [.xml]" (Télécharger un fichier ST.26 [.xml]) (1), comme le montre la Figure 34, 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) (3).

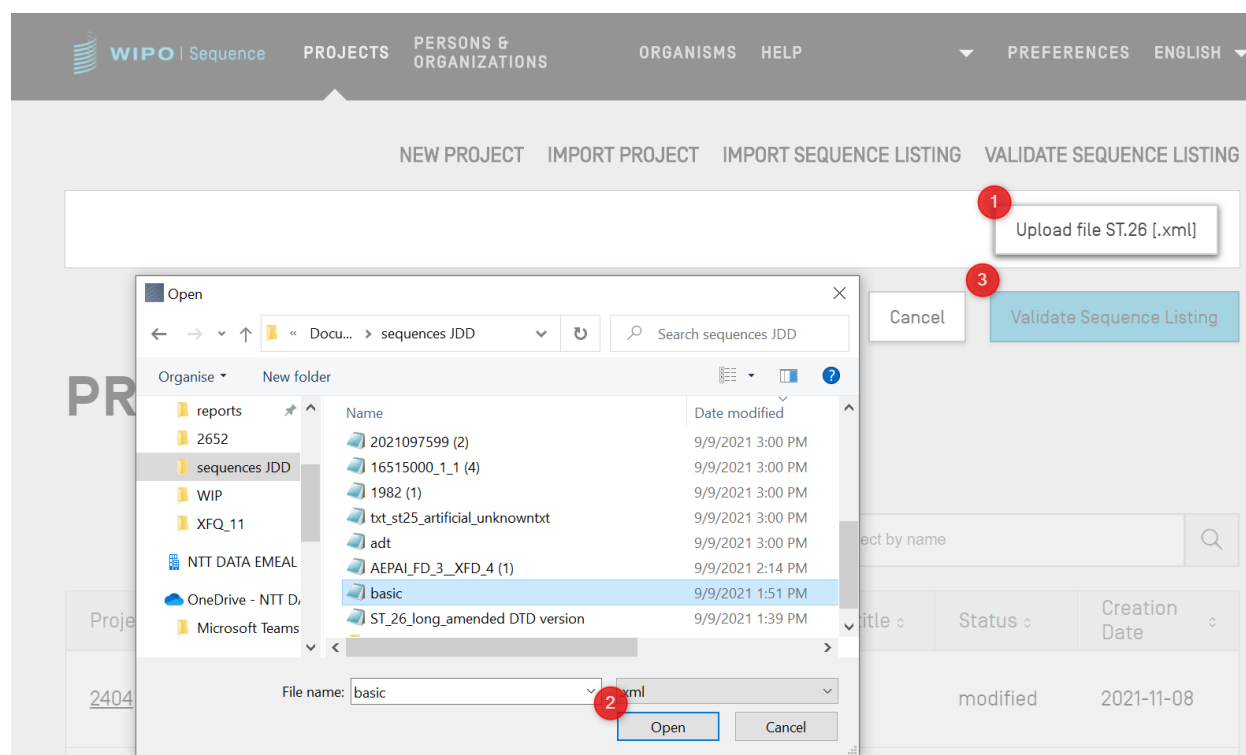


Figure 35: Valider un listing des séquences, boîte de dialogue

Si le listing des séquences est validé, un bandeau s'affiche, comme le montre la Figure 36:

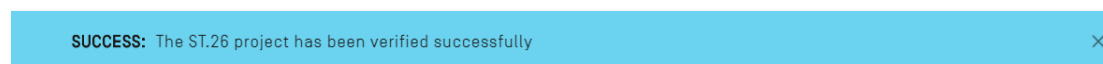


Figure 36: Bandeau indiquant que le listing a été validé avec succès

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 37.

Verification report

Verification Report Information

Production Date	2022-02-12
1 Verification report (XML)	C:\Users\aterrass\AppData\Roaming\ST26_authoring\QT05.xml
2 Verification report (HTML)	C:\Users\aterrass\AppData\Roaming\ST26_authoring\QT05.html

Verification Messages

Severity	Data Element	Message Text	Detected Value	Detected Sequence
ERROR	Qualifier Value	The mandatory qualifier value for qualifier 'note' is missing.		1
WARN	Qualifier Value	The English language value for qualifier 'note' is missing. Certain IP Offices require English language qualifier values.		1
ERROR	Qualifier Value	The mandatory qualifier value for qualifier 'note' is missing.		1
WARN	Qualifier Value	The English language value for qualifier 'note' is missing. Certain IP Offices require English language qualifier values.		1
ERROR	Qualifier Value	The element includes non-permitted characters: м,о,л,е,к,у,а. Only printable characters (including the space character) from the Unicode Basic Latin code table (except the reserved characters) are permitted.	молекула	1
ERROR	Feature Key	The feature key SOURCE is not valid for amino acid sequences. Feature keys for amino acid sequences must be selected from WIPO ST.26 Annex I, Section 7.	SOURCE	2
ERROR	Feature Qualifiers	Mandatory qualifier mol_type is missing.	MOL_TYPE.ORGANISM	2
ERROR	Feature Qualifiers	Mandatory qualifier organism is missing.	MOL_TYPE.ORGANISM	2
ERROR	Qualifier Name	The qualifier name MOL_TYPE is not valid for this SOURCE feature.	MOL_TYPE	2
ERROR	Qualifier ID	This qualifier contains an id attribute. The qualifier id attribute is permitted only for a qualifier with a language-dependent free text value.	q ⁵	2
ERROR	Qualifier Name	The qualifier name ORGANISM is not valid for this SOURCE feature.	ORGANISM	2
ERROR	Non English Qualifier Value	Non-English qualifier free text is permitted only for a qualifier that allows language-dependent free text.	Человек	2

Figure 37 : Valider un listage des séquences, rapport de vérification

L'emplacement du fichier HTML s'affiche à côté du rapport de vérification XML (1) et (2), au cas où l'utilisateur souhaiterait copier les fichiers dans un autre emplacement (voir Figure 37).

Note : L'utilisateur doit autoriser l'exécution d'un script interne sur sa machine pour que le format s'affiche correctement : contrôle ActiveX sur le navigateur Internet Explorer. Explorer doit être lancé pour : "Autoriser les contenus bloqués" (Allow blocked content) pour un chargement correct du format. Dans le cas contraire, les séquences ne s'afficheront pas dans le format standard et seront moins lisibles.

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 :

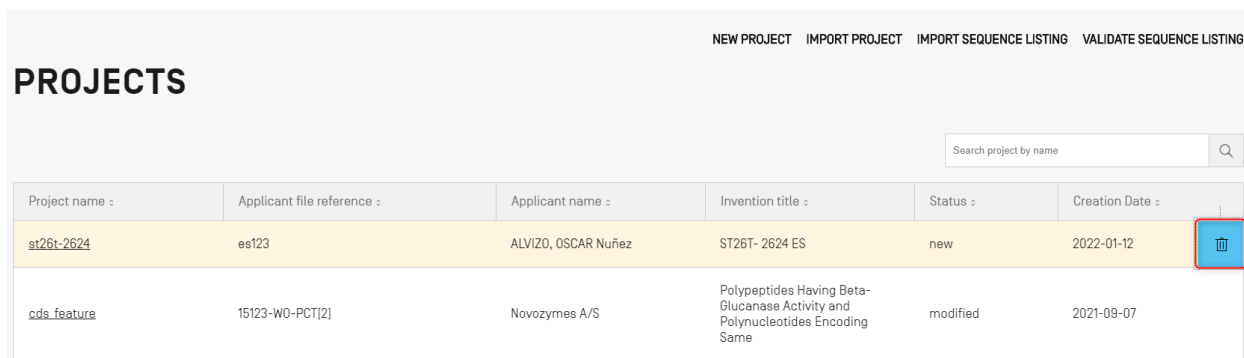
```
<!DOCTYPE ST26SequenceListing PUBLIC "-//WIPO//DTD Sequence Listing 1.3//EN" "ST26SequenceListing_V1_3.dtd">
```

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

Le fichier doit être conforme au fichier DTD intitulé ST26SequenceListing_V1_3.dtd⁴.

Supprimer un projet

Pour supprimer un projet, l'utilisateur doit commencer dans la Vue (Page d'accueil) des projets, comme le montre la Figure 38.



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 :	
st26t-2624	es123	ALVIZO, OSCAR Nuñez	ST26T- 2624 ES	new	2022-01-12	
cds_feature	15123-W0-PCT[Z]	Novozymes A/S	Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same	modified	2021-09-07	

Figure 38 : Supprimer un projet, Vue page d'accueil des Projets

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

4

Il s'agit de la version du DTD en vigueur au moment de la publication du présent document.

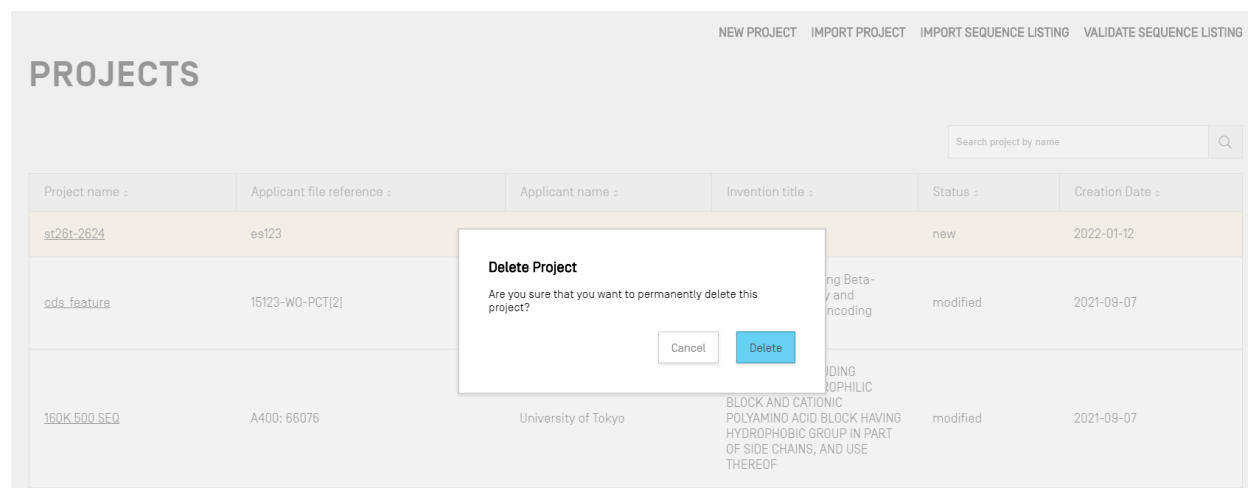


Figure 39 : Supprimer un projet, dialogue de confirmation

Dans la boîte de dialogue qui apparaît, comme le montre la Figure 39, il doit cliquer sur le bouton “Delete” (Supprimer) pour confirmer la suppression du projet choisi.

PERSONNES ET ORGANISATIONS

On trouvera dans la présente section une description détaillée des fonctionnalités disponibles dans la vue personnes et organisations.

Créer une personne ou une organisation

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

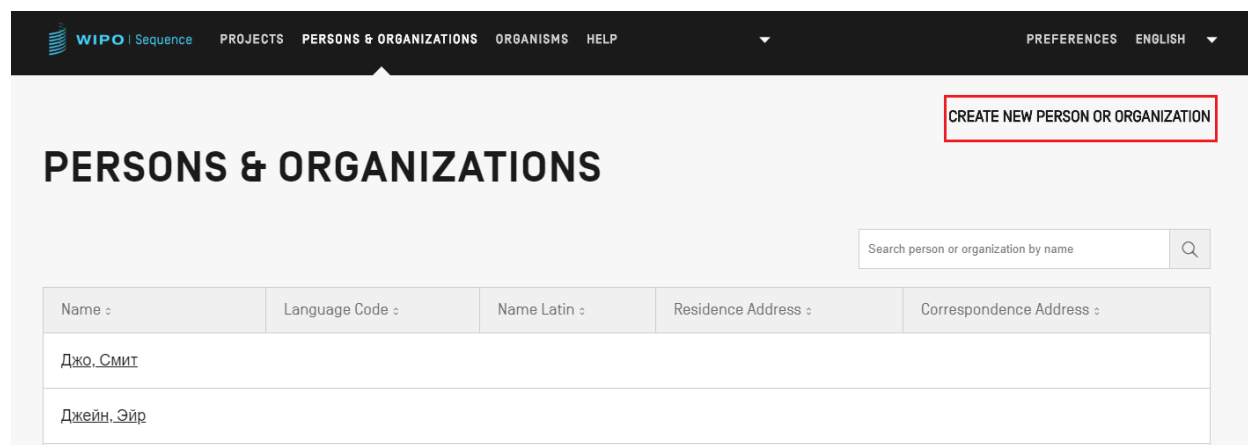


Figure 40 : Créer une nouvelle personne ou organisation Première étape

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 40.

Figure 41 : Créer une nouvelle personne ou organisation Seconde étape

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. Pour le déposant/l'inventeur, il s'agit du nom (s'il est indiqué en caractères latins) et de la langue uniquement.

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 valider ou générer le listage des séquences ST.26.

ORGANISMES PERSONNALISES

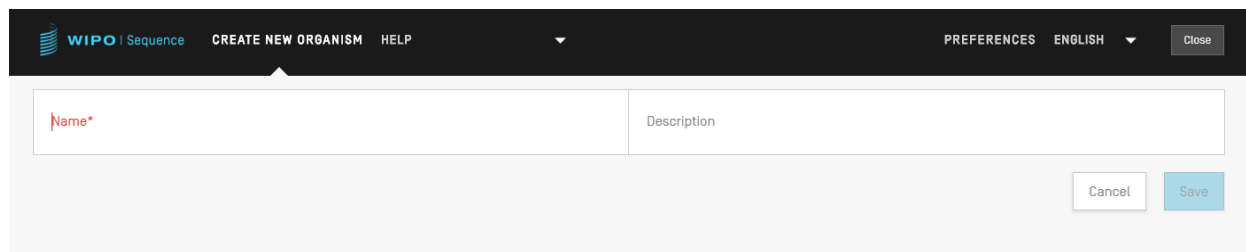
Pour créer, modifier, importer, exporter ou supprimer des organismes personnalisés, l'utilisateur doit commencer par se placer dans la vue “Organisms” (Organismes). On trouvera de plus amples détails sur la manière de créer, d'exporter ou d'importer des organismes personnalisés ci-dessous dans la Figure 42.

Créer un organisme personnalisé

Name :	Description
test_organism	Description example
Demo Organism	Description Demo example
B	bbb

Figure 42 : Créer un nouvel organisme Première étape

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 42. **Error! Reference source not found.** Dans l'écran suivant (Figure 43), saisir le nom du nouvel organisme et cliquer sur “Save” (Sauvegarder). Si une description de cet organisme personnalisé est nécessaire, elle peut être ajoutée à titre facultatif comme le montre la Figure 43.

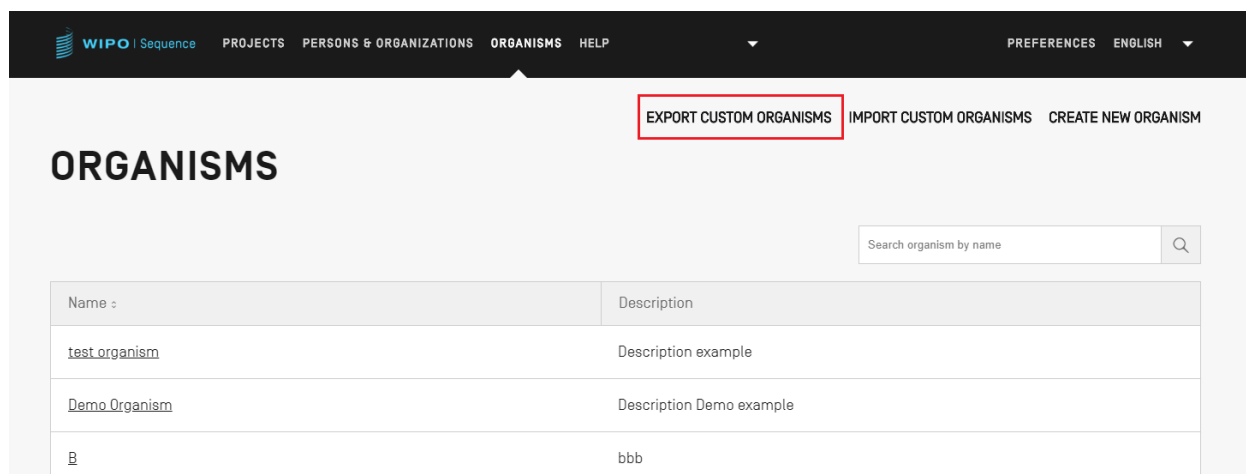


The screenshot shows a web interface for creating a new organism. At the top, there is a navigation bar with the WIPO Sequence logo and menu items: 'CREATE NEW ORGANISM', 'HELP', 'PREFERENCES', 'ENGLISH', and a 'Close' button. Below the navigation bar is a form with two input fields: 'Name*' (with a red asterisk indicating it is required) and 'Description'. At the bottom right of the form are two buttons: 'Cancel' and 'Save'.

Figure 43 : Créer un nouvel organisme Seconde étape

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 44 :



The screenshot shows the 'ORGANISMS' page in the WIPO Sequence application. The navigation bar includes 'PROJECTS', 'PERSONS & ORGANIZATIONS', 'ORGANISMS', 'HELP', 'PREFERENCES', and 'ENGLISH'. Below the navigation bar, there are three buttons: 'EXPORT CUSTOM ORGANISMS' (highlighted with a red box), 'IMPORT CUSTOM ORGANISMS', and 'CREATE NEW ORGANISM'. A search bar is present with the text 'Search organism by name'. Below the search bar is a table with columns 'Name' and 'Description'.

Name :	Description
test_organism	Description example
Demo Organism	Description Demo example
B	bbb

Figure 44 : Exporter des organismes personnalisés Première étape

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 45.

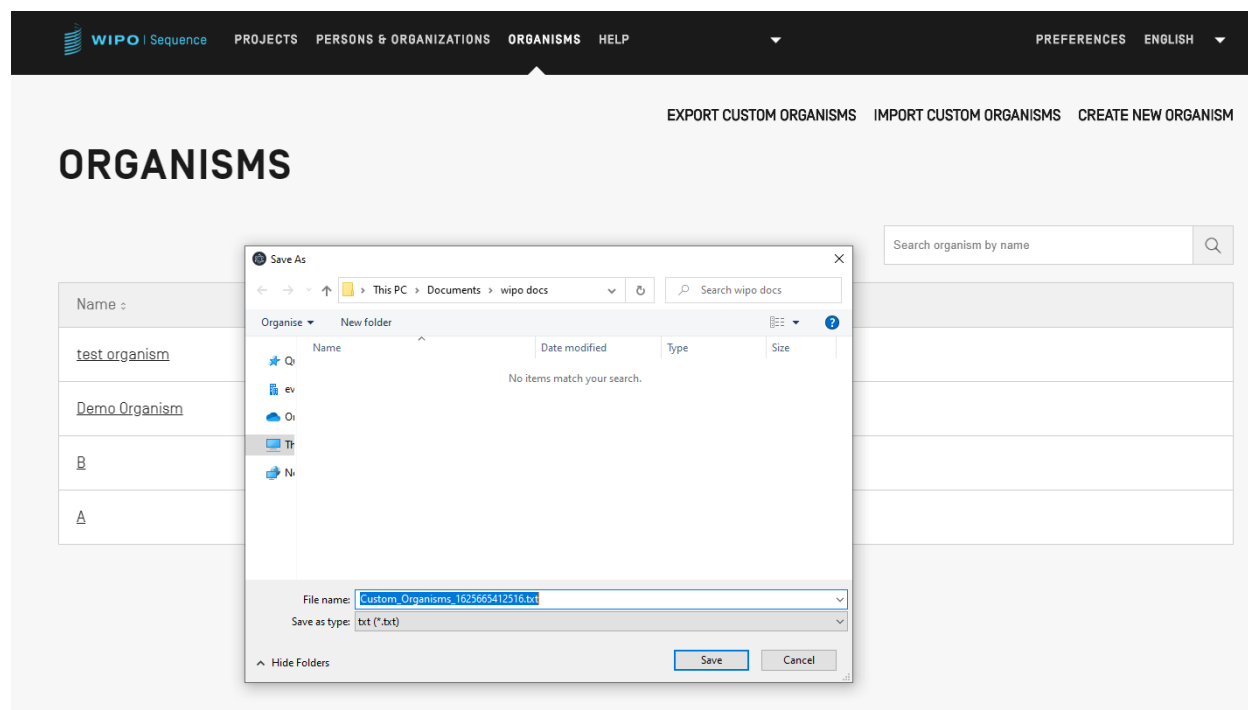


Figure 45 : Exporter des organismes personnalisés, dialogue

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 Figure 46).

```
Custom_Organisms_1625665412516.txt - Notepad
File Edit Format View Help
A: aaa
B: bbb
Demo Organism: Description Demo example
test organism: Description example
```

Figure 46 : Exemple de fichier texte contenant les noms d'organismes personnalisés

Importer les organismes personnalisés

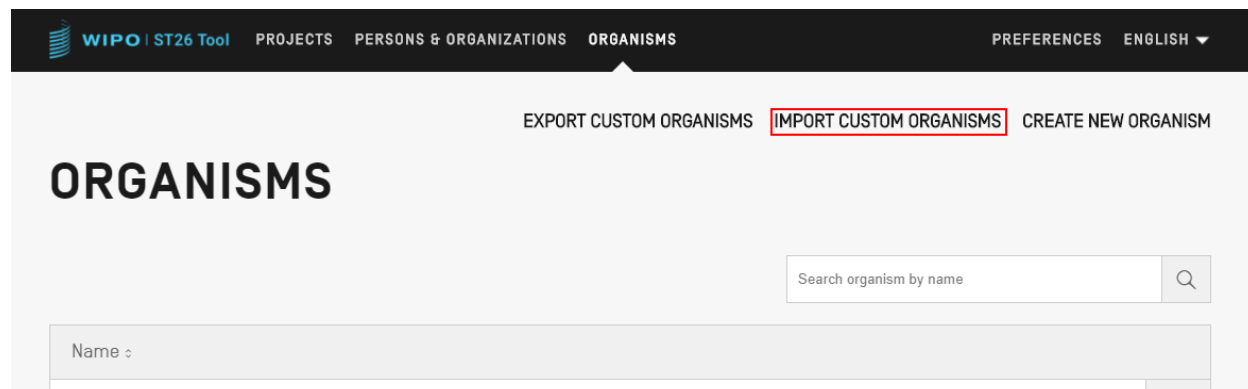


Figure 47 : Importer des organismes personnalisés Première étape

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 Figure 47. Une zone grisée s'ouvre alors par-dessus le tableau des organismes, comme l'illustre la Figure 48.

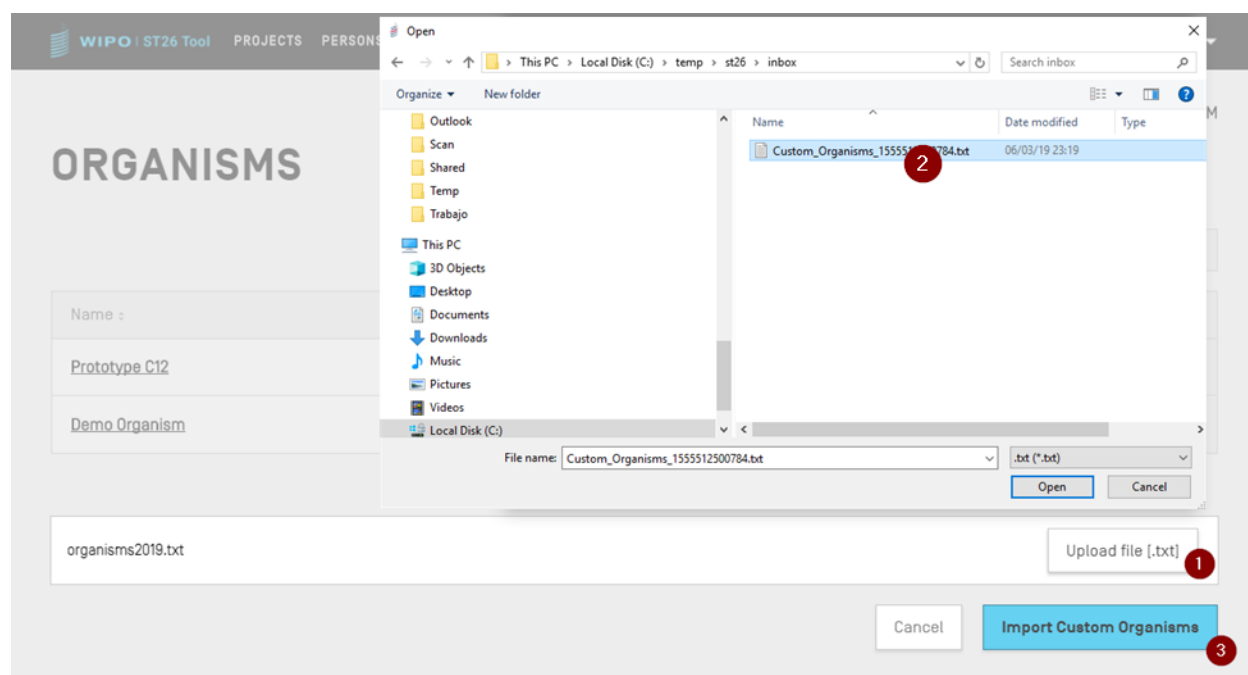


Figure 48 : Importer des organismes personnalisés, dialogue

- 1) Cliquer sur le bouton "Upload file [.txt]" (Télécharger un fichier [.txt]) (1) indiqué dans la Figure 48
- 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.

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 Figure 49).

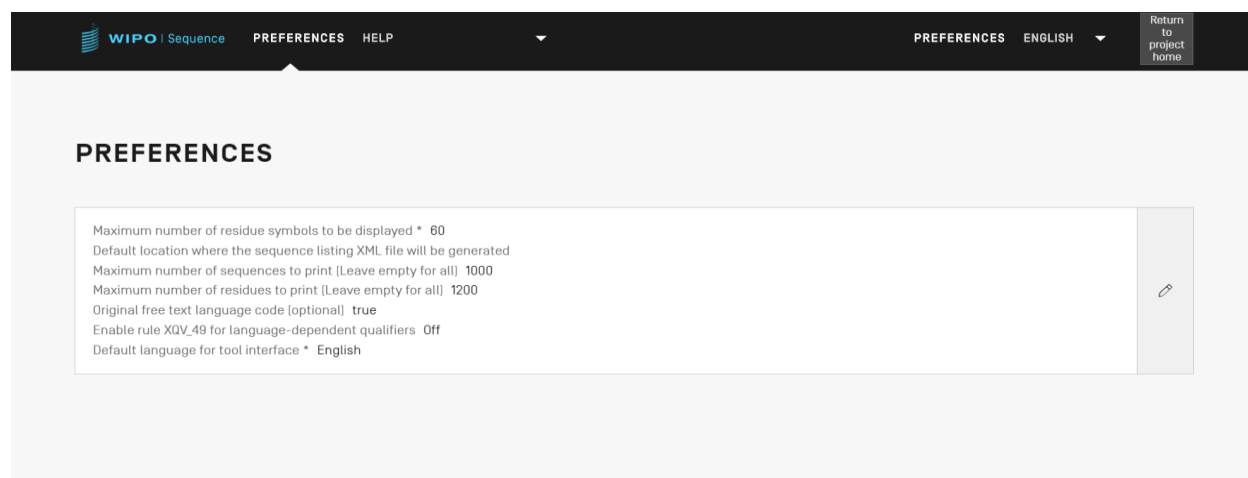


Figure 49 : Résumé des préférences de système

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 50 :

The screenshot shows the 'PREFERENCES' panel in the WIPO Sequence application. The panel is divided into several sections, each with a title and a value or control. The first section is 'Maximum number of residue symbols to be displayed *' with a value of 60. The second section is 'Default location where the sequence listing XML file will be generated' with a 'Select folder' button. The third section is 'Maximum number of sequences to print (Leave empty for all)' with a value of 2500 and a warning message: '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.' The fourth section is 'Maximum number of residues to print (Leave empty for all)' with a value of 2500 and a warning message: '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.' The fifth section is a checkbox for 'Original free text language code (optional)' which is checked. The sixth section is a checkbox for 'Enable rule XQV_49 for language-dependent qualifiers' which is unchecked. The seventh section is 'Default language for tool interface *' with a dropdown menu set to 'English'. The top navigation bar includes 'WIPO Sequence', 'PREFERENCES', 'HELP', 'PREFERENCES', 'ENGLISH', and a 'Return to project home' button.

Figure 50 : Configuration des préférences de système

Les paramètres de configuration pouvant être modifiés dans cette vue sont les suivants (dans l'ordre) :

- **“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).** Il n'est pas nécessaire d'indiquer cet emplacement.
- **“Maximum number of sequences to print (leave empty for all): the 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): the 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 (Code langue du texte libre original) :** si cette case est cochée, alors un avertissement sera émis lors de la validation si le code langue du texte libre n'est pas indiqué. Par défaut, cette case n'est pas cochée.

- **Enable XQV_49 (Activer XQV_49)** : si cette case est cochée, alors un avertissement sera émis s'il n'y a pas de valeur English (anglais) indiquée pour un qualificateur de texte libre dépendant de la langue. Par défaut, cette case n'est pas cochée.
- **Default interface language (Langue de l'interface par défaut)** : il s'agit de la langue dans laquelle l'interface s'affichera lors du lancement de WIPO Sequence. Par défaut, cette langue est l'anglais.

Note :

Le troisième et le quatrième éléments sont pertinents lorsqu'on souhaite imprimer le projet dans un fichier PDF. Les utilisateurs ne doivent pas oublier que pour les listages des séquences très volumineux, le fichier PDF obtenu peut contenir plusieurs milliers de pages et être impossible à afficher.

DETAILS DU PROJET

On trouvera dans la présente section une description détaillée des fonctionnalités disponibles dans la vue Détails du projet.

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 49).

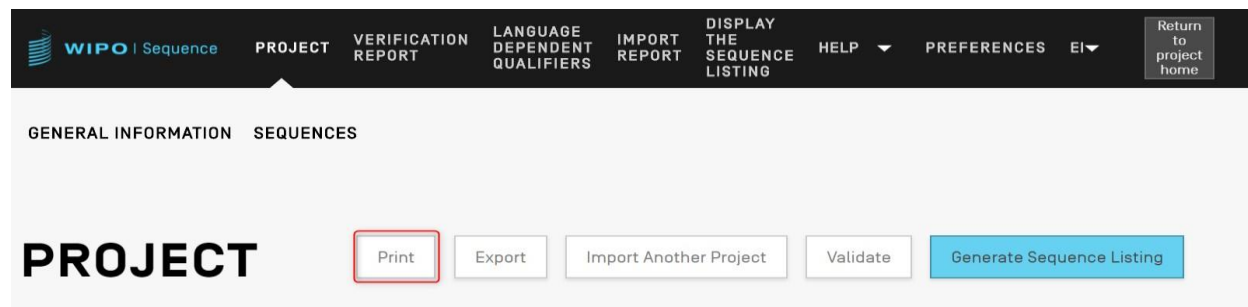


Figure 49 : Imprimer un projet Première étape

Deux cases à cocher vont alors s'afficher pour préciser les informations du projet que l'utilisateur souhaite imprimer : les informations générales ou les informations sur les séquences (voir la Figure 50).

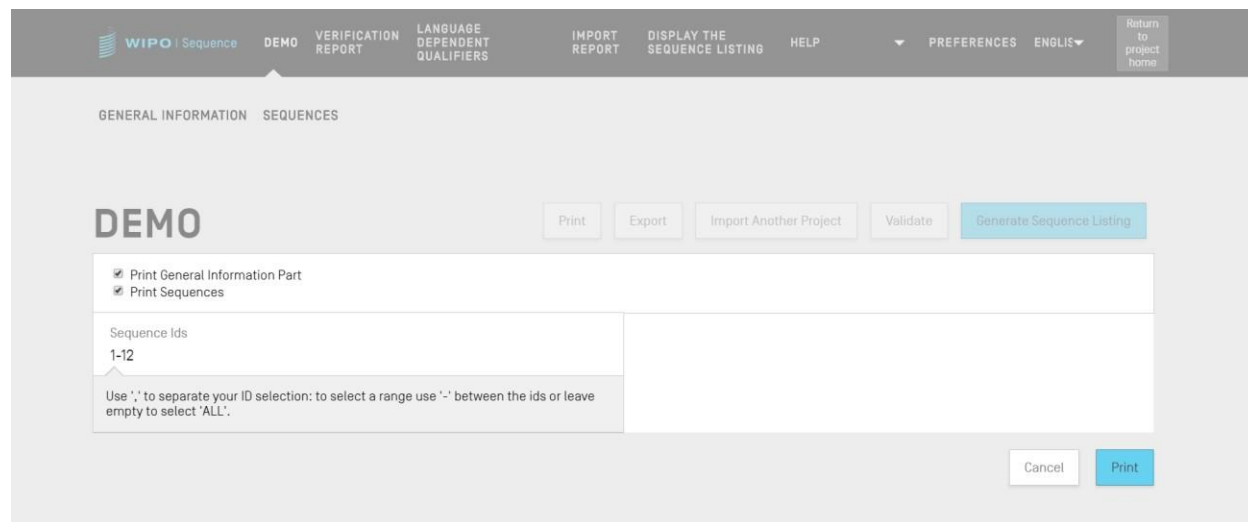


Figure 50 : Imprimer un projet Seconde étape

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.

Par défaut, le nombre total de séquences du projet s'affiche sous la forme d'une fourchette.

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.

Pour télécharger le fichier PDF, la Figure 9.

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 en suivant les étapes décrites dans la Figure 51.

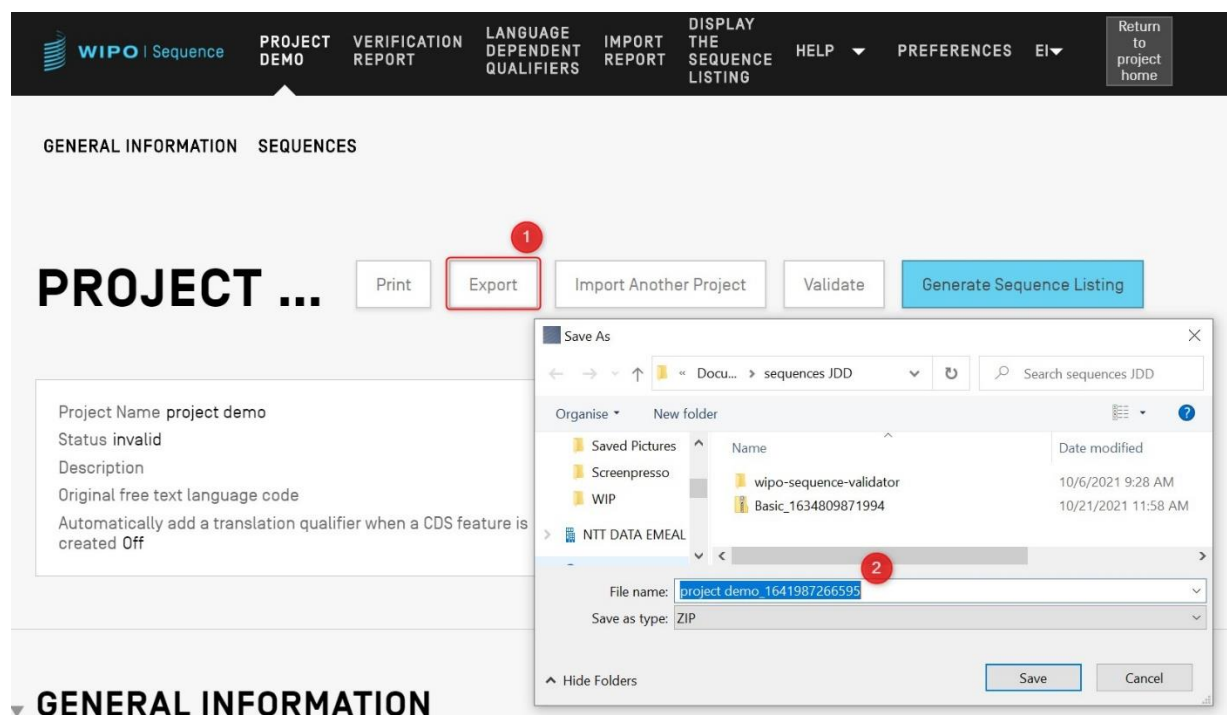


Figure 51 : Exporter un projet, dialogue

- 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 52.

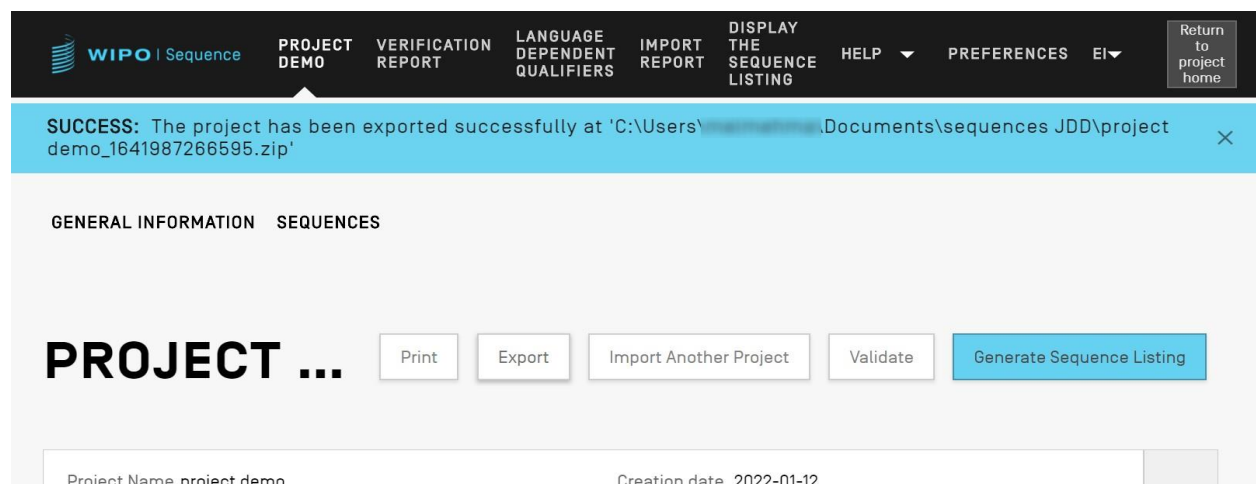


Figure 52 : Exporter un projet, succès de l'exportation

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 concerner la section "General Information" (Informations générales), la section "Sequences" (Séquences) ou 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 53).

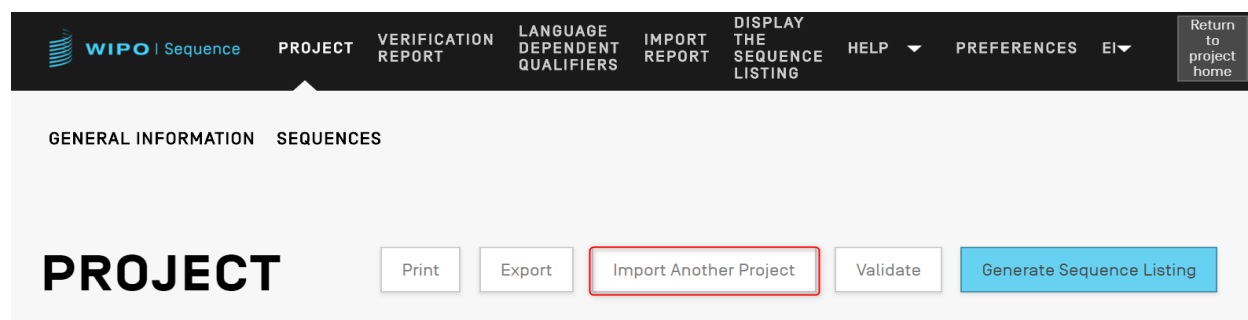


Figure 53 Importer un autre projet Première étape

Le logiciel ouvre une zone grisée, comme l'illustre la Figure 54 . L'utilisateur doit d'abord choisir le projet dont il souhaite importer les informations.

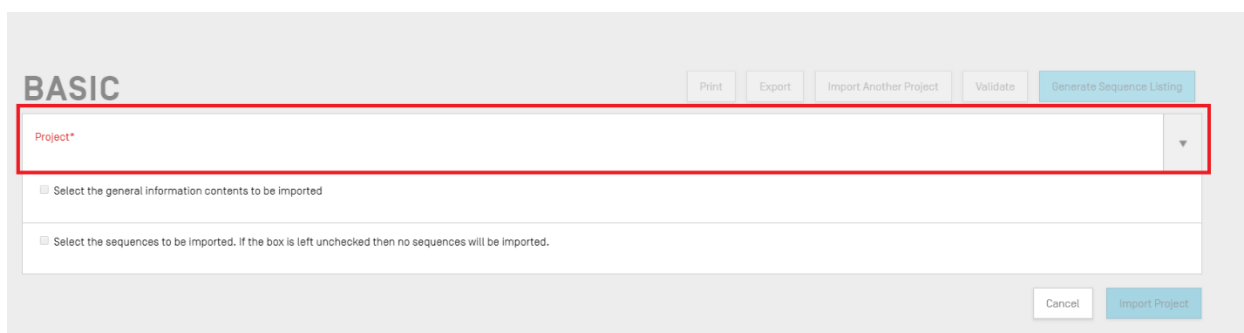
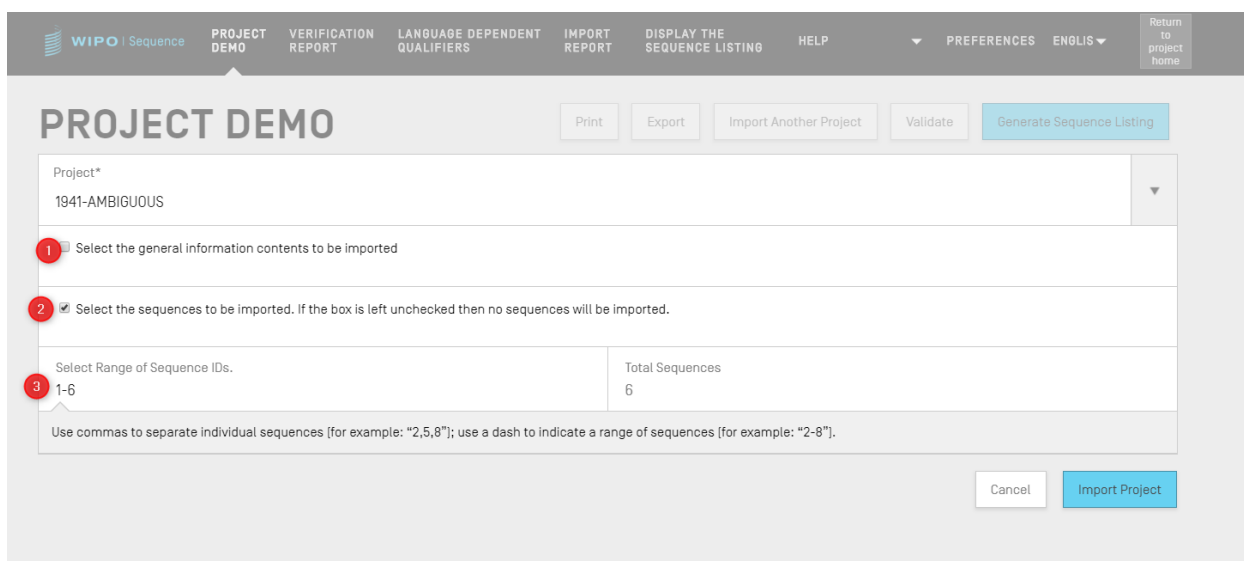


Figure 54 Importer un autre projet Deuxième étape

Ensuite, comme le montre la Figure 55, l'utilisateur peut indiquer s'il souhaite importer certains éléments particuliers des informations générales (1) et également s'il souhaite importer des séquences (2) en indiquant une fourchette de numéros d'ID de séquences (3) pour préciser quelles séquences doivent être importées dans le projet.

Par défaut, le nombre total de séquences du projet s'affiche sous la forme d'une fourchette.



Select Range of Sequence IDs.	Total Sequences
1-6	6

Figure 55: Importer un autre projet Troisième étape

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).

Note :

si l'utilisateur ne coche pas la case "Select the general information contents to be imported" (Choisir les informations générales à importer), alors aucune information générale du listage des séquences ne sera importée dans le projet.

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 56.

<input type="checkbox"/>	Element	Origin Element Value	Target Element Value
<input checked="" type="checkbox"/>	Application Identification	IP Office = FR Application number = 123123123 Filing date = 2022-04-18	IP Office = ES Application number = 1 Filing date = 2021-03-01
<input checked="" type="checkbox"/>	Applicant File Reference	Applicant file reference = 123124	Applicant file reference = ABC1234
<input checked="" type="checkbox"/>	Earliest Priority Application Identification	IP Office = FR Application number = 123123 Filing date = 2022-04-18	IP Office = ES Application number = 1 Filing date = 2021-03-01
<input checked="" type="checkbox"/>	Applicant Name	Name = AP-HM Language code = fr Name Latin = AP-HM	Name = Steven Language code = es
<input checked="" type="checkbox"/>	Inventor Name		Name = Steven Language code = es
<input checked="" type="checkbox"/>	Applicant List	Applicant name = AP-HM	Applicant name = Steven
<input checked="" type="checkbox"/>	Invention Title Bag	Invention title = TEST, Language code = fr	Invention title = AMBIGUOUS, Language code = es

The data for the selected attributes will be overwritten

Figure 56: Importer un autre projet Quatrième étape

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 57:

SUCCESS: The project has been imported successfully.

Figure 57: Importer un autre projet, succès de l'importation

Comme le montre la Figure 57, un bandeau bleu apparaît si les éléments ont été importés correctement.

Valider le projet

Avant de générer le listage des séquences sous forme de fichier XML conforme à la norme ST.26, un projet fera 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 58.

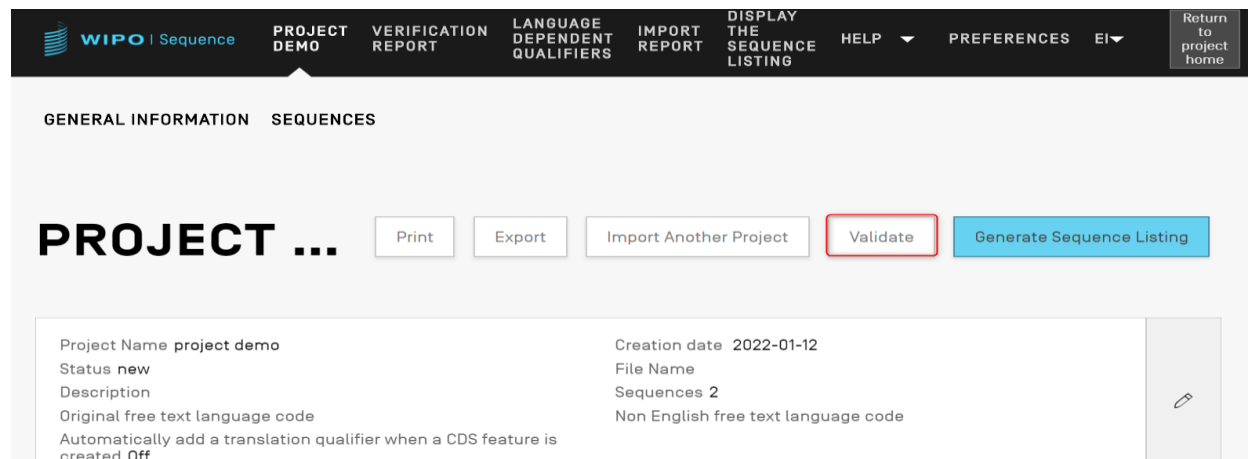


Figure 58: Validation du projet Première étape

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 59 **Error! Reference source not found.** montre l'écran qui s'affiche en cas de succès de la validation.

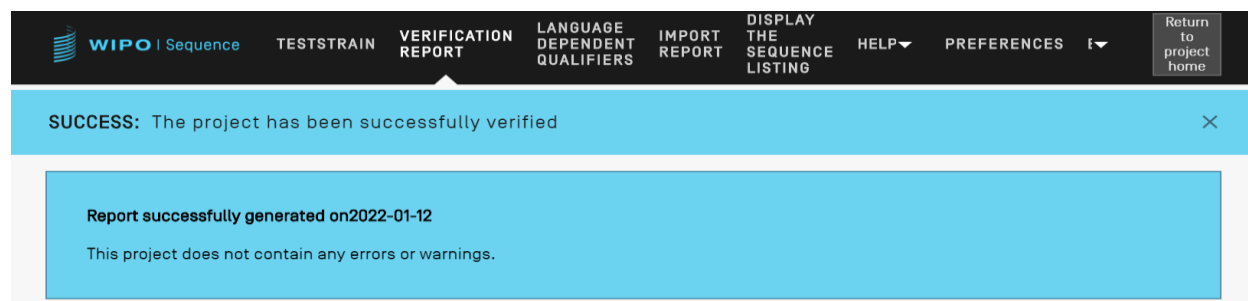


Figure 59: Succès de la validation du projet

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 60. Chaque ligne du tableau indique 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.

The screenshot shows the top navigation bar of the WIPO Sequence application. The navigation items include: PROJECT DEMO, VERIFICATION REPORT (highlighted), LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS, IMPORT REPORT, DISPLAY THE SEQUENCE LISTING, HELP, PREFERENCES, and a 'Return to project home' button. Below the navigation bar is a red error message banner: 'ERROR: After project verification, some errors or warnings have been detected.' Below the banner, the report title is 'Report generated on 2022-01-12'. There are two buttons: 'Delete selected sequences' and 'Print Report'. A table displays the error details:

<input type="checkbox"/>	Severity ▾	Data Element ▾	Message Text	Detected Value	Detected Sequence
	ERROR	Application Identification	The mandatory IP Office Code is missing.	-	

Figure 60: Validation du projet, erreur/avertissement

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 61 : . Cette action déclenche automatiquement un processus préalable de validation.

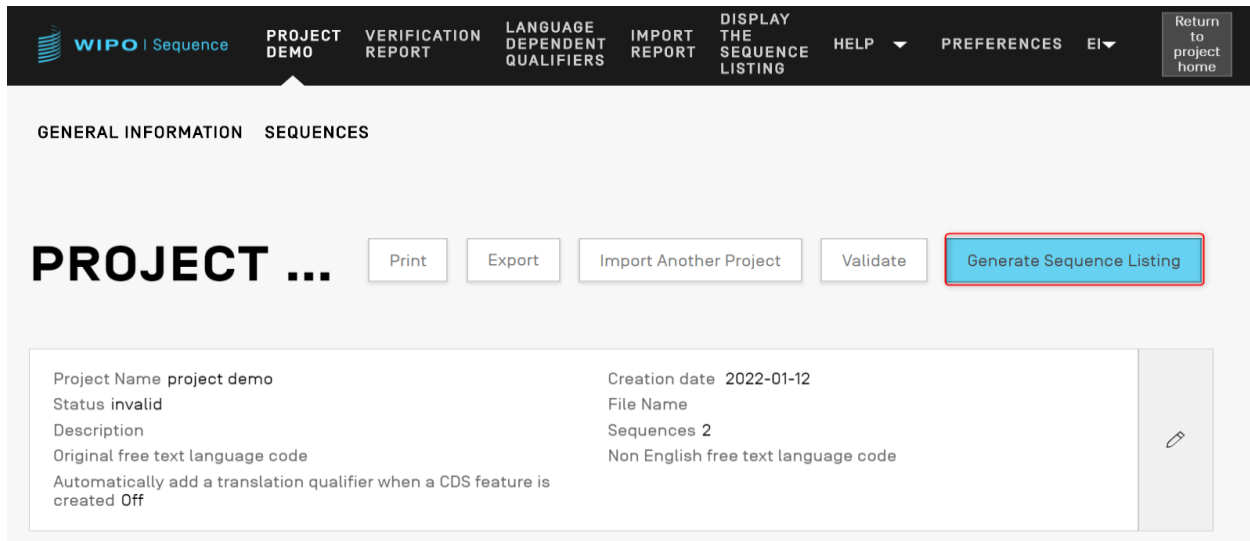


Figure 61 : Générer un listage des séquences

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 62 : .

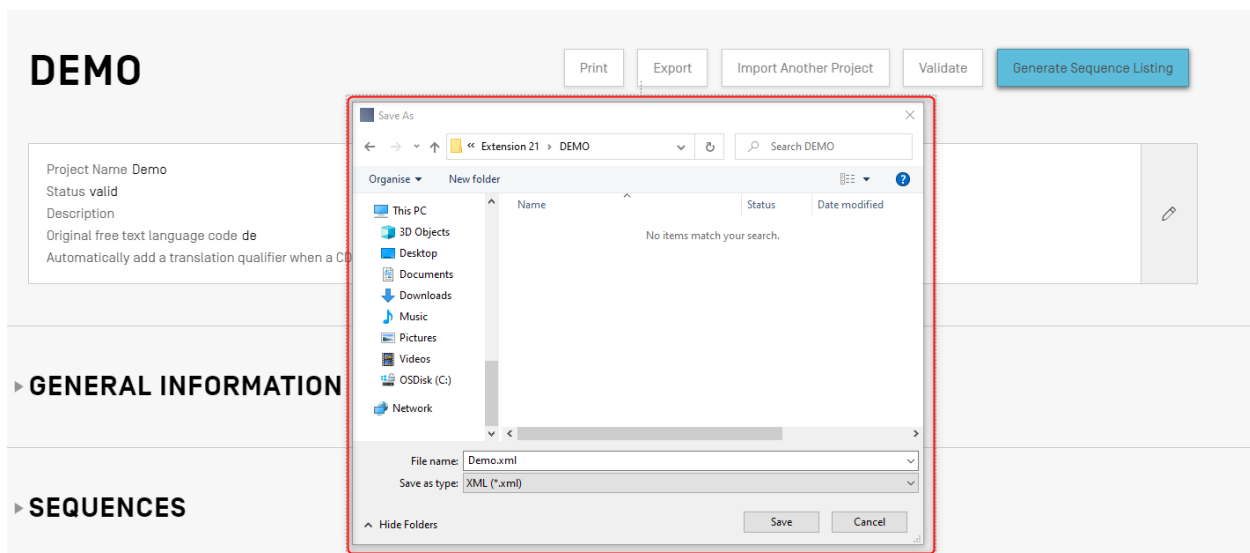


Figure 62 : Générer un listage des séquences, dialogue

Note :

il existe un problème connu en cas d'utilisation de la distribution Linux : une barre oblique inversée '\' supplémentaire apparaît dans la suggestion de nom de fichier par défaut. Pour résoudre ce problème, il convient de la supprimer manuellement avant de sauvegarder.

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 63.

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

Report generated on 2022-01-21
Delete selected sequences
Print Report

<input type="checkbox"/>	Severity ▾	Data Element ▾	Message Text	Detected Value	Detected Sequence
<input type="checkbox"/>	ERROR	<u>Qualifier Molecule Type</u>	The value of the qualifier 'mol_type' is not one of the permitted values for a DNA sequence or the value is missing.	rRNA	Sequence 1
<input type="checkbox"/>	ERROR	<u>Feature Location</u>	The feature location includes a residue number greater than the length of the sequence, which is invalid.	1..50	Sequence 1

Figure 63 : Générer un listage des séquences, erreurs/avertissements

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.

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 64).

▼ GENERAL INFORMATION**APPLICATION IDENTIFICATION**

Application Identified Before the assignment of the application number Applicant file reference 123	IP Office AU - Australia Filing date 2022-01-07
--	--



Figure 64 : Modifier l'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 Figure 65 :

- 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 1	
Application Identification* <input checked="" type="radio"/> Before the assignment of the application number <input type="radio"/> After the assignment of the application number 2	Applicant file reference* 123456 3 <small>Application File Reference is a mandatory field when 'Before the assignment of the application number' is provided.</small>
Application number 12345 4	Filing date 2019-02-20 5

Cancel Save **6**

Figure 65 : Panneau de modification de l'identification de la demande


Note :

indépendamment de ce qui est saisi, un avertissement apparaîtra toujours dans le rapport de vérification indiquant que "The application identification number is absent. The application number is mandatory if the application number has been assigned." (Le numéro d'identification de la demande est absent. Le numéro de la demande est obligatoire s'il a été attribué).

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 66.

GENERAL INFORMATION**APPLICATION IDENTIFICATION**

Application Identified Before the assignment of the application number Applicant file reference 123	IP Office AU - Australia Filing date 2022-01-07	
--	--	---

PRIORITY IDENTIFICATION

Add Priority Application



Figure 66 : Modifier/ajouter une demande établissant la priorité Première étape

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 67.

PRIORITY IDENTIFICATION

Add Priority Application

IP Office*	Filing date Date	
Application number*	Selected Earliest Priority Application*	

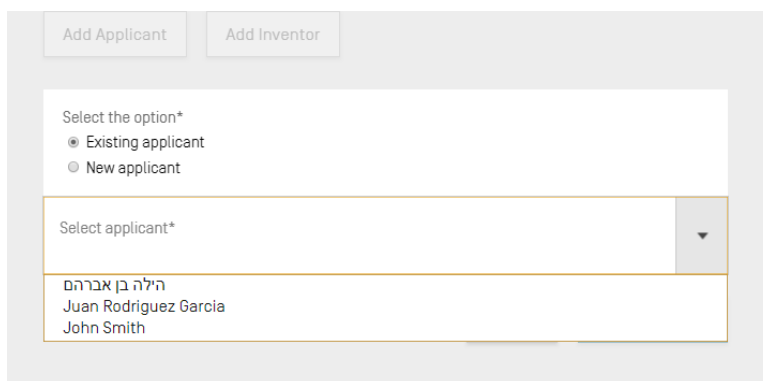
Cancel Add Priority Application

Figure 67 : Panneau de modification de la demande établissant la priorité

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 68 : . 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 68 : 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 the buttons 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 titled "Select applicant*" with a list of names: "הילה בן אברהם", "Juan Rodriguez Garcia", and "John Smith".

Figure 68 : 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 la Figure 69 :).

Note : *un seul déposant est nécessaire pour que le listage des séquences soit considéré comme valide. Il faut donc qu'un déposant ou un inventeur soit indiqué comme étant le déposant ou l'inventeur principal. C'est ce déposant ou cet inventeur qui apparaîtra dans le listage des séquences généré.*

Enfin, une fois qu'il a saisi toutes les informations, l'utilisateur clique sur le bouton "Add Applicant/Inventor" (Ajouter un déposant/inventeur) comme illustré dans la Figure 69 : . Étant donné que les champs obligatoires indiqués ci-dessous ne sont pas encore inclus, l'utilisateur ne peut pas ajouter le déposant et le bouton bleu "Add Applicant" est grisé.

Select the option*

Existing applicant

New applicant

Name* Residence Address

Language* Correspondence Address

Name Latin Mark as primary

Cancel Add Applicant

Figure 69 : Ajouter un nouveau déposant ou un nouvel inventeur

Titre de l'invention

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

- 7) 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 70 : .

INVENTION TITLE

Add Invention title

Invention title* Language*

Cancel Add Invention title

Figure 70 : Panneau de modification du titre de l'invention

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

Note : 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, mais un seul titre d'invention pour chaque langue. Tout titre supplémentaire peut être ajouté en suivant les étapes décrites ci-dessus.

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.

Créer une séquence

- 1) Cliquer sur le bouton "Create new sequence" (Créer une nouvelle séquence) illustré dans la Figure 71.

GENERAL INFORMATION SEQUENCES

▼ SEQUENCES

Create new sequence Import sequence Insert Sequence Reorder Sequence Bulk Edit

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism	Skipped Sequence
1	DNA_RNA_withut_ST25_seq_1	10	DNA	Homo sapiens	No

Figure 71 :Créer une nouvelle séquence Première étape

Les autres étapes sont illustrées dans la Figure 72 :

- 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"⁵ (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. L'utilisateur doit simplement commencer à taper le "nom de l'organisme" et un menu déroulant apparaîtra proposant les choix disponibles pour ces deux sources (4).

Il peut également classer l'organisme en choisissant un type de molécule de qualificateur⁶ 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.

⁵ 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.

⁶ 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.

The screenshot shows a web form for editing a sequence. It includes fields for 'Sequence Name' (1), 'Molecule Type*' (2), 'Residues*' (3), 'Organism name*' (4), and 'Qualifier Molecule Type' (5). There are also checkboxes for 'Mark as an intentionally skipped sequence' and 'The sequence contains both DNA & RNA fragments' (6). A message states: 'A feature with the key 'misc_feature' is recommended for each of the DNA and RNA fragments'. Below this is a table with columns 'Molecule Type' (7), 'Location', and 'Further Text'. At the bottom are buttons for 'Cancel', 'Add new 'misc_feature' feature', 'Create sequence', and 'Create & Display Sequence'.

Figure 72 : Panneau de modification d'une nouvelle séquence

- 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 un exemple de séquence nouvellement créée dans la Figure 73.

Pour plus de précisions sur la manière de réordonner le listage des séquences, voir la Figure 84 et la Figure 85.

SEQUENCE 2

Sequence Number (ID) 2	Molecule Type DNA
Sequence Name Name/Description for sequence	Organism Saaristoa firma
Length 1792	Contains DNA and RNA fragments

FEATURES

Add feature

Feature Key	Location	Qualifiers
misc_feature	7..13	note = RNA
source	1..1792	mol_type = genomic DNA organism = Saaristoa firma

Navigation: [Home] [Left] [1] [Right] [Home]

SEQUENCE

```

atctaactca ttgaatctac ttcattgaat ctacttcatt gaatctaact cattgaatct acttcattga atctaactca
ttgaatctac ttcattgaat ctacttcatt gaatctaact cattgaatct acttcattga atctaactca ttgaatctac
ttcattgaat ctacttcatt gaatctaact cattgaatct acttcattga atctaactca ttgaatctac ttcattgaat
ctacttcatt gaatctaact cattgaatct acttcattga atctaactca ttgaatctac ttcattgaat ctacttcatt
gaatctaact cattgaatct acttcattga atctaactca ttgaatctac ttcattgaat ctacttcatt gaatctaact
    
```

Figure 73 : Nouvelle séquence enregistrée dans un projet

Importer une séquence

Les séquences peuvent aussi être importées directement depuis des fichiers dans un projet. Les formats de fichier acceptés⁷ sont **texte brut**, **multiséquence**, **FASTA**, **ST.26** et **ST.25**. Une fois le fichier choisi, WIPO Sequence détecte automatiquement son format.

- 1) Cliquer sur le bouton “Import sequence” (Importer une séquence) mis en évidence dans la Figure 74.

⁷ Voir la partie du présent document consacrée aux formats de fichiers.

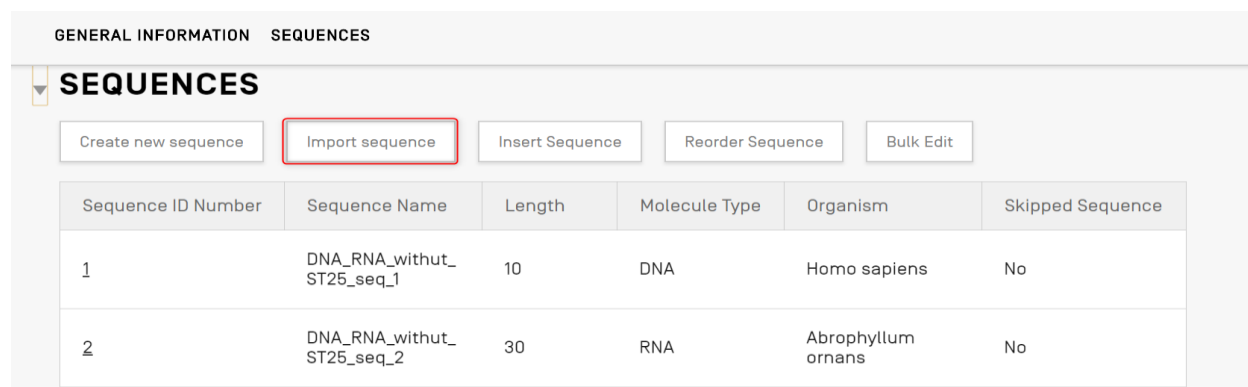


Figure 74 : Importer une séquence Première étape

- 2) Cliquer sur le bouton “Upload file [.txt, .xml]” (Télécharger un fichier [.txt, .xml]) comme le montre la Figure 75.

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.

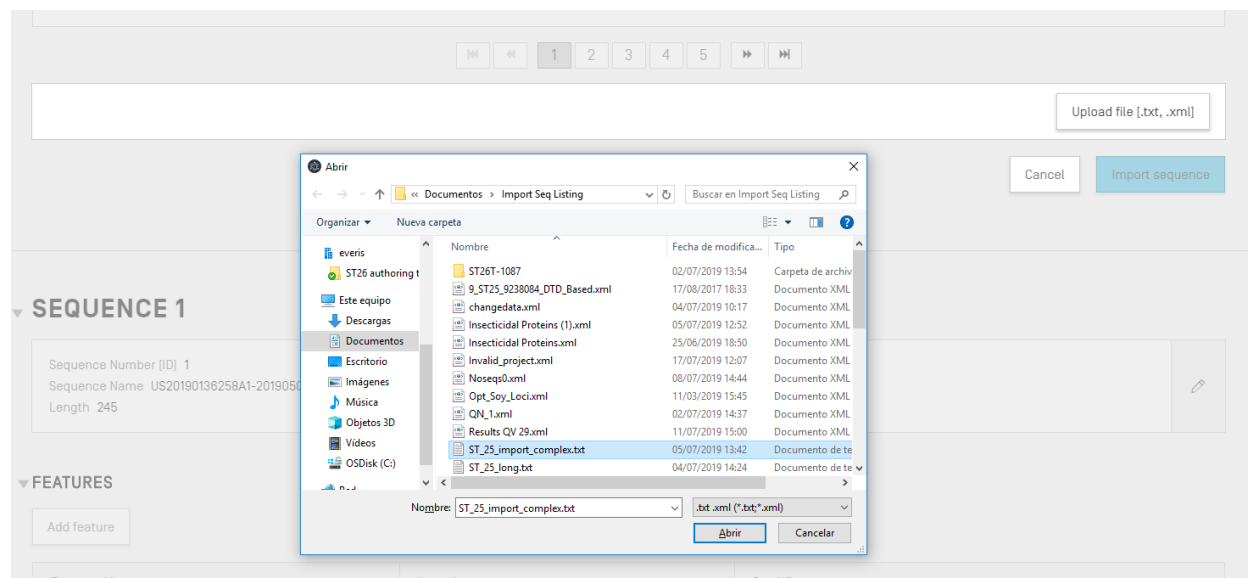


Figure 75 : Importer une séquence, dialogue

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 dernière section du présent document.

Si le fichier choisi est au format ST.25 ou ST.26 (voir la 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]	Position
[1]	1
[2]	2
[3]	3

Figure 76 : Importer une séquence au format ST.25 ou ST.26

Si le fichier importé est au format multiséquence (voir la Figure 77), 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). Par défaut, le nombre total de séquences du fichier de listages des séquences sélectionné s'affichera sous forme de fourchette.

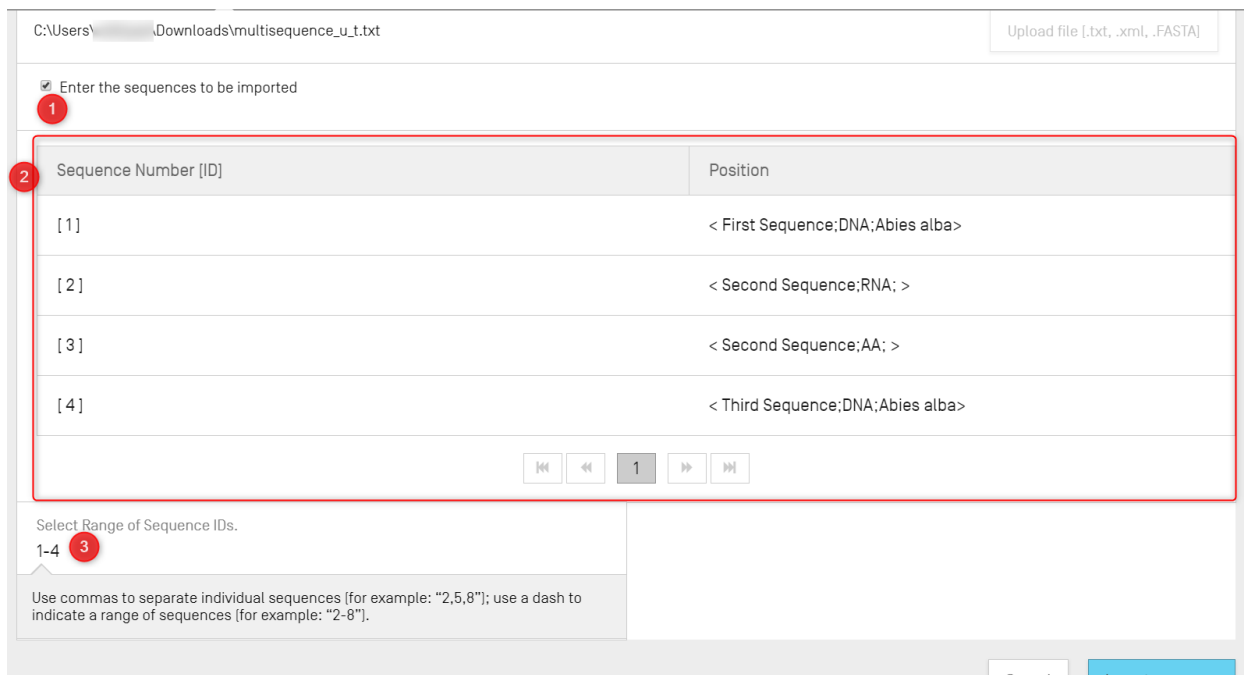


Figure 77 : Importer une séquence au format multiséquence

Les deux derniers formats acceptés pour le processus d'importation de séquences sont le format texte brut et le format FASTA (voir la section sur les formats de fichier). Ces formats ne permettent 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 78 et lorsqu'un fichier FASTA est importé, le panneau de modification illustré dans la Figure 79 s'affiche. L'utilisateur doit poursuivre en complétant les champs obligatoires.

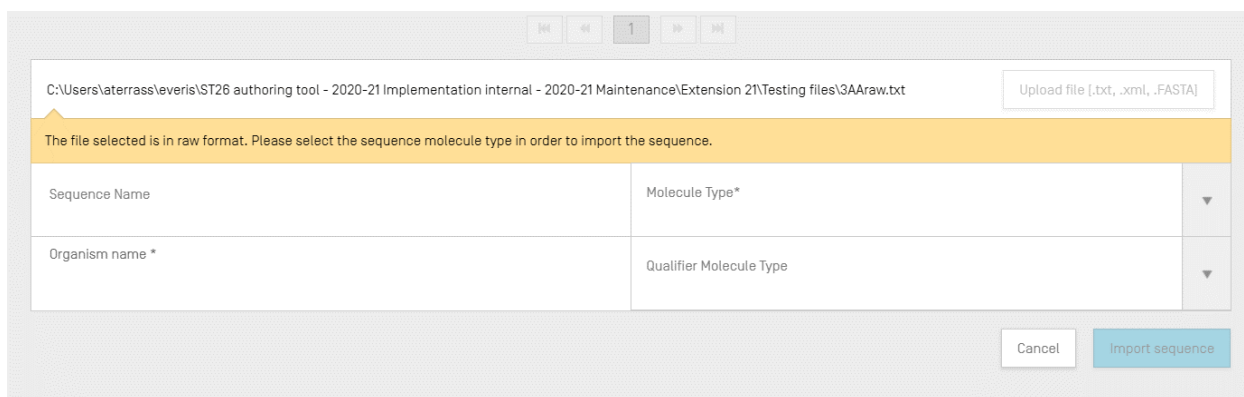


Figure 78 : Importer une séquence au format texte brut

C:\Users\aterrass\everis\ST26 authoring tool - 2020-21 Implementation internal - 2020-21 Maintenance\Extension 21\Testing files\FASTA\1DNAsequence.fasta Upload file [.txt, .xml, .FASTA]

Sequence Number [ID]	Description
1	>HM118516.1 Uncultured bacterium hypothetical protein gene, partial cds; hypothetical protein and Est1 (est1) genes, complete cds; and putative DNA polymerase I [polA] gene, partial cds

Navigation: [Home] [Previous] [1] [Next] [End]

Sequence Number [ID]	Sequence Name
1	

Molecule Type* [Dropdown]

Please select the sequence molecule type for the sequence that you would like to import.

Organism name*	Qualifier Molecule Type*
	[Dropdown]

Check to save description as a note.

Cancel Import sequence

Figure 79 : Importer une séquence au format FASTA

- 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), présentée dans la Figure 124.

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 80 :).

SEQUENCES

Create new sequence Import sequence **Insert Sequence** Reorder Sequence Bulk Edit

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism	Skipped Sequence
1	QV_31K_Test_File_seq_2	20	AA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
2	QV_31K_Test_File_seq_3	90	DNA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
3	QV_31K_Test_File_seq_4	20	AA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
4	QV_31K_Test_File_seq_5	90	DNA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
5	QV_31K_Test_File_seq_6	20	AA	Saccharomyces cerevisiae	Yes

Figure 80 : Importer une séquence Première étape

Une zone grisée comportant un panneau apparaît (voir Figure 81). L'utilisateur doit fournir toutes les informations nécessaires pour créer une séquence (voir la Figure 71), 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 81).

Sequence Number (ID)*
3

Sequence Name
inserted sequence

Molecule Type*
DNA

Residues*
gtggaatgtaggaatgtaggaatctacatgtaggaatgtaggaatgtaggaatctacatgtaggaatgtaggaatgtaggaatctacatgtaggaatgtaggaatgtaggaatctaca
ttaggaatgtaggaatgtaggaatctacatgtaggaatgtaggaatgtaggaatctacat

Organism name *
Wohlfahrtiopsis bishoppi

Qualifier Molecule Type
genomic DNA

Mark as an intentionally skipped sequence
 The sequence contains both DNA & RNA fragments

Cancel **Insert sequence** **Insert & Display Sequence**

Figure 81 : Panneau d'insertion de séquence

Pour finir, l'utilisateur peut cliquer sur le bouton "Insert sequence" (Insérer une séquence) ou "Insert & Display Sequence" (Insérer et afficher une séquence), comme le montre aussi la Figure 81.

SEQUENCES

Create new sequence Import sequence Insert Sequence Reorder Sequence Bulk Edit

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism	Skipped Sequence
1	QV_31K_Test_File_seq_2	20	AA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
2	QV_31K_Test_File_seq_3	90	DNA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
3	inserted sequence	210	DNA	Wohlfahrtiopsis bishoppi	No
4	QV_31K_Test_File_seq_4	20	AA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
5	QV_31K_Test_File_seq_5	90	DNA	Saccharomyces cerevisiae	Yes

Figure 82 : Séquence insérée à une position particulière

Si l'utilisateur clique sur le bouton bleu "Insert & Display sequence" (Insérer et afficher une séquence), un tableau de séquences pouvant être développé ou réduit va s'ouvrir après la création de la séquence, au-dessous du listage des séquences dans la Vue détaillée du projet comme illustré dans la Figure 82 :

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 83 (début) à la Figure 85 (résultat).

- 1) Cliquer sur le bouton "Reorder Sequence" (Réordonner une séquence) encadré dans la Figure 83.

SEQUENCES

Create new sequence Import sequence Insert Sequence **Reorder Sequence** Bulk Edit

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism	Skipped Sequence
1	QV_31K_Test_File_seq_2	20	AA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
2	QV_31K_Test_File_seq_3	90	DNA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
3	inserted sequence	256	DNA	Wohlfahrtiopsis bishoppi	No
4	QV_31K_Test_File_seq_4	20	AA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
5	QV_31K_Test_File_seq_5	90	DNA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
6	QV_31K_Test_File_seq_6	20	AA	Saccharomyces cerevisiae	Yes

Figure 83 : 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 84.

10 20190509- 1458 Artificial sequence
S00001_seq_SEQ ID NO 15

⏪ ⏩ 1 2 3 4 5 ⏪ ⏩

Sequence Number (ID)* New Sequence Position
3 2

To select a range use "-" between the ids

Cancel Reorder Sequence

Figure 84 : Panneau pour réordonner une séquence

3) La séquence apparaît à présent dans la Figure 85 en seconde position.

SEQUENCES

Create new sequence Import sequence Insert Sequence Reorder Sequence Bulk Edit

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism	Skipped Sequence
1	QV_31K_Test_File_seq_2	20	AA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
2	inserted sequence	256	DNA	Wohlfahrtiopsis bishoppi	No
3	QV_31K_Test_File_seq_3	90	DNA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
4	QV_31K_Test_File_seq_4	20	AA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
5	QV_31K_Test_File_seq_5	90	DNA	Saccharomyces cerevisiae	Yes

Figure 85 : Séquence(s) réordonnée(s)

Modifier en bloc

L'utilisateur peut utiliser la fonction Bulk Edit (modifier en bloc) lorsque des modifications doivent être apportées à plusieurs séquences. Bien qu'il soit possible d'accéder aux séquences et de les modifier individuellement, cette méthode n'est pas faisable pour les projets comportant un très grand nombre de séquences.

1) Cliquer sur "Bulk edit" (modifier en bloc), comme illustré dans la Figure 86 :

GENERAL INFORMATION SEQUENCES

SEQUENCES

Create new sequence Import sequence Insert Sequence Reorder Sequence **Bulk Edit**

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism	Skipped Sequence
1	DNA_RNA_withut_ST25_seq_2	30	RNA	Abrophyllum ornans	No
2	DNA_RNA_withut_ST25_seq_1	10	DNA	Homo sapiens	No

Figure 86 : Modifier en bloc Première étape

- 2) Dans “Type of bulk edit” (Type de modification en bloc), choisir un type de modification tel que “Qualifier molecule type” (type de molécule du qualificateur), “Organism” (organisme) ou “Feature” (caractéristique) :

The screenshot shows a web interface for bulk editing. At the top, there are two dropdown menus: 'Type of bulk edit*' and 'Select Range of Sequence IDs*'. Below them is a section titled 'Select the type of bulk edit to continue' with a text box containing instructions: 'Use commas to separate individual sequences [for example: "2,5,8"]; use a dash to indicate a range of sequences [for example: "2-8"]'. Below this is another set of dropdown menus: 'Molecule Type*' (set to 'DNA') and 'Qualifier Molecule Type*'. A yellow highlighted box contains the text: 'Only DNA/RNA sequences allow editing of the qualifier 'mol_type' because for amino acid sequences this qualifier value is automatically set to 'protein''. Below this is a note: 'The qualifier 'mol_type' of hybrid DNA/RNA sequences, where the 'combinedIndicator' = 'Yes', cannot be bulk edited.' At the bottom, there is a text input field: 'Enter one or more of the following DNA sequences to edit the qualifier 'mol_type''.

Figure 87 : Modifier en bloc Seconde étape

Comme la Figure 87 l'illustre, le système informe l'utilisateur que SEULES les séquences d'acides nucléiques peuvent avoir la valeur du qualificateur “mol_type” modifiée (car cette même valeur pour les séquences d'acides aminés est automatiquement définie par le système comme “protéine”).

- 3) Une fois le type de molécule choisi, le système invite l'utilisateur à sélectionner le type de séquences d'acides nucléiques auquel la modification en bloc sera appliquée.

This screenshot is similar to Figure 87 but shows the next step. The 'Qualifier Molecule Type*' dropdown is now set to 'unassigned DNA'. Below the dropdowns, the same yellow highlighted box and note are present. At the bottom, a table lists DNA sequences. The table has columns: 'Sequence ID Number', 'Sequence Name', 'Length', 'Molecule Type', 'Organism', and 'Qualifier molecule type'. The first row shows: '3', '500 sequences_seq_3', '15', 'DNA', 'Vaccaria hispanica', and 'genomic DNA'. Red boxes highlight the 'Molecule Type*' dropdown, the 'Qualifier Molecule Type*' dropdown, and the 'Qualifier molecule type' column in the table.

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism	Qualifier molecule type
3	500 sequences_seq_3	15	DNA	Vaccaria hispanica	genomic DNA

Figure 88 : Modifier en bloc, qualificateur mol_type identifié

Comme l'illustre la Figure 90, le système avertit également l'utilisateur que le qualificateur "mol_type" pour les séquences où l'organisme est "synthetic sequence" doit être défini sur "other DNA" ou "other RNA" et que s'il modifie ces valeurs, une erreur sera générée lors de la validation du projet.

- 4) Le système affiche la liste des séquences à modifier en bloc à des fins de sélection.

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism	Qualifier molecule type
3	500 sequences_seq_3	15	DNA	Vaccaria hispanica	unassigned DNA
7	500 sequences_seq_7	16	DNA	Wabasso hilairoides	unassigned DNA

Figure 89 : Modifier en bloc, qualificateur mol_type mis à jour

Lorsque le type de modification en bloc est Organisme :

- 1) Choisir Organisme comme "Type of bulk edit" (type de modification en bloc) (1) comme indiqué dans la Figure 90. L'utilisateur doit saisir la fourchette des identifiants de séquences à modifier (2). Puis, si l'utilisateur a choisi par exemple de modifier la valeur de l'organisme en "synthetic construct", le système l'aviserá que le qualificateur "mol_type" sera automatiquement changé en "other DNA" ou "other RNA" en fonction du type de molécule (3).

Type of bulk edit* 1

Organism

Select Range of Sequence IDs* 2

1-3

Use commas to separate individual sequences (for example: "2,5,8"); use a dash to indicate a range of sequences (for example: "2-8").

Select the type of bulk edit to continue

Organism name* 3

synthetic construct

The qualifier 'mol_type' value will be automatically changed to 'other DNA' or 'other RNA'.

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism	Qualifier molecule type
1	Seq_1	192	DNA	Mus musculus	genomic DNA
2	Seq_2	20	DNA	Homo sapiens	other DNA
3	Seq_3	20	DNA	Gabaza connectens	other DNA

⏪ ⏩ 1 ⏪ ⏩

Figure 90 : Modifier en bloc, organisme Première étape

Lorsque le type de modification en bloc est Caractéristique :

- 1) Choisir "Feature" (caractéristique) comme "Type of bulk edit" (type de modification en bloc) (voir la Figure 91) (1). Ensuite l'utilisateur doit préciser s'il veut modifier des caractéristiques existantes ou en ajouter de nouvelles (2). L'utilisateur doit saisir le type de molécule (3) et la fourchette des identifiants de séquences à modifier (4). Dans le cas où l'utilisateur choisit de modifier une caractéristique (2), si l'utilisateur a choisi de modifier la valeur de l'emplacement de la caractéristique (6) en "complement(join(1..30,61..90))", le logiciel actualisera toutes les caractéristiques CDS existantes (5) pour les séquences 5 et 8 avec la valeur indiquée.

The screenshot shows a web interface for bulk editing features. At the top, there are navigation buttons and a page indicator showing '1' of 5 steps. The main form has several sections:

- Type of bulk edit***: A dropdown menu with 'Features' selected (marked with a red circle 1).
- Select the type of bulk edit to continue**: A section with a dropdown menu set to 'Edit feature' (marked with a red circle 2).
- Select Range of Sequence IDs***: A dropdown menu with '5,8' selected (marked with a red circle 4). Below it is a note: "Use commas to separate individual sequences [for example: "2,5,8"]; use a dash to indicate a range of sequences [for example: "2-8"]."
- Type of bulk feature edit***: A dropdown menu with 'Edit feature' selected (marked with a red circle 2).
- Molecule Type***: A dropdown menu with 'RNA' selected (marked with a red circle 3).
- Feature Key***: A dropdown menu with 'CDS' selected (marked with a red circle 5).
- Feature Location***: A dropdown menu with '1..12' selected (marked with a red circle 6).

Below the form, there is a link: "For a detailed explanation of the format of the feature location please [click here](#)".

A table displays the following data:

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism	Qualifier molecule type
5	40000 sequences_seq_5	16	RNA	Vaccaria hispanica	genomic RNA
8	40000 sequences_seq_8	16	RNA	Gabara gigantea	genomic RNA
10	40000 sequences_seq_10	15	RNA	Wabasso hilairoides	genomic RNA

Figure 91 : Modifier en bloc, caractéristique Première étape

- 2) Dans le cas où l'utilisateur choisit comme type de modification en bloc "Add feature" (ajouter une caractéristique) (voir la Figure 92) : une nouvelle caractéristique "CHAIN" (4) avec une valeur d'emplacement "1..13" (5) sera ajoutée à chacune des séquences 1,2,7 (3).

Type of bulk edit*

Features

Select the type of bulk edit to continue

Type of bulk feature edit*

Add feature

Feature Key*

CHAIN

Molecule Type*

AA

Feature Location*

1..13

Select Range of Sequence IDs*

1,2,7

Use commas to separate individual sequences (for example: "2,5,8"); use a dash to indicate a range of sequences (for example: "2-8").

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

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism	Qualifier molecule type
1	40000 sequences_seq_1	15	AA	Gabara gigantea	protein
2	40000 sequences_seq_2	16	AA	Daboia russelii	protein
7	40000 sequences_seq_7	15	AA	Wabasso hilairoides	protein

Figure 92 : Modifier en bloc des caractéristiques : ajouter une caractéristique

- 3) Dans le cas où l'utilisateur choisit comme type de modification en bloc "Bulk Skip" (omettre en bloc) (voir la Figure 93)
- 4) La fourchette de séquences à omettre est définie sous forme de fourchette d'identifiants de séquences (1).

Type of bulk edit*

Bulk skip

Select the type of bulk edit to continue

Select Range of Sequence IDs*

1

Use commas to separate individual sequences (for example: "2,5,8"); use a dash to indicate a range of sequences (for example: "2-8").

Cancel Edit sequences

Figure 93 : Modifier en bloc des caractéristiques : omettre en bloc

Modifier une séquence

Pour modifier une séquence, l'utilisateur doit cliquer sur son numéro d'identifiant, comme illustré dans la Figure 94 (Sequence ID "1").

Note :

tous les listages des séquences conformes à la norme ST.26 de l'OMPI doivent commencer par SEQ ID #1 et être numérotés consécutivement en fonction de la longueur de la séquence.

▼ SEQUENCES

[Create new sequence](#)
[Import sequence](#)
[Insert Sequence](#)
[Reorder Sequence](#)
[Bulk Edit](#)

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism	Skipped Sequence
<u>1</u>	DNA_RNA_withut_ST25_seq_2	30	RNA	Abrophyllum ornans	No
<u>2</u>	DNA_RNA_withut_ST25_seq_1	10	DNA	Homo sapiens	No

Figure 94: 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 95 :

Cette section concernant la séquence se compose du panneau de modification “Basic Information” (Informations générales) mis en évidence et présenter en premier, suivi du tableau contenant la liste “Features” (Caractéristiques) et enfin du panneau de modification des résidus “Sequences” (Séquences).

GENERAL INFORMATION SEQUENCES

▼ SEQUENCE 1

Sequence Number [ID] 1 Molecule Type AA

Sequence Name ST25_221_BINDING_edited_seq_1 Organism synthetic construct

Length 10 ✎

▼ FEATURES

Add feature

Feature Key	Location	Qualifiers
source	1..10	mol_type = protein organism = synthetic construct

⏪ ⏩ 1 ⏪ ⏩

▼ SEQUENCE

ACCEIRROKXCC 10

✎

< 1/1 >

Figure 95 : Modifier une séquence, panneau de modification

Caractéristiques

En vertu de la norme ST.26 de l'OMPI, toute séquence DOIT s'accompagner d'au moins une caractéristique "source", selon le type de molécule. Chaque caractéristique source doit avoir deux qualificatifs obligatoires : "organisme" et "mol_type".

Le tableau des caractéristiques comporte trois colonnes : Feature Key (Clé de caractérisation), Location (Emplacement de la caractéristique dans la séquence génétique) et Qualifier (qualificatif 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 intrachaine : 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 96 : 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
source	1..41	mol_type = genomic DNA organism = Wohlfahrtiopsis bishoppi

⏪ ⏩ 1 ⏪ ⏩

▼ **SEQUENCE**

```
gatagtatgt  atatatagta  gatatgatgat  gatatatgga  t
```

41

Figure 96 : Ajouter une caractéristique à une séquence

La zone grisée qui s'ouvre ensuite (illustrée dans la Figure 97) permet de choisir une entrée dans la liste déroulante des clés de caractérisation⁸ et de préciser l'emplacement de la caractéristique au sein de la séquence à laquelle la caractéristique s'applique.

⁸ 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.

▼ FEATURES

Add feature

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

1

Feature 1

Feature Key*
D_segment

Feature Location*
4..15

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

▼ QUALIFIERS

Add qualifier

Cancel Create Feature

Figure 97: 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.

Feature 1

Feature Key*
CDS

Feature Location*
1..13

Automatic addition of a translation qualifier is currently on. This means a separate sequence will be generated and a protein_id qualifier created if the translation qualifier value meets the minimum length requirement.

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

Figure 98: Lien pop-up d'explication détaillée de l'emplacement de la caractéristique

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 98 afin que l'utilisateur puisse facilement le repérer.

Pour finir, cliquer sur le bouton bleu "Create Feature" (Créer une caractéristique) comme le montre la Figure 97.

Caractéristiques CDS

Le type Caractéristique CDS est employé pour décrire la séquence de codage d'une protéine⁹. Une caractéristique CDS peut éventuellement comprendre le passage à une séquence d'acide aminé (traduction) du segment de la séquence auquel il appartient et, s'il satisfait à l'exigence de longueur minimale, il apparaîtra en tant que séquence distincte dans la liste des séquences du projet. Au sein de la caractéristique CDS de la séquence originale, il existe une référence à l'identifiant de la séquence d'acides aminés traduite indiquée dans le qualificateur "protein_id".

Lorsque l'on crée une caractéristique CDS pour une séquence, il est possible d'ajouter automatiquement le qualificateur "translation" (traduction) (dont la valeur par défaut du "Genetic Code" (Code génétique) est de 1 – "Standard Code" (Code normalisé)) avec une valeur de qualificateur du groupe de résidus traduit de la séquence comme indiqué par l'emplacement de la caractéristique. Un identifiant "protein_id" associé et une séquence d'acides aminés distincte peuvent également être générés en cochant la case dans les informations générales (Basic Information) (voir) figurant en haut de la page Vue détaillée du projet. Ce qualificateur n'est toutefois pas obligatoire et peut être supprimé après avoir été généré. L'utilisateur peut aussi créer lui-même manuellement des qualificateurs "translation" (traduction) et "protein_id" (identifiant de protéine) qui font référence à l'identifiant de la séquence traduite associée, également créé par l'utilisateur.

Note :

depuis la version 2.1.0, la case 'Automatically add a translation qualifier' (Ajouter automatiquement un qualificateur traduction) est cochée par défaut.

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

⁹ <https://www.ddbj.nig.ac.jp/ddbj/cds-e.html>

“protein_id” (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.

Figure 99: 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 100

Feature Key	Location	Qualifiers
CDS	1..13	protein_id = 3 translation = MYIN
source	1..237	mol_type organism = test bla

Figure 100: : Nouvelle caractéristique CDS dans le tableau des caractéristiques

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). Si aucun nom n'est indiqué, un nom par défaut (“Seq_#”) est attribué à la séquence.
- **Molecule 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 Molecule 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 101.

SEQUENCE 3

Sequence Number (ID) 3 Sequence Name Seq_3 Length 4	Molecule Type AA Organism Caballerocotyla klawei	✎
---	---	---

FEATURES

Feature Key	Location	Qualifiers	
COILED	1..4	note = qual val	✎
source	1..4	mol_type = protein organism = Caballerocotyla klawei	✎

Figure 101: Caractéristique CDS, séquence d'acides aminés générée

Note concernant la création de la séquence traduite :

La séquence traduite distincte n'est créée que si elle comporte au moins 4 résidus spécifiquement définis (par exemple, 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 alors retirée, de même que le qualificateur "id_protein".

Project Name*		Creation date	
project demo		2022-01-We	
Status	▼	File Name	
modified			
Description		Sequences	
		2	
Original free text language ...	▼	Non English free text langu...	▼
<input checked="" type="checkbox"/> Automatically add a translation qualifier when a CDS feature is created			
Automatically add a translation qualifier, its value, and a protein_id qualifier and associated separate amino acid sequence (if appropriate) when a CDS feature is added to a nucleotide sequence.			
		Cancel	Save

Figure 102 Case Création automatique d'un qualificateur de traduction : décocher pour désactiver

Recommandations concernant les caractéristiques CDS lors de l'inclusion d'un qualificateur pseudo ou pseudogène :

S'assurer que la fonction traduction automatique (auto-translation) est désactivée lors de l'ajout d'un qualificateur pseudo ou pseudogène à une caractéristique CDS.

Si la traduction automatique n'est pas désactivée (si la case indiquée dans la Figure 103 est cochée) lors de l'ajout d'un qualificateur pseudo ou pseudogène à une caractéristique CDS, alors, lors de la mise à jour de celle-ci, un qualificateur de traduction sera automatiquement ajouté. Pour corriger cette erreur, désactiver la fonction traduction automatique pour le projet, ouvrir la caractéristique CDS et supprimer les qualificateurs de traduction et "protein_id", puis procéder à la mise à jour de la caractéristique.

WIPO | Sequence PROJECT DEMO VERIFICATION REPORT LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS IMPORT REPORT DISPLAY THE SEQUENCE LISTING HELP PREFERENCES Return to project home

GENERAL INFORMATION SEQUENCES

PROJECT ... Print Export Import Another Project Validate Generate Sequence Listing

Project Name project demo	Creation date 2022-01-12
Status modified	File Name
Description	Sequences 2
Original free text language code	Non English free text language code
<input checked="" type="checkbox"/> Automatically add a translation qualifier when a CDS feature is created On	

Figure 103 : Création automatique d'un qualificateur de traduction : 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 (surlignée en jaune ci-dessous) 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 104, 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.

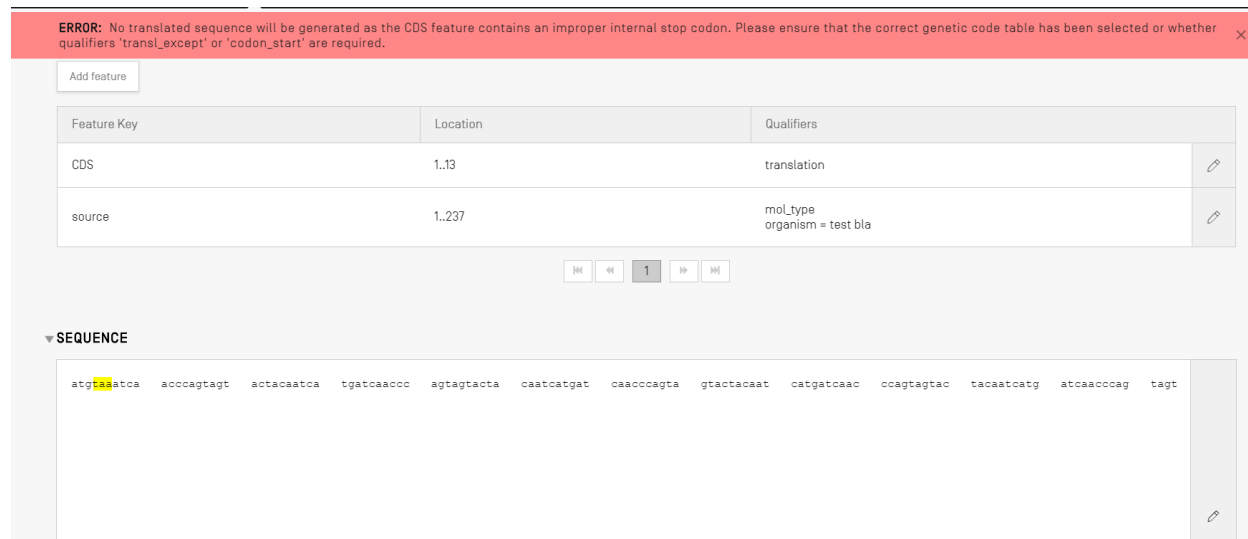


Figure 104 : Fonction de création automatique de qualificateur de traduction activée et séquence comportant un codon d'arrêt inapproprié

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 105.

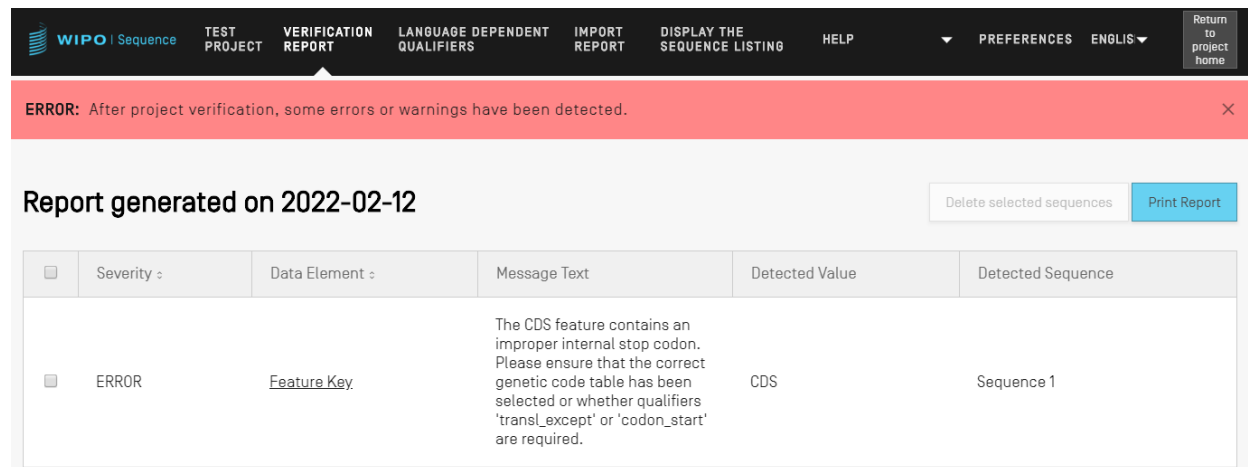


Figure 105 : Erreur de caractéristiques CDS relative à un codon d'arrêt interne inapproprié

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 106, l'icône du crayon pour la caractéristique "source" est mise en évidence.

GENERAL INFORMATION SEQUENCES

3 Seq_3 4 AA Caballerocotyla klawai No

1

▼ SEQUENCE 2

Sequence Number (ID) 2 Molecule Type DNA
 Sequence Name ST25_221_BINDING_edited_seq_2 Organism Caballerocotyla biparasitica
 Length 237

▼ FEATURES

Add feature

Feature Key	Location	Qualifiers
CDS	1..13	protein_id = 3 translation = MYIN
source	1..237	mol_type organism = Caballerocotyla biparasitica

1

Figure 106 : Ajouter/modifier un qualificateur Première étape

Un clic sur l'icône du crayon mis en évidence dans la Figure 106 ouvre la zone grisée correspondante, comme le montre la Figure 107.

Feature 2

Feature Key source Feature Location* 1..237

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

▼ QUALIFIERS

Add qualifier 2

Qualifier Name	Qualifier Value
mol_type	
organism	Caballerocotyla biparasitica

1

Cancel Update feature

Figure 107 : Ajouter/modifier un qualificateur Seconde étape

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 108 : "Qualifier Name"¹⁰ (Nom du qualificateur, à sélectionner dans une liste déroulante) et "Qualifier Value" (Valeur du qualificateur).

Figure 108 : Panneau de modification de qualificateur

Figure 108 : Panneau de modification de qualificateur

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 dans la Figure 109 :

Figure 109 : Qualificateurs à valeurs prédéfinies

Figure 109 : Qualificateurs à valeurs prédéfinies

- **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 saisir un code langue (p. ex. "ru") et la valeur de la langue correspondante dans le

¹⁰ 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.

champ Non English Qualifier Value (Valeur de qualificateur autre que l'anglais), comme le montre l'exemple ci-après dans la Figure 110 :

Figure 110 : Qualificateurs comportant des valeurs en texte libre

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.

- **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 6¹¹ de la norme ST.26 de l'OMPI. Dans l'exemple présenté dans la Figure 111, la date n'a pas été saisie au format approprié :

Figure 111 : Qualificateurs à format prédéfini

- **Qualificateurs sans valeur autorisée.** Le champ de valeur du qualificateur n'est pas modifiable, comme l'illustre l'exemple ci-dessous dans la Figure 112:

Figure 112 : Qualificateurs sans valeur autorisée

¹¹ On trouvera dans la norme ST.26 de l'OMPI, annexe I, section 6 les règles concernant ces qualificateurs.

Note :

l'emplacement de la caractéristique pour la caractéristique source ne peut pas être modifié après sa création et les qualificateurs mol_type et organisme peuvent être uniquement modifiés mais ne peuvent pas être supprimés.

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 113 pour continuer.

The screenshot shows a web form titled "Feature 2". It contains a table with two columns: "Feature Key" and "Feature Location*". The "Feature Key" is "source" and the "Feature Location*" is "1..339". Below this table is a link: "For a detailed explanation of the format of the feature location please [click here](#)".

Below the table is a section titled "QUALIFIERS" with a dropdown arrow. There is an "Add qualifier" button. Below this are two rows of qualifiers:

Qualifier Name	Qualifier Value	
mol_type	other DNA	
organism	synthetic construct	

At the bottom right of the form, there are two buttons: "Cancel" and "Update feature". The "Update feature" button is highlighted with a red rectangle.

Figure 113 : Mettre à jour une caractéristique après avoir modifié un qualificateur

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 Figure 37.

Figure 114 : Vue "Verification Report" (Rapport de vérification) Première étape

Deux vues peuvent apparaître selon que le listage des séquences du projet est validé ou non : celle de la Figure 115, qui illustre le cas où des erreurs ou des avertissements ont été générés, et celle de la Figure 116, si la validation a réussi.

Severity	Data Element	Message Text	Detected Value	Detected Sequence
ERROR	Application Identification	The mandatory IP Office Code is missing.	-	
WARNING	Earliest Priority Application Identifications	Priority application information has been entered, but no prior application has been designated as the earliest. The Earliest priority application must be designated when a priority claim is made to an earlier application.	-	

Figure 115 : Exemple de rapport de vérification, erreurs/avertissements

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 **Error! Reference source not found.** Le rapport généré sera affiché dans le lecteur de PDF, comme indiqué dans la figure 9.

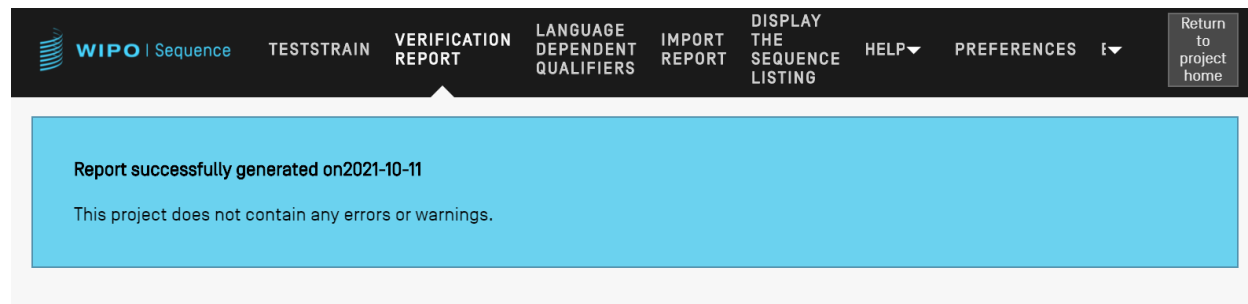


Figure 116 : Rapport de vérification, pas d'erreurs/d'avertissements

QUALIFICATEURS DEPENDANTS DE LA LANGUE

On trouvera dans la présente section une description détaillée des fonctionnalités disponibles dans la vue des qualificateurs dépendants de la langue. Les qualificateurs permettant de saisir une valeur en texte libre dans un projet sont présentés plus en détail dans la vue "LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS" (QUALIFICATEURS DÉPENDANTS DE LA LANGUE) de la page Projets.

Lorsqu'un qualificateur dépendant de la langue est ajouté au projet en cours, il s'affiche également dans cette vue, comme le montre la Figure 117.

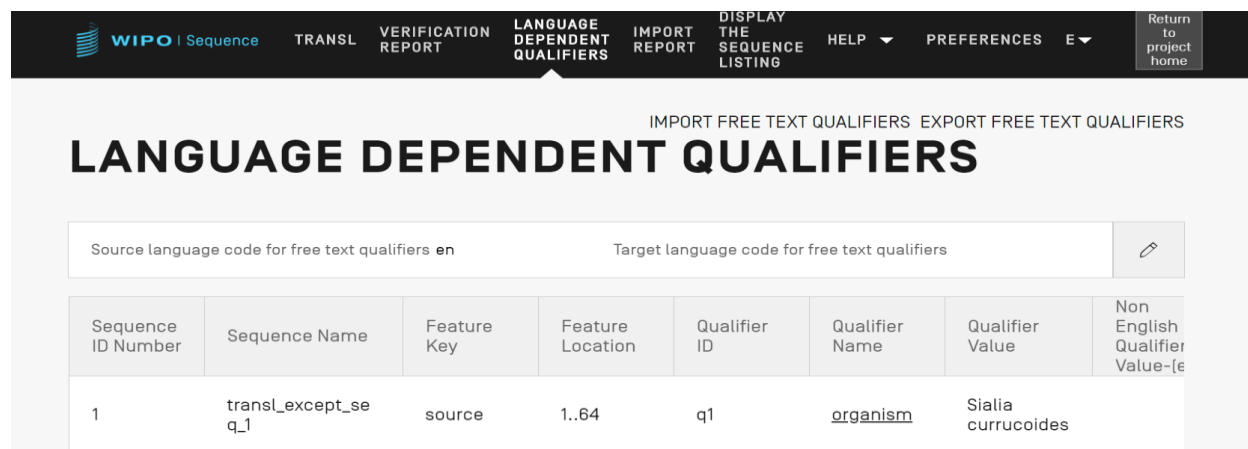


Figure 117 : Vue des qualificateurs dépendants de la langue

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 117, ce qui ouvre une zone grisée comportant un panneau de modification en dessous du tableau.

L'utilisateur doit indiquer le code de la langue source et le code de la langue cible pour l'exportation du fichier XLIFF de qualificateurs de texte libre, et les valeurs traduites devront être fournies par les traducteurs avant de réimporter le fichier XLIFF.

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 ce qui permettra à l'utilisateur de parcourir les dossiers pour trouver et sélectionner le fichier (.XLIFF) à importer. Plusieurs étapes de validation sont prévues afin de s'assurer que les bonnes mises en correspondances entre les valeurs de la langue source et de la langue cible 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" 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 118 : Exemple de fichier XLIFF valide

Une fois que l'utilisateur a confirmé le fichier à importer sélectionné, le logiciel lui demandera de vérifier s'il veut vraiment continuer en confirmant une série d'étapes de vérification (voir Figure 120 à Figure 123).

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

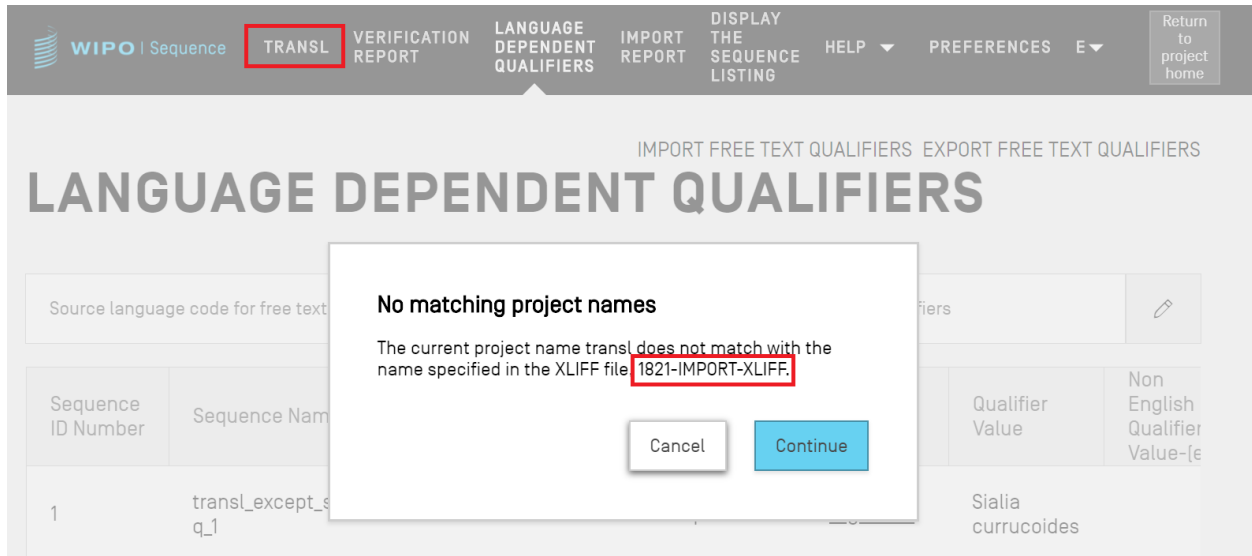


Figure 119 : Validation du nom du projet

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

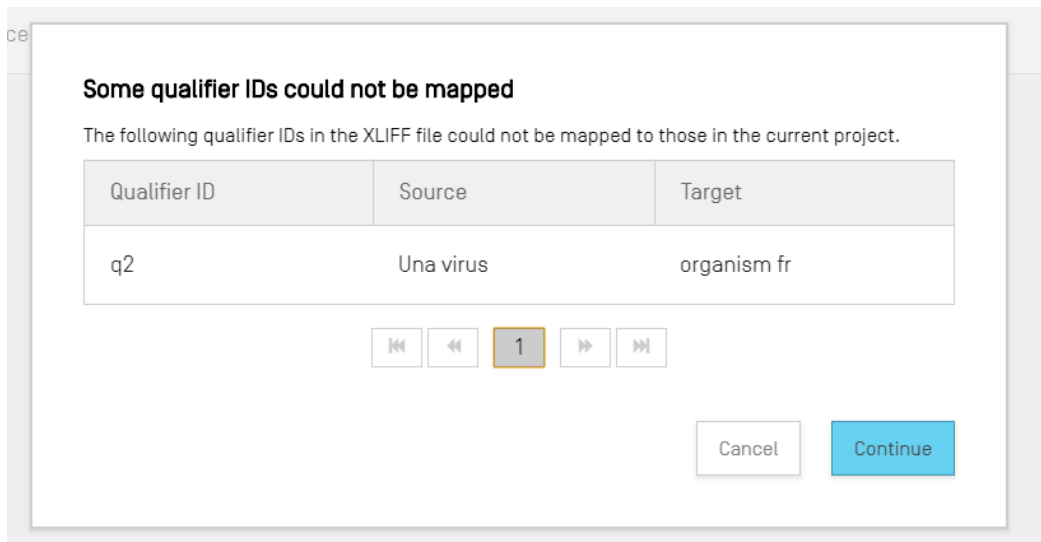


Figure 120 : Étape de validation de la mise en correspondance des qualificateurs

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

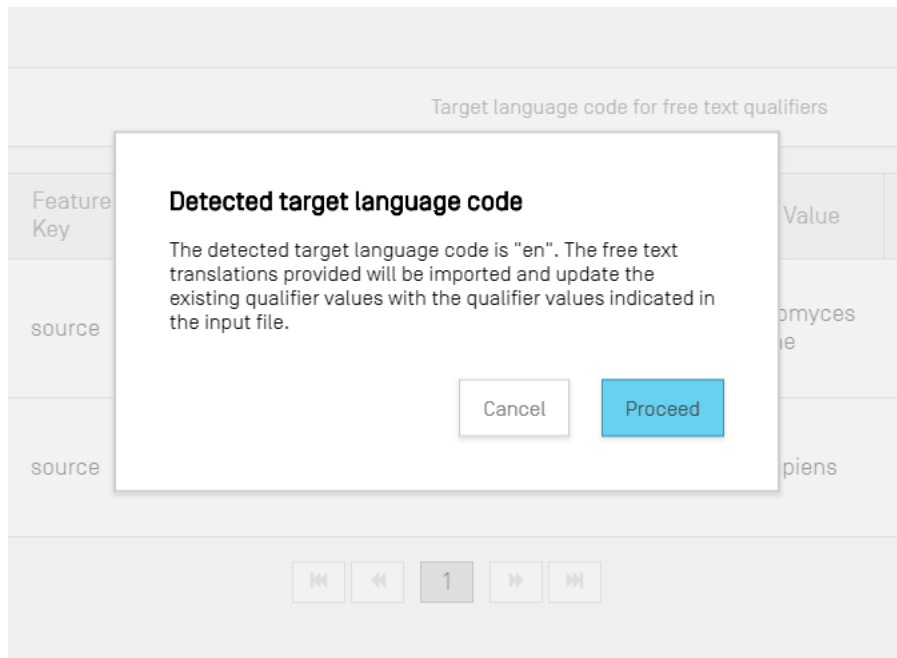


Figure 121 : Étape de validation de la langue source

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

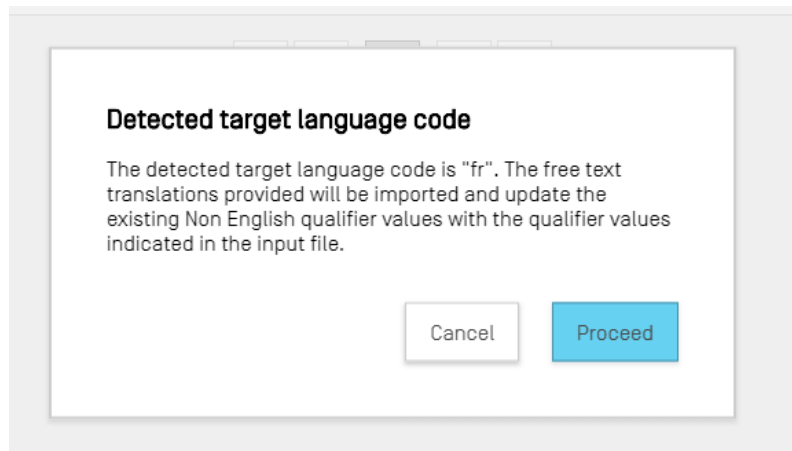


Figure 122 : Étape de validation de la langue cible

Après quoi, l'utilisateur recevra le bandeau suivant qui s'affichera en haut de l'écran en bleu : "SUCCESS: THE FREE TEXT QUALIFIER HAS BEEN IMPORTED SUCCESSFULLY" (OPÉRATION RÉUSSIE : le qualificatif de texte libre a été importé avec succès) ainsi qu'un rapport d'importation présentant le détail des valeurs précédentes et des valeurs actuelles importées pour les qualificatifs de texte libre dépendants de la langue.

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	Original Non English qualifier value	Imported qualifier value
2	source	1..19	q3	organism	Sialia currucoides		Construction synthétique
1	source	1..64	q1	organism	Sialia currucoides		

Figure 123 : 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 123.

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 qualificatifs¹²;
- les informations associées au qualificatif et à la caractéristique communiqués dans le tableau présenté dans la Figure 117.

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 les Figure 120 à Figure 123.

RAPPORT D'IMPORTATION

On trouvera dans la présente section une description détaillée des fonctionnalités disponibles dans la vue 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 importées pour les adapter au format exigé en vue de leur inclusion dans le projet.

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 124.

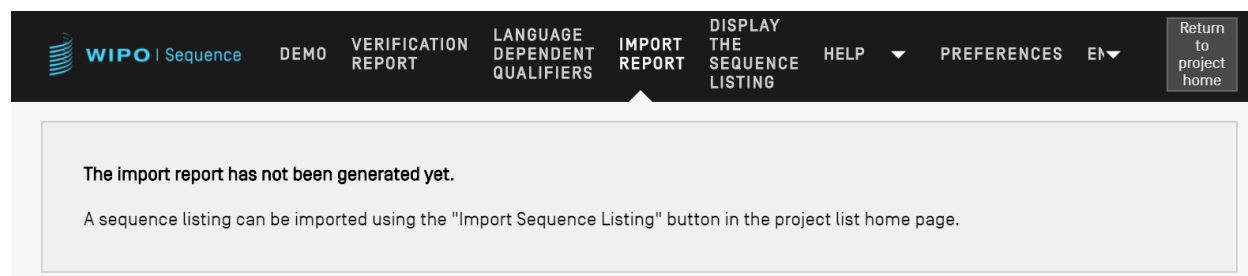


Figure 124 : Vue Rapport d'importation : aucune importation effectuée

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 la Figure 125)

¹² 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 la Figure 126)

Tableau du rapport d'importation

Type of Note	Data Element	Message Text	Detected Sequence
Global	<130>	During import, the 'Applicant File Reference' has been automatically assigned the following value: USPTO; this value can be edited within the project.	
Global	<110>	One organization or person must be selected as the first applicant or one person must be selected as the inventor, together with the appropriate language code.	

Figure 125: Exemple de rapport d'importation

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).

Tableau des données modifiées

Global	<400>	Three-letter amino acid symbols have been replaced with their corresponding one-letter codes.					
Changed Data							
Origin Tag	Origin Element Name	Origin Element Value	Target Element Name	Target Element Value	Transformation	Origin Sequence ID	Sequence ID Number
<221>	Name/Key		Feature Key	misc_feature	The custom feature key has been replaced with a recommended key [see Annex VII, ST.26].	1	1
<223>	Other information		Qualifier Name	note	A 'note' Qualifier has been created.	1	1

Figure 126 : Exemple de 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 Figure 126) :

- **“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.

AFFICHER UN LISTAGE DES SEQUENCES

On trouvera dans la présente section une description détaillée des fonctionnalités disponibles dans la vue Afficher le 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 Figure 127).

On trouvera de plus amples détails sur la manière de générer un listage des séquences dans la Figure 63.

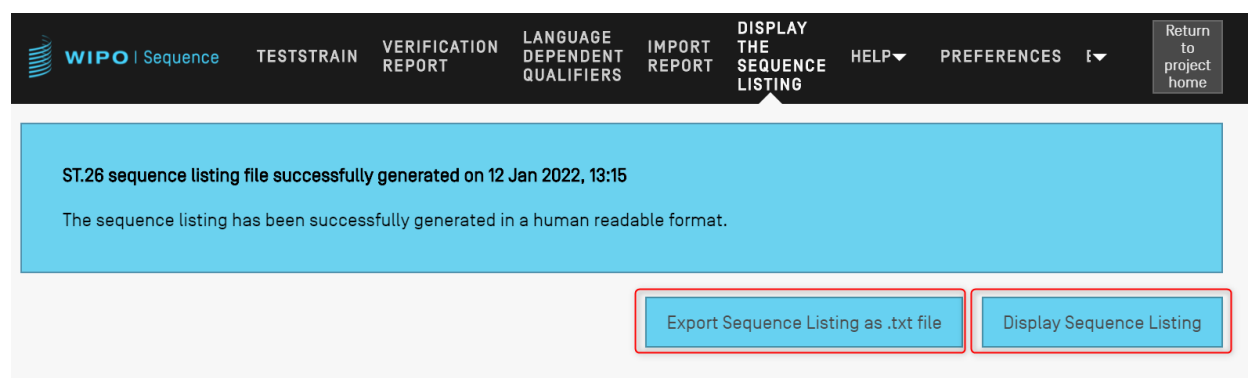


Figure 127 : Afficher un listage des séquences : listage généré

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 Figure 128 va s'afficher.

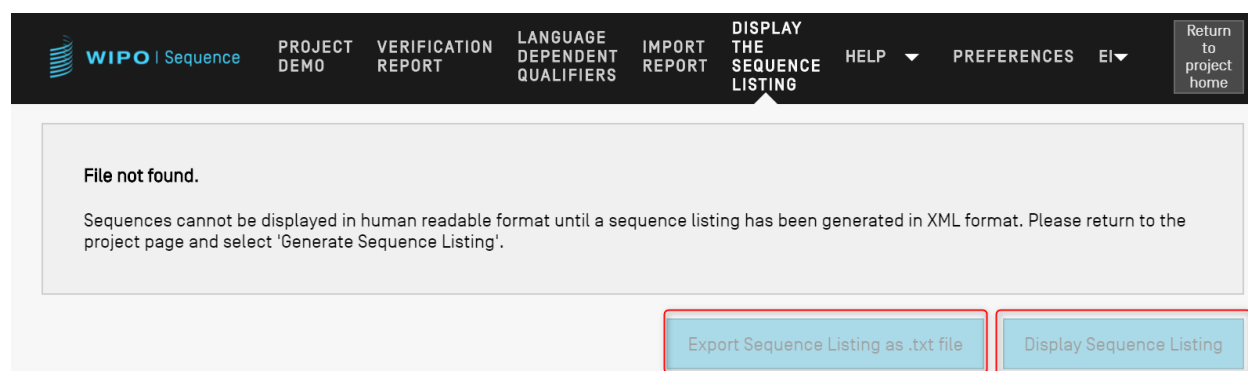


Figure 128 : Afficher un listage des séquences : listage non généré

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 129.

Note :

pour afficher le listage des séquences dans une autre langue, ce listage doit être à nouveau généré. Il faut d'abord choisir le nouveau code de langue de texte libre autre que l'anglais dans la section des informations générales, puis répéter les étapes décrites ci-dessus.

Sequence Listing		
1	Sequence Listing Information	
1-1	File Name	aR_Sprint 7_test 3.xml
1-2	DTD Version	V1_3
1-3	Software Name	WIPO Sequence
1-4	Software Version	1.1.0-beta.7
1-5	Production Date	2021-12-08
1-6	Original free text language code	
1-7	Non English free text language code	
2	General Information	
2-1	Current application: IP Office	AL
2-2	Current application: Application number	123
2-3	Current application: Filing date	2021-10-27
2-4	Current application: Applicant file reference	br
2-5	Earliest priority application: IP Office	EC
2-6	Earliest priority application: Application number	001
2-7	Earliest priority application: Filing date	2021-10-29
2-8de	Applicant name	Berthold R. Rutz
2-8	Applicant name: Name Latin	
2-9ae	Inventor name	dd
2-9	Inventor name: Name Latin	
2-10en	Invention title	fungal sequences
2-10fr	Invention title	c
2-10es	Invention title	f

Figure 129 : Afficher un listage des séquences, exemple 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 130.

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	tcattgctagc	tagtagctga	tgatcatgct	agcatcatgc	taatcatgct	60
agctagtagc	tgatgatcat	gctagctagt	agctgatgat	catgctagct	agtagctgat	120
gatcatgcta	gctagtagct	gatgatcatg	ctagctagta	gctgatgata	atgctagcta	180
gtagctgatg	atcatgctag	ctagtagctg	atggctagta	gctgatgtag	tagctgatga	240
tcattgctagc	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 130 : Afficher un listage des séquences, exemple TXT

Si le listage des séquences généré au format XML est d'une taille supérieure à 100 Mo, au lieu d'afficher le listage des séquences en format HTML, le système affichera la page HTML comme le montre la Figure 131.



Figure 131 : Afficher un listage des séquences, HTML trop volumineux pour être affiché

5 FORMATS DE FICHER

Les formats de fichier ci-après peuvent être importés dans WIPO Sequence.

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>

MULTISEQUENCE

Le format multiséquence¹³ 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>
```

```
uuuucuuauuguuucuccuacugcuuaucauaaugauugucguaguggcuuccucaucgucucccccacc  
gccuaccacaacgacugccgcagcggauuacuaauaguaucaccaacagcauaacaaaaagaaugacgaa  
gagggguugcugauggugucgccgacggcguagcagaaggaguggcggagggg
```

¹³ https://www.uspto.gov/sites/default/files/patents/resources/tools/checker/patentin351_20110214_6.pdf.

<Deuxième séquence; ADN; Albies alba>

```
attgaugtuagtgauguggtautgaugtuagutguagtautgaugtauaauuaugtggtagututuga  
uatguaautgautugtugutattgaugtuagtgauguggtautgaugtuagutguagtautgaugtaua  
auuaugtggtagututugauatguaautgautugtugutuagt
```

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 :

```
aggatatagatagtatatgatagtagtatgatgatgatgtatgtatagtagttatga
```

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.

FICHER 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)

[Fin du document]