



WIPO Sequence

バージョン2.3.0

ユーザーマニュアル

この文書は、WIPO Sequenceデスクトップアプリケーションを用いた基本的な操作に関する指示をユーザーに提供することを目的としています。通常、ユーザーとは配列表を含む特許出願を提出しようとする特許出願人またはその担当者です。

WIPO SEQUENCE バージョン 2.3.0

ユーザーマニュアル

目次

1	INTRODUCTION	5
	概要	5
	システム要件	5
	インストール	7
	アンインストール	8
	自動更新プロセス	10
2	ツールの機能	11
3	ツールの概要	15
	主なツールの要素	15
	ビュー	16
	セクション	16
	オーバーレイ	17
	テーブル	18
	パネルビュー	19
	編集パネル	19
	日付ピッカー	20
	PDFリーダー	21

キーボードナビゲーション	21
プロジェクトのホームビュー	23
プロジェクトページ	24
プロジェクトの詳細	26
基本情報	26
ヘルプ 27	
ユーザー設定	28
4 ツールの機能	29
プロジェクトホーム	29
プロジェクトの作成	29
プロジェクトをインポート	30
配列表をインポート	33
配列表を検証	37
プロジェクトを削除	40
個人／法人	41
個人または法人を作成	41
ユーザーの生物の作成	42
ユーザーの生物をエクスポート	43
ユーザーの生物をインポート	44
システム環境設定	46
プロジェクトの詳細	49
プロジェクトの印刷	49
プロジェクトのエクスポート	50
プロジェクトを検証	53
配列表を作成	56

一般情報	57
配列 62	
レポートのインポート	97
インポートレポートテーブル	97
変更データテーブル	98
99	
配列表を表示	99
5 ファイル形式	104
ST.25 104	
マルチシーケンス	104
RAW 105	
FASTA 105	
1つの配列を含むFASTAファイル	105

1 INTRODUCTION

概要

WIPO Sequenceは、ユーザーが次のことを行うことを可能にするデスクトップツールです。

- (i) **WIPO Standard ST.26に準拠したXML形式で配列表を作成／編集する**
- (ii) **WIPO ST.26の要件に対するXML形式の配列表の適合性を検証する**

WIPO Standard ST.26は、以下から入手可能です

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

この文書では、出願人または出願人の担当者としてWIPO Sequenceを使用する方法について説明します。ツールの機能のリストは、この文書のセクション2に記載されています。

システム要件

WIPO Sequenceツールは、次のオペレーティングシステムをサポートするように開発されました。

- Windows 10 バージョン 1803 (32ビットおよび 64ビットバージョン)
- Linux: Ubuntu バージョン 18.04およびCentOS 7 バージョン 1804
- MacOS バージョン 10.13 (64ビットバージョン)

上記のバージョンの他に、以下のオペレーティングシステムもサポートしています。

- Windows 7以降 (32ビットおよび64ビット)
- Ubuntu バージョン 12.04以降
- MacOS バージョン 10.9 (64ビットバージョン)

WIPO Sequenceツールには、次に記す最低限のハードウェア仕様が必要です。

- CPU : 1.6GHz
- RAM : 4Gb
- 空きハードディスク : 1GB (配列表情報の保存に追加のHDが必要になる場合があります)
- 画面解像度 : 1366x768

インストール

Windows

WIPO Sequenceは、Windowsの32ビットと64ビットバージョンの両方に対して、単一のインストールファイルを提供しています。ユーザーは、インストールウィザードに示されるプロセスに従ってください。

32ビットバージョンを使用している場合、ユーザーはパフォーマンス上の問題に遭遇するか、ツールが正常に動作しないことがある点を確認する必要があります。

プロジェクト情報の保存に使用されるデータベースファイルとツールのログは、次の場所に保存されます。

```
C:\<username>\AppData\Roaming\ST26_authoring
```

アプリケーションを更新またはアンインストールしてもこれらのファイルは削除されないため、アプリケーションを再インストールした場合、プロジェクトデータは維持されます。

Linux

WIPO Sequence は、CentOSやUbuntu を含むほとんどのLinuxディストリビューションで動作する「AppImage」ファイル（<https://appimage.org/>）として提供されています。ファイルを動作させるにあたって、ユーザーは、ファイルをダブルクリックするか、コマンドラインを使用してファイルを実行することができます。

最初に、デスクトップにショートカットを作成するかどうかを選択するメッセージがユーザーに表示されます。

OSX

WIPO Sequenceは、MacOS 64ビットオペレーティングシステムにアプリケーションをインストールするための「dmg」ファイルを提供しています。インストールするには、ユーザーはファイルをダブルクリックしてウィザードに従ってください。

プロジェクト情報の保存に使用されるデータベースファイルとツールのログは、次の場所に保存されます。

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

アプリケーションを更新またはアンインストールしてもこれらのファイルは削除されないため、アプリケーションを再インストールした場合、プロジェクトデータは維持されます。

サイレントインストール

WIPO Sequenceでは、インストール (.exeインストーラーファイルを使用) 中に次のフラグを使用することにより、サイレントインストールをサポートします：

- /S：サイレントインストールを起動します
- /allusers：ツールをインストールすると、すべてのWindowsユーザーがデスクトップマシン上でツールを利用できるようになります（この作業は管理者ユーザーとしてログインしたときに開始する必要があります）。

アンインストール

Windows

WIPO Sequenceは、Windowsの [プログラムの追加と削除] オプションから起動できるアンインストールウィザードを提供しています。

ログファイルとプロジェクト情報の保存に使用されるファイルを完全に削除するには、次のフォルダを削除する必要があります。

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

Linux

Linux「ApplImage」ファイルを削除すると、アプリケーションがコンピュータからアンインストールされます。さらに、このメニューエントリは、デスクトップファイルを次の場所から削除することで消去できます。

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

ログファイルとプロジェクト情報の保存に使用されるファイルを完全に削除するには、次のフォルダを削除する必要があります。

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

OSX

本アプリケーションは、OSXの [ファインダー] から[アプリケーション] セクションでアンインストールできます。

ログファイルとプロジェクト情報の保存に使用されるファイルを完全に削除するには、次のフォルダを削除する必要があります。

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

自動更新プロセス

WIPO Sequenceを起動すると、ツールは利用可能なアップデートをチェックします。アップデートが見つかった場合は、新しい安定バージョンにアップグレードするようにユーザーに求めます。

使用するバージョンがST.26の最新バージョンに準拠していることを確実にするため、アップデートはスキップしないことをお勧めします。

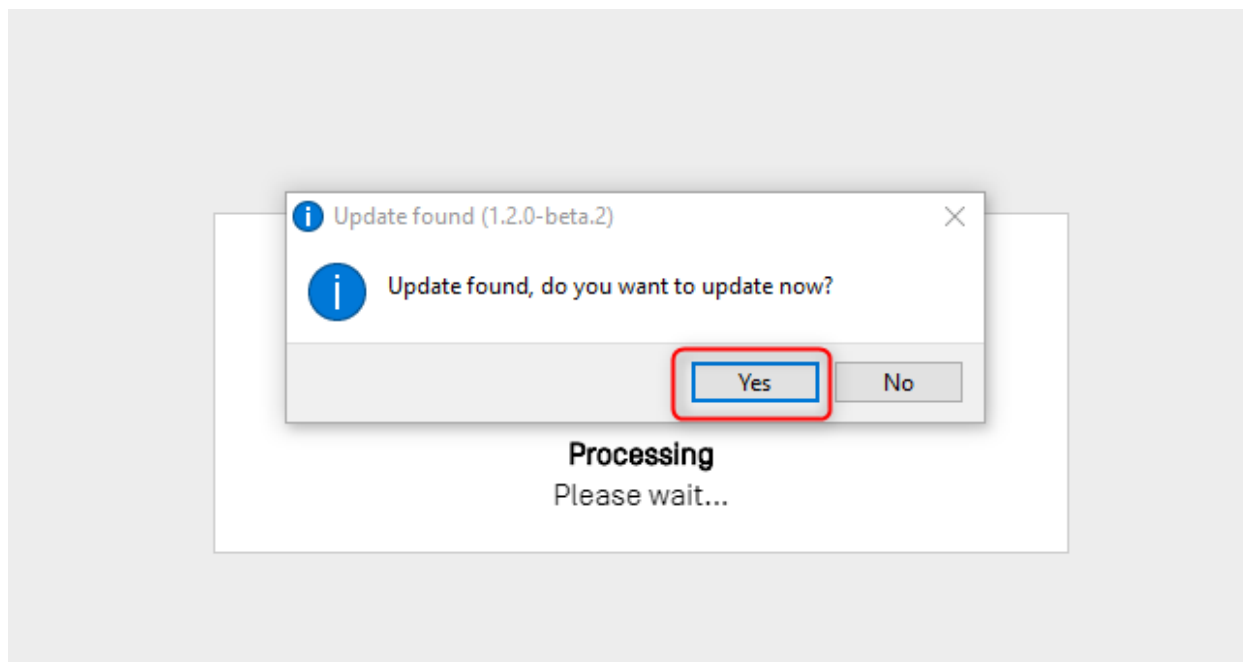


図 1：自動更新のポップアップ

注：

自動更新を有効にするには、コンピューターがインターネットに接続され、ツールがHTTP経由でWIPOのウェブサイトへアクセスする許可を得ている必要があります。ただし、ユーザーからWIPOアップデートサーバーに情報送信されることはありません。ユーザーは、アプリケーションから焦点をそらすず、新しいバージョンのダウンロードおよびインストールが完了するまで待つ必要があります。

2 ツールの機能

このセクションでは、ツールの現在のバージョンにおいて、ツールが実行できるすべての機能について、概要を説明します。

カテゴリ	機能
プロジェクト	1つの配列表に関するデータが保存されるプロジェクトを作成する
プロジェクト	配列表を作成する
プロジェクト	プロジェクトの属性を編集する
プロジェクト	XLIFF形式での翻訳のためにフリーテキストqualifierをエクスポートする
プロジェクト	プロジェクトに保存されているすべてのデータをエクスポートして、後でシステムの同じインスタンスまたは別のインスタンスにインポートできるようにする (ただし、プロジェクトのメタデータ以外)
プロジェクト	作成された配列表を人間が読める形式 (.html / .txt) で表示 / エクスポートする
プロジェクト	プロジェクトファイル (.zip) に保存されているすべてのデータを新規作成したプロジェクトにインポートする
プロジェクト	ST.25配列表ファイルから新規作成したプロジェクトにデータをインポートする
プロジェクト	ST.26配列表ファイルから新規作成したプロジェクトにデータをインポートする
プロジェクト	FASTA配列から既存のプロジェクトにデータをインポートする
プロジェクト	「マルチシーケンス」形式のファイルから配列データをインポートする

プロジェクト	別のプロジェクト（元プロジェクト）からデータを現在のプロジェクト（ターゲットプロジェクト）にインポートする
プロジェクト	プロジェクトからデータを印刷
プロジェクト	生成されたST.26配列表からデータを印刷
プロジェクト	元のデータおよび新たに変更されたデータを示すレポートに、インポート時に変更されたデータを記録
プロジェクト	ST.26配列表ファイルを検証し、警告とエラーのメッセージを含む検証レポートとして問題を表示する
プロジェクト	プロジェクトに保存されているデータを検証し、警告とエラーのメッセージを含む検証レポートとして問題を表示する
プロジェクト	プロジェクトを削除
一般情報	発明の名称とそれに対応する言語コードをプロジェクトに追加する
一般情報	プロジェクトに出願情報（本出願または先の出願）を追加する
一般情報	出願人または発明者の情報をプロジェクトに追加
配列	配列にsource featureと必須のqualifierを追加する
配列	配列にfeature情報を追加する
配列	featureにqualifierを追加
配列	プロジェクトで配列を作成
配列	配列の範囲において各featureを一括編集あるいは追加
配列	一連の配列を一括スキップ
配列	配列の範囲を一括削除

配列	表の別の位置に配列を作成および／又は挿入する
配列	既存のプロジェクトに配列をインポートする
配列	配列を削除する
配列	選択されたCDS featureに対して、翻訳qualifierを自動的に作成し、オプションとして、protein_idによって識別される関連アミノ酸配列も自動的に作成する
配列	qualifierデータの編集
配列	配列データの編集
配列	feature keyデータの編集
配列	選択したfeatureに対し位置情報を特定
配列	残基に無効な記号が含まれていないことを確認
配列	アミノ酸配列の分子属性を、定義済みの値のうちの1つに設定する
配列	特定された遺伝暗号表の数値に従って核酸配列を翻訳する（デフォルトでは遺伝暗号1）
配列	フリーテキストqualifierのソース・ターゲットのペアをXLIFF形式でインポートし、プロジェクトで翻訳を提供する
配列	qualifier mol_typeを含むシーケンスアノテーションの一括編集
配列	一括編集を用いて配列の範囲を一括削除
配列	配列表で配列を並べ替える

ユーザーの生物	システムに保存されている生物名のリストに新規生物名を追加する
ユーザーの生物	ユーザーの生物名のリストを、後でWIPO Sequenceの別のインスタンスにインポート可能なテキストファイルにエクスポートする
ユーザーの生物	ユーザーの生物名のリストをXLIFFファイルから既存のプロジェクトにインポートする
個人／法人	出願人または発明者に関する情報（例えば、名前、対応する言語コード、ラテン文字への翻訳または翻字（該当する場合）、住所等）をシステムに保存し、後で様々なプロジェクトで使用できるようにする
個人／法人	新規の個人名または法人名を作成する
システム環境設定	該当するインスタンスによって生成されたすべてのプロジェクトに影響する、ツールの特定の環境設定を調整

3 ツールの概要

主なツールの要素

このセクションでは、ツールの主な構成要素について詳しく説明します。この詳細な説明の目的は、デスクトップツール内で提供されている共通構成要素をユーザーに知ってもらうことです。

ページは、ツール内でのビューのメインコンテナです。ビューを含むメインページは2つあります。

- メインページ
 - プロジェクトホームビュー
 - 個人および法人ビュー
 - ユーザーの生物ビュー
 - ユーザー設定ビュー
- プロジェクトページ（プロジェクトビューからアクセス可能）
 - プロジェクトの詳細ビュー
 - 検証レポートビュー
 - 言語依存qualifierビュー
 - インポートレポートビュー
 - 配列表の表示ビュー

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
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

図 2：プロジェクトホームビュー

ビュー

図 1 に示すように、同じページ内で見ることができる情報の異なる複数の表示を、ビューと呼びます。

セクション

一部のビューはセクションを含む場合があります。セクションは、大きなビューの異なる部分を区画化する便利な手段となります。

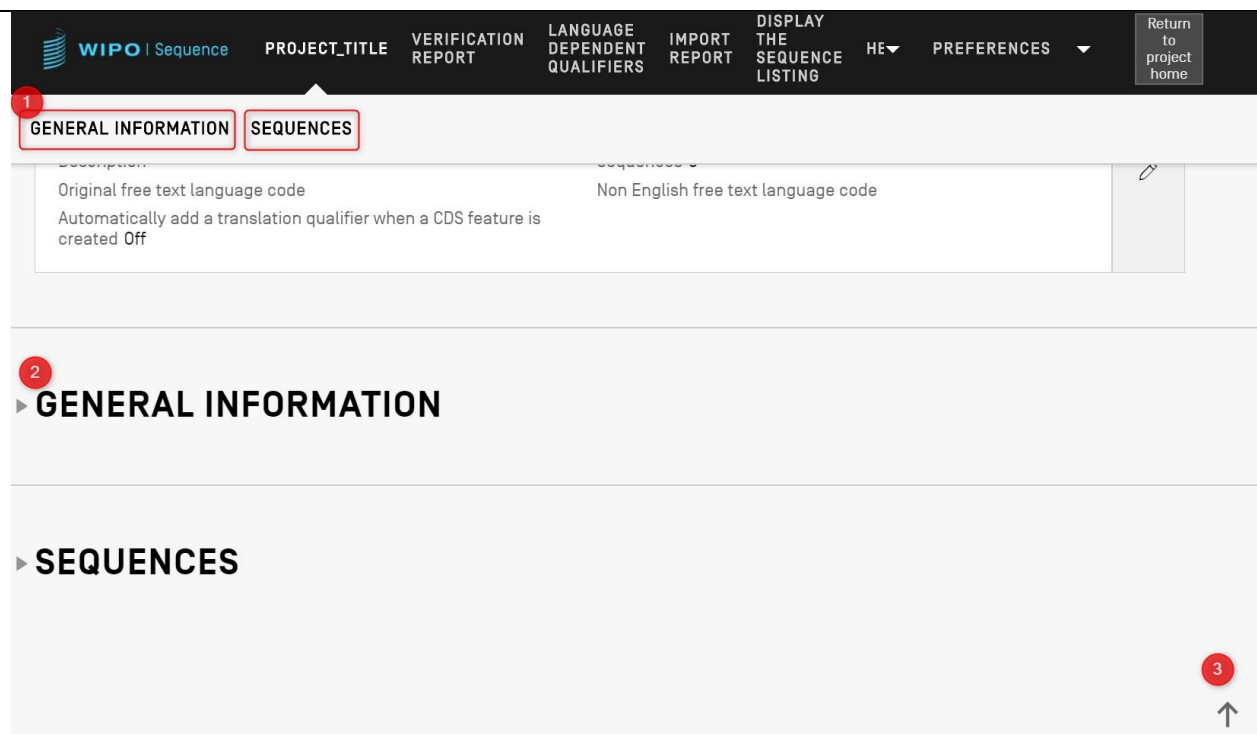


図3：プロジェクトの詳細ビュー

図3に示すように、プロジェクトの詳細ビューには、一般情報と配列という2つの開閉可能なセクションがあります。プロジェクトの詳細ビューの先頭には、ユーザーに対応するセクションにナビゲートする2つのリンクがあります(1)。ナビゲーションを容易にするため、各セクションは開閉可能になっています（左側の小さな三角形で表示）(2)。ユーザーは、矢印アイコンをクリックすることで、プロジェクトの詳細ビューの先頭にスクロールできます(3)。

オーバーレイ

パネルの入力や修正が必要な場合、図4：オーバーレイに示すように、現在のビュー上にオーバーレイが表示されることがあり、背景がグレー表示されます。

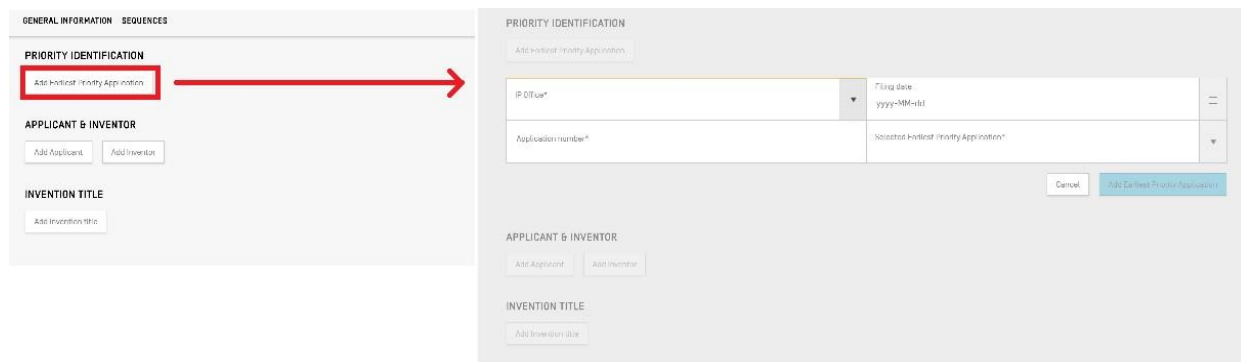


図 4：オーバーレイ

オーバーレイが表示されているとき、オーバーレイの背後にあるすべての要素は機能しなくなります。また、フォーカスされている項目のみが修正可能です。

テーブル

Name	Language Code	Name Latin	Residence Address	Correspondence Address
<u>הילה בן אברהם</u>	he - Hebrew	Hila Ben Avraham		
<u>Juan Rodríguez 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 1: Example of a table. The image shows a table with a search bar at the top right (1), a pagination bar at the bottom (2), and a trash icon in the right column (3). The name 'Juan Rodríguez Garcia' is highlighted in red (4).

図 1：テーブルの例

図5に示すように、テーブルで検索が有効になっている場合、ユーザーは検索データを入力し、検索バーの右にある検索アイコンをクリックすることができます(1)。テーブル内の要素の全リストに戻るには、検索入力ボックスをクリアし、検索アイコンをクリックします(1)。

ユーザーは、すべてのエントリが1ページに収まらない場合、テーブルの下のボタンをクリックして、テーブル内の行のページ間を移動できます(2)。テーブル内のエントリを削除するには、対応する行の右側にあるゴミ箱アイコンをクリックします(3)。テーブル内のエントリの編集ビューを開くには、行中の下線の付いた値（下線は、クリック可能であることを示す）をクリックしてください(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			

Cancel Save

図 2：テーブルの編集

このエントリを選択すると、画面上にオーバーレイが表示され、テーブルの下に編集可能なパネルが開きます。

パネルビュー

パネルビューには、データのグループが表示されます。パネルビューの項目は、複数の列に分割できます。各項目には、ラベルと値（任意）があります。

▼ **GENERAL INFORMATION**

APPLICATION IDENTIFICATION

Application Identified Before the assignment of the application number	IP Office AI - Anguilla
Applicant file reference 4342	Application number 32424
	Filing date 2022-01-03

図 3：パネルビューの例

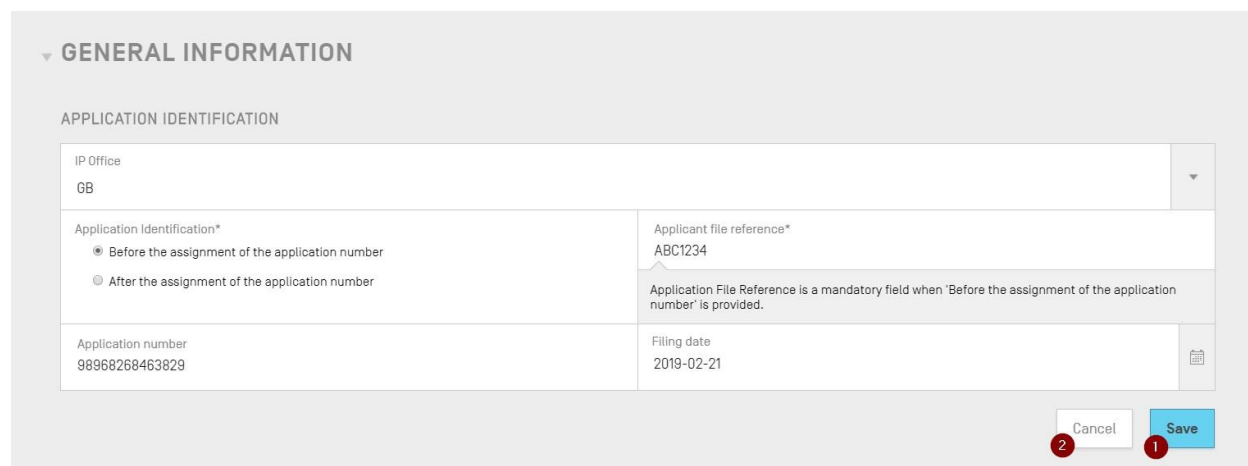
図7に示すように、パネルビューで鉛筆アイコン(1)の付いたボタンをクリックされると、パネルビューは編集パネルに置き換えられます。

編集パネル

編集パネルを開くと、変更可能なフィールドがユーザーに表示されます。図8に示すようにユーザーは値の編集を終えると、[Save (保存)] (1) または [Cancel (キャンセル)] (2) ボタンをクリックして変更を保存または破棄することができます。

注:

表示のみであり変更ができないフィールドは、グレー表示されます。



▼ GENERAL INFORMATION

APPLICATION IDENTIFICATION

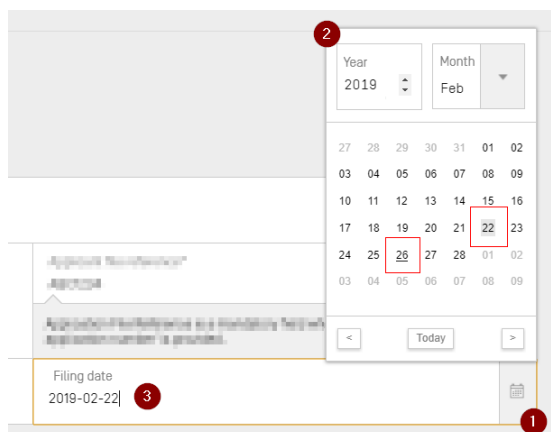
IP Office GB	
Application identification* <input checked="" type="radio"/> Before the assignment of the application number <input type="radio"/> After the assignment of the application number	Applicant file reference* ABC1234 <small>Application File Reference is a mandatory field when 'Before the assignment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

Cancel Save

図 8 : パネルの編集

日付ピッカー

ユーザーが日付を入力しなければならない場合は、日付ピッカーインターフェイスを使用します。図9に示すように、カレンダーアイコン(1)をクリックすると、日付ピッカーコンポーネントが開きます(2)。



Year: 2019, Month: Feb

Calendar grid showing dates from 27 to 09.

Filing date: 2019-02-22

Today

図 9 : 日付ピッカー

現在選択されている日付は背景が灰色で示され（22日）、使用日は黒の下線（26^日）で示されます。週の最初の日は日曜日となっています。

また、ユーザーは適切な形式（「YYYY-MM-DD」）(3)で所望の日付を入力（タイプ）することもできます。

PDFリーダー

ユーザーが特定の配列表の検証レポート、インポートレポート、またはプロジェクト情報を印刷する場合、PDFファイルが作成され、PDFリーダーで開かれます。ファイルをダウンロードして保存するには、図10に示すように、ビューアの右上にあるダウンロードアイコンをクリックしてください(1)。



図 10 : PDF ビューア

キーボードナビゲーション

WIPO Sequenceは、基本的なキーボードナビゲーションをサポートしています。「TAB」キーを使用して項目間を移動し、「SPACE」キーを使用してチェックボックスとラジオボタンを選択します。

移動中のフォーカスは、図11のように表示されます。

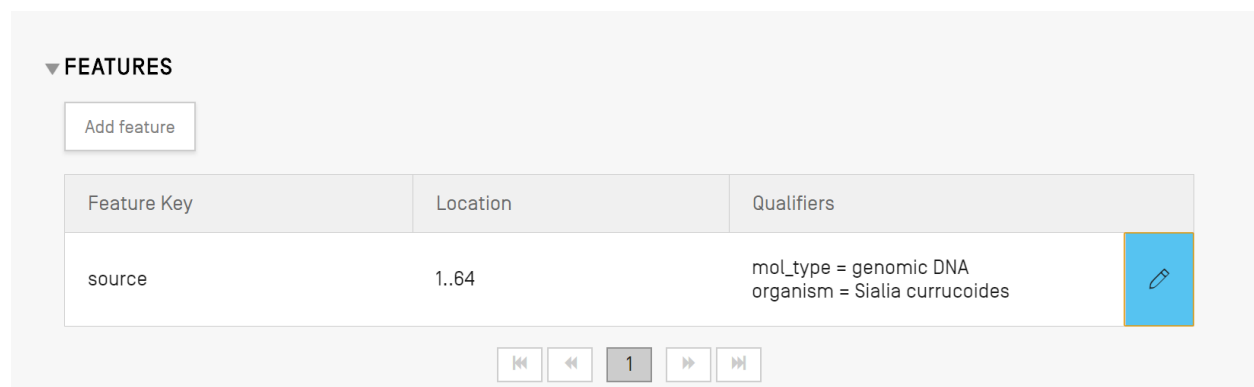


図 11：編集 feature ボタンにフォーカス

また、カーソルとフォーカスを左上の入力フィールドに設定します。

たとえば、新しいプロジェクトを作成する際、必須フィールドは名前のみです。カーソルとフォーカスはすでにプロジェクト名フィールド（図12）に設定されています：

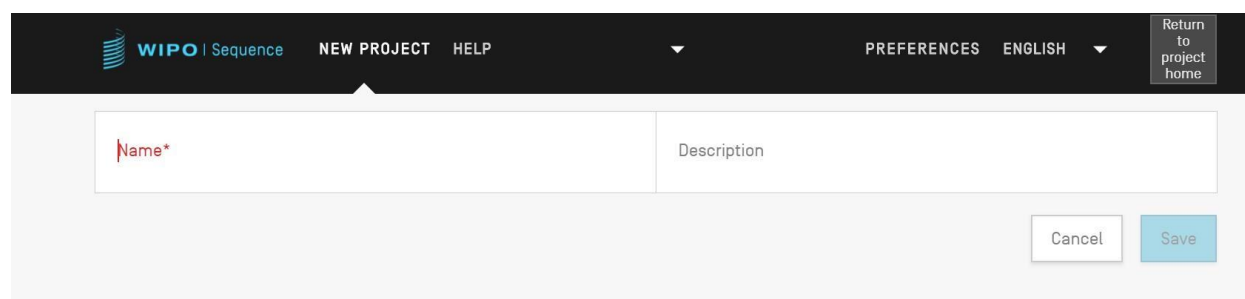


図 12：必須フィールドへのカーソル・フォーカス

プロジェクトのホームビュー

プロジェクトのホームページビューは、3つのメインビューで構成されています。

プロジェクトビュー (図13)、**個人および法人ビュー** (図14) および **生物ビュー** (図15)。また、右上隅にあるすべてのプロジェクトに適用される環境設定 (図19) もあります。

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	aaaaaaaaa	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

図 13 : プロジェクトホームビュー

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

図 14 : 個人および法人ビュー

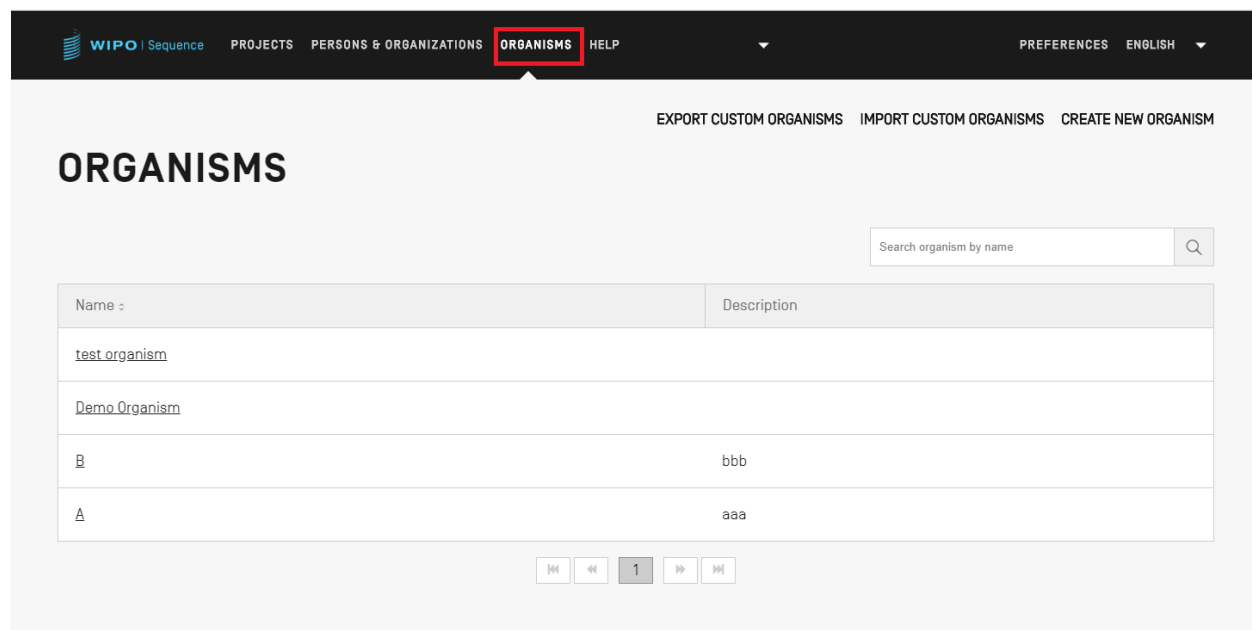


図 15：生物ビュー

プロジェクトページ

プロジェクトページは、図16：プロジェクトの詳細ツールバーに示すように、ワークフローの異なる箇所間を移動するために使用できる6つのビューで構成されています。

1. プロジェクト詳細ビュー (1) (プロジェクト名で示され、ここでは「プロジェクト」として表示されます) :全プロジェクトデータを含むメインビュー
2. 検証レポートビュー (2):ここで検証レポートにアクセスできます
3. 言語依存qualifierビュー (3):ここで言語依存フリーテキストqualifierにアクセスし、エクスポート/インポートできます
4. インポートレポートビュー (4):ここでインポートレポートにアクセスできます
5. ディスプレイ配列表ビュー (5):ここで生成されたST.26配列表の判読可能な形式にアクセスできます
6. ヘルプメニュー: ユーザーマニュアル、WIPO Standard ST.26、WIPO SequenceおよびST.26 Knowledge Base(6)へのリファレンスを含みます
7. ユーザー設定ビュー(7)。

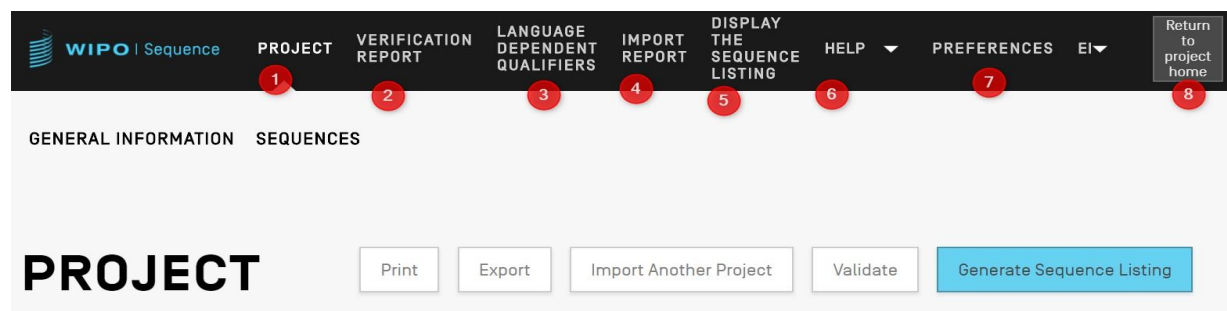


図 16 : プロジェクトの詳細ツールバー

プロジェクトのホームページに戻るには、ヘッダー／ツールバーの右端にある [Return to project home (プロジェクトホームに戻る)] ボタン(8)をクリックします。

プロジェクトの詳細

基本情報

図17：基本情報セクションに示すように、プロジェクトの詳細ビューの先頭には、プロジェクトに関する基本情報が記載されたテーブルがあります。

このセクションには、次の内容が含まれます。

- プロジェクト名
- プロジェクトの作成日時
- プロジェクトに対して最後に行われた更新の日時。
- プロジェクトのステータス（可能な値：「新規」/「変更済み」/「作成済み」/「無効」/「有効」/「警告」） - このフィールドは編集不可
- プロジェクトの説明 - 任意
- インポートしたファイルの名前（プロジェクトがインポートされた場合）
- フリーテキストqualifierの元のフリーテキスト言語コード
- 配列数（ラベル：「配列」）
- CDS featureの作成時における翻訳qualifierの自動追加を呼び出すためのチェックボックス（プロジェクトレベルの機能）
- 英語以外のフリーテキスト言語コード

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

図 17：基本情報セクション 4

ヘルプ

このツールによって、ユーザーはこのツールを使用してサポートを受けるためのヘルプオプションを表示できます（図18：ヘルプのドロップダウンメニュー）。

ヘルプオプションで誘導する情報は次のものを提供します：

- ユーザーマニュアルへのリンク¹
- ST.26 Knowledge Base ²へのリンクを提供する
- WIPO Sequenceサポートチームのお問い合わせフォームへのリンク
- WIPO ST.26 へのリンク³
- WIPO シーケンス・デスクトップツールに関する基本情報

¹ 公開時点で、これはオフラインで提供される英語版のユーザーマニュアル、あるいはオンラインで提供される残りの9つのPCT言語のユーザーマニュアルを指します

² 公開時点で、これはWIPO SequenceおよびST.26 knowledge baseを指します

³ 公開時点で、これは英語、フランス語、スペイン語のスタンダードオンラインの最新バージョンを指します

注:

WIPO Sequence の最新バージョンにパッケージ化されているのは、ユーザーマニュアルおよびWIPO ST.26であり、英語のみです。ユーザーがGUIに他の言語を選択した場合、Standardおよびユーザーマニュアルの両方の英語以外のバージョンにアクセスするには、インターネットに接続する必要があります。なお、表示されるリンクは、選択した内容と一致する言語バージョンになります。

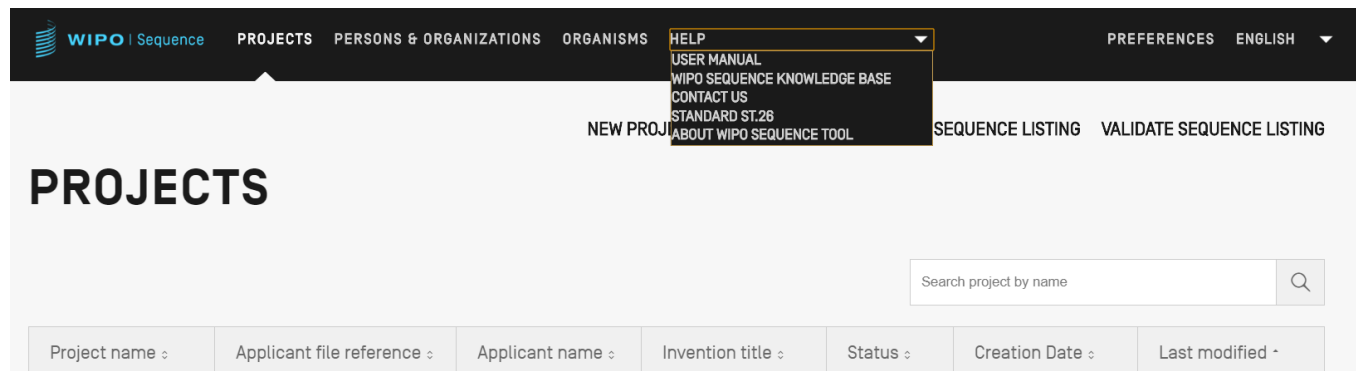


図 18：ヘルプのドロップダウンメニュー5

ユーザー設定

最後のビューでユーザーは、すべてのプロジェクトに適用されるプロパティを設定できます（図19参照）。各パラメーターの詳細については、以下の「ツールの機能」セクションに記載されています。

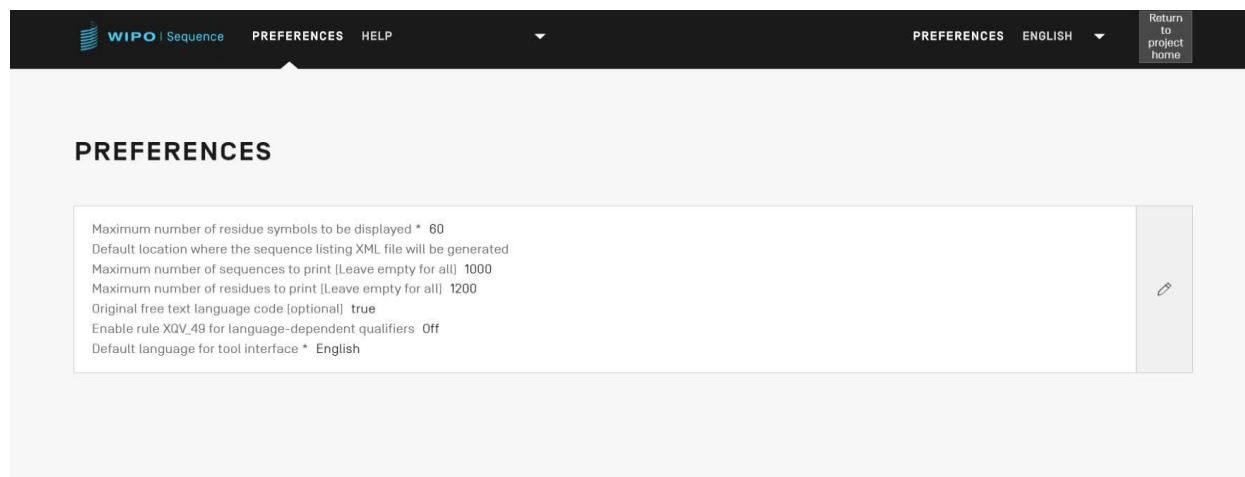


図 6：ユーザー設定ビュー

4 ツールの機能

プロジェクトホーム

このセクションでは、プロジェクトホームビューで使用できる様々な機能について詳しく説明します。

プロジェクトは、配列表の作成に必要なデータを保存するためにツールが使用するオブジェクト構造です。プロジェクトに保存されたデータがWIPO Standard ST.26に準拠していることが確認されると、ツールはこのデータを、作成した配列表内の値として使用します。

このビューには、作成されたプロジェクトのリストが表示され、ユーザーに対し、プロジェクト名、出願人ファイル参照、出願人名、発明のタイトル、ステータス、または作成日でフィルタリングする検索機能を、並べ替える或いは使用するオプションを提供します。

注:

このツールには 最大1000

個のプロジェクトが表示されます。プロジェクトがプロジェクトホームビューに表示されない場合でも、ビューに表示されないだけでプロジェクトはローカルに保存されるため、ユーザーは検索機能を使用して名前プロジェクトを識別する必要があります。

プロジェクトの作成

新規プロジェクトを作成するには、ユーザーはメインプロジェクトホームビューから開始してください（図20：新規プロジェクト作成ステップ1を参照）。

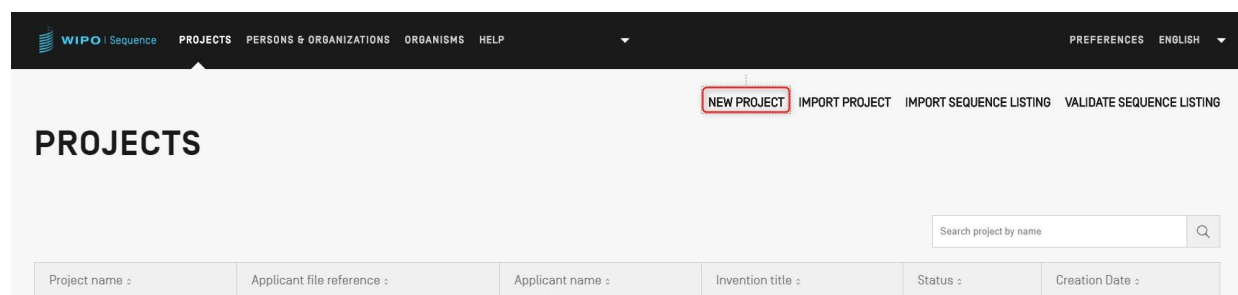


図 20：新規プロジェクト作成ステップ 1

- 1) 図20に示すビューの先頭にあるリンク [NEW PROJECT (新規プロジェクト)] をクリックします。次のビューで、ツールは「名前」(必須) と「説明」(任意) を要求します。

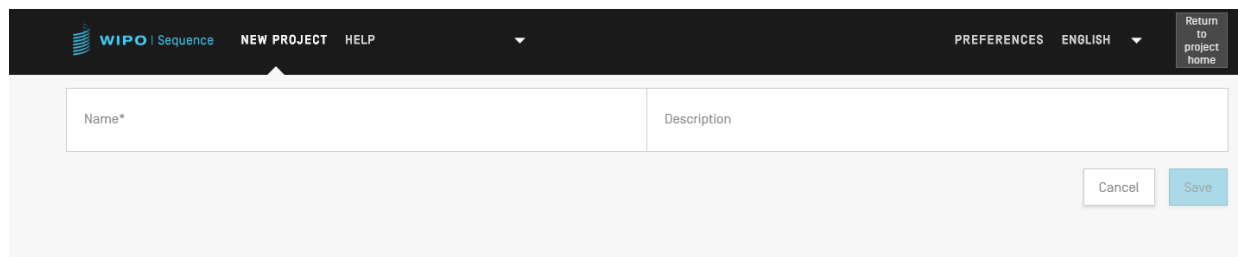
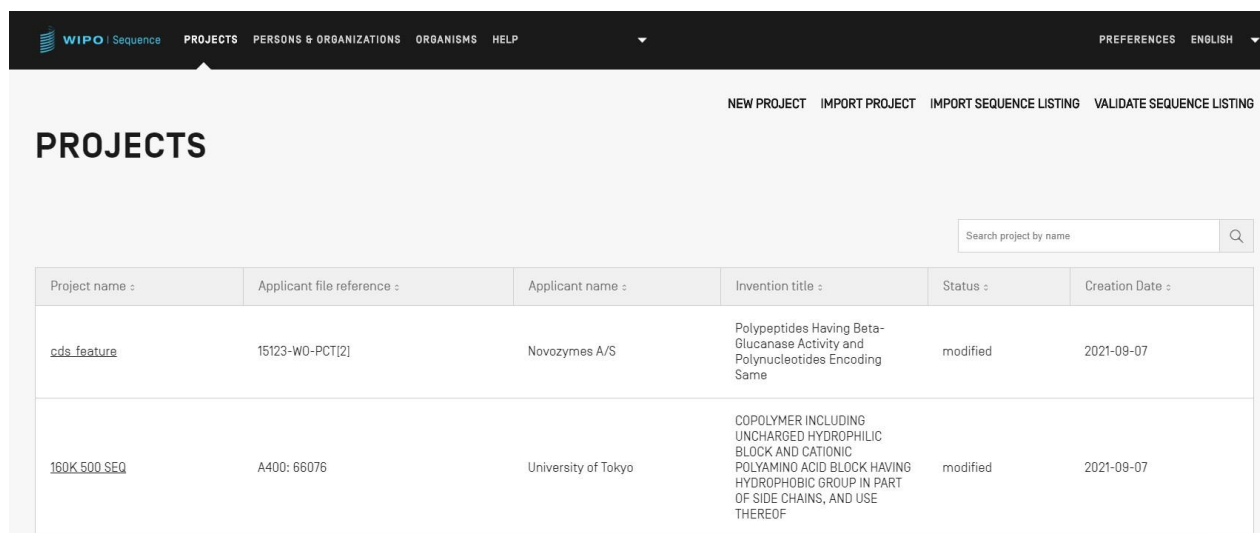


図 21：新規プロジェクト作成ステップ 2

- 2) 名前フィールドに値が入力されると、ユーザーが新規プロジェクトを保存できるように、[Save (保存)] ボタンが有効になります。プロジェクトホームビューにおけるこの新規プロジェクトを含むプロジェクトの一覧を図22に示します。



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

図 22：新規プロジェクトの概略

プロジェクトをインポート

この機能により、図53のプロジェクトのエクスポートで説明されているように、過去にエクスポートされたプロジェクトのツールへのインポートが可能になります。プロジェクトファイルをインポートするには、下記図23に示されるように、プロジェクトホームビューから開始してください。

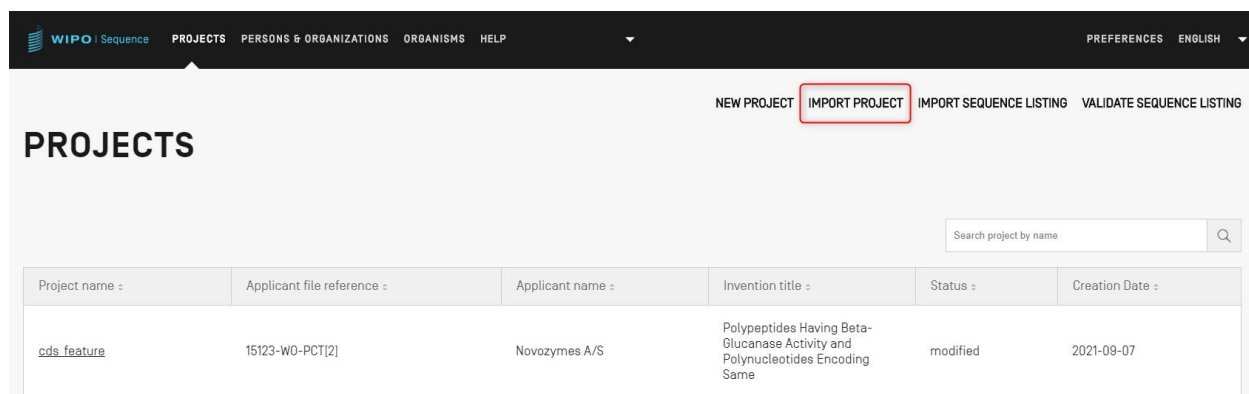


図 23 : プロジェクトのインポート ステップ 1

- 1) 図23に示すように、ビューの先頭にあるリンク [IMPORT PROJECT (プロジェクトをインポート)] をクリックします。

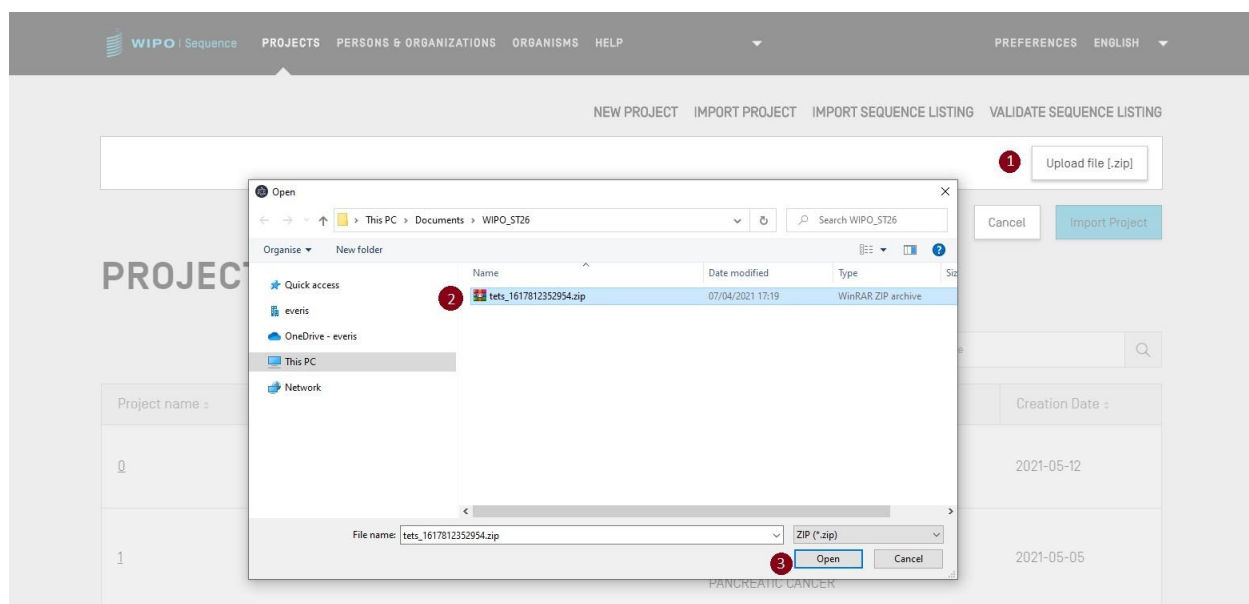


図 24 : プロジェクトのインポートダイアログボックス

- 2) 図24に示すオーバーレイ画面で、[Upload file [.zip] (ファイル [.zip] をアップロード)] ボタン(1)をクリックします。
- 3) 図24に示すダイアログボックスが表示されたら、インポートするプロジェクトファイルを選択します (2および3)。

The screenshot shows the 'Import Project' form in the WIPO Sequence application. At the top, there is a navigation bar with 'WIPO | Sequence' and menu items: 'PROJECTS', 'PERSONS & ORGANIZATIONS', 'ORGANISMS', 'HELP', 'PREFERENCES', and 'ENGLISH'. Below the navigation bar, there are links for 'NEW PROJECT', 'IMPORT PROJECT', 'IMPORT SEQUENCE LISTING', and 'VALIDATE SEQUENCE LISTING'. The main form area contains a file upload field with the text 'st26t-2576 [1].xml_1640106895750.zip' and an 'Upload file (.zip)' button. A red circle with the number '1' highlights a checkbox labeled 'Enter the sequences to be imported'. Below this is a table with two columns: 'Sequence Number (ID)' and 'Position'. The table has two rows with '1' and '2' in the 'Sequence Number (ID)' column. Below the table is a pagination control showing '1'. A red circle with the number '2' highlights the 'Select Range of Sequence IDs.' section, which contains the text '1-2' and 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").' At the bottom right of the form are 'Cancel' and 'Import Project' buttons.

図 7: プロジェクトのインポート、配列の範囲の選択

- 4) [Select Range Sequences (範囲配列を選択)] がチェックされていないと、すべての配列がインポートされます。ユーザーがプロジェクトにインポートする配列を選択したい場合は、[Select Range Sequences (範囲配列を選択)] のチェックボックス (1) にチェックを入れ、所望の配列のID番号を適切なフィールド(2)に入力します (図25)。単一の配列だけでなく、コンマで区切られた配列のリストやx-y形式の配列の範囲も入力することができます。

例: 「1, 3, 7, 13-20, 30-50」

デフォルトでは、インポートされたプロジェクトの配列の合計数が、範囲、すなわち: 1 - 合計配列として表示されます。

- 5) 最後のステップは、図25に示すように、青色の [Import Project (プロジェクトをインポート)] ボタン(3)をクリックすることです。

プロジェクトが正常にインポートされると、図8に示すように次の青色のバナーとメッセージがビューの先頭に表示されます。

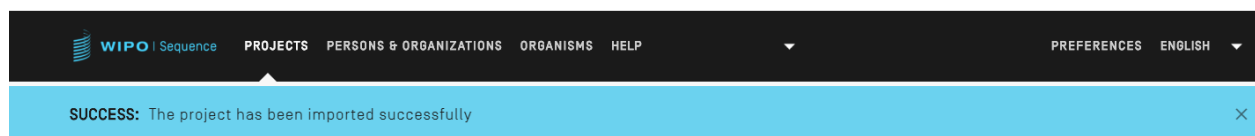


図 8：プロジェクトが正常にインポート 青いパナー

既知の問題: プロジェクトのインポート中にWIPO Sequence で予期しない 多くのエラーが発生します。エラーの原因は不明です。これは、多くの場合、ツールが保留中に起こります。問題が生じた場合、プロセスの再インポートを試みて下さい。

配列表をインポート

ユーザーは、プロジェクトホームビューから、ST.26 または ST.25 に準拠した配列表からの配列情報だけをインポートできます。それぞれのファイル形式は、ST.26 形式では*.xml、ST.25 ファイルの場合は*.txt です。

- 1) まず、図27に示すビューの先頭にある [IMPORT SEQUENCE LISTING (配列表をインポート)] ボタンをクリックします。

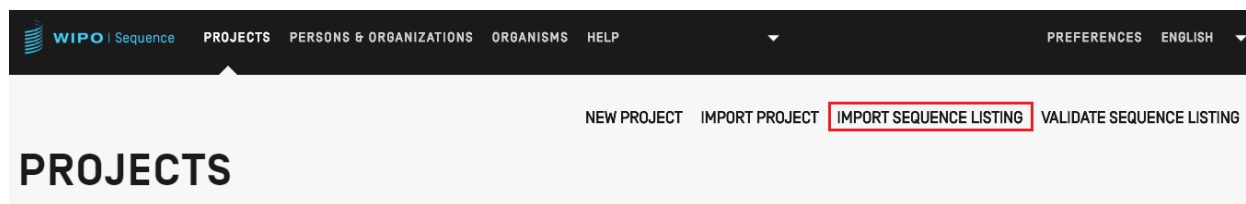


図 27：配列表のインポート ステップ 1

- 2) 図28に示すように表示されたオーバーレイで、[Upload file ST.25 [.txt] or ST.26 [.xml] (ファイル ST.25 [.txt] または ST.26 [.xml] をアップロード)] ボタンをクリックし(1)、表示されたダイアログボックスで、所望の配列表ファイルを選択します(2)。次に、[Project Name (プロジェクト名)] フィールド(3) に入力された名前で作成されている新規プロジェクトの名前を入力します。

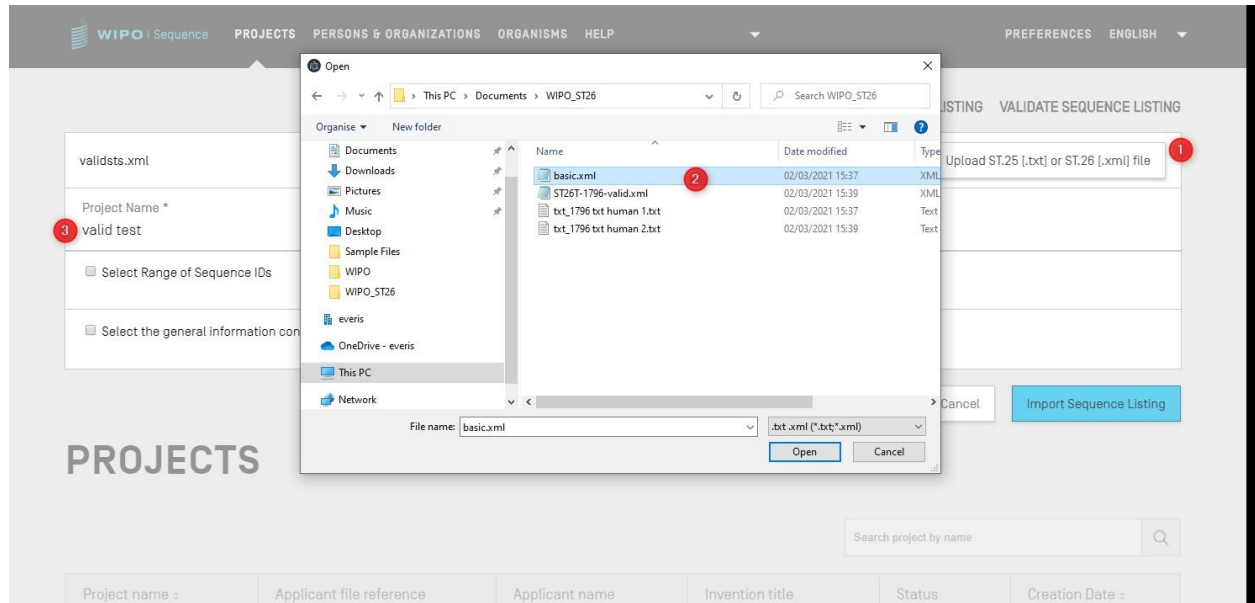


図 9：配列表のインポート、ダイアログボックス

図29に示す2つの主要なチェックボックス [Select Range Sequences（範囲配列を選択）] および [Select the general information contents to be imported（インポートする一般情報内容を選択）] では、ユーザーはどのセクションを新規プロジェクトにインポートするかを指定できます。

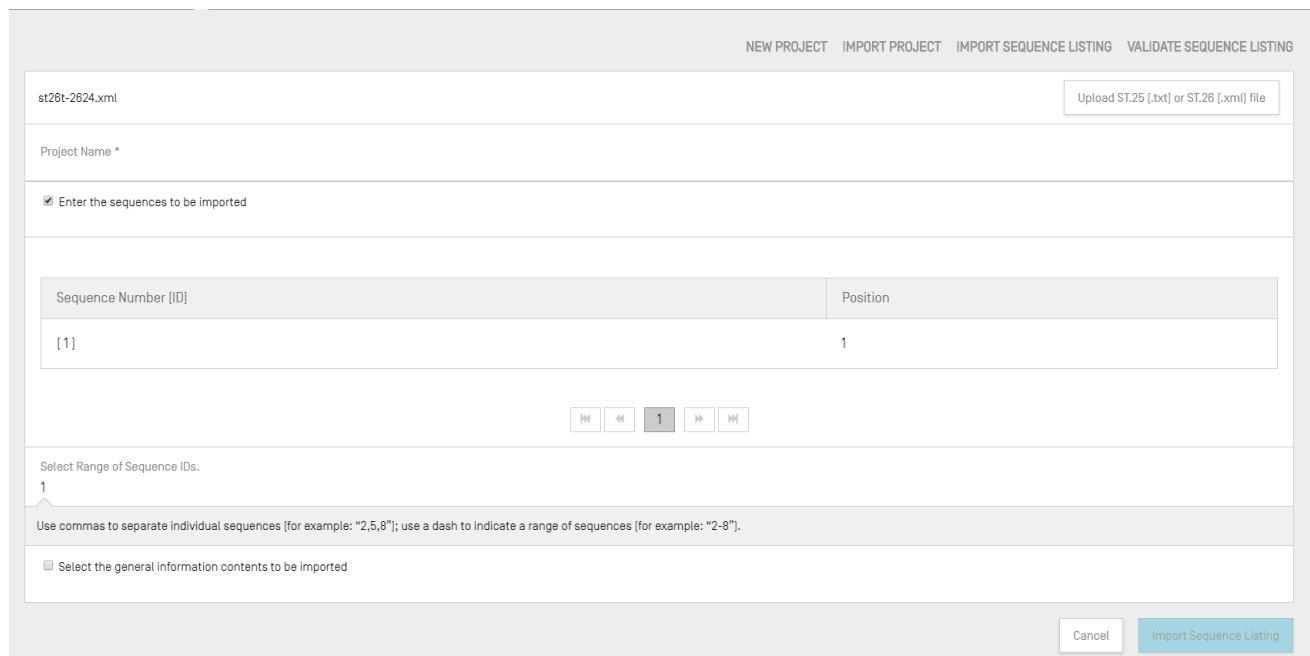


図 10：配列表のインポート、範囲の選択

最初のチェックボックスでは、配列表からインポートしたい特定の配列を入力できます。単一の配列だけでなく、コンマで区切られた配列のリストやx-y形式の配列の範囲も入力することができます。

例: 「1, 3, 7, 13-20, 30-50」

デフォルトでは、インポートされた配列表の配列の合計数が、範囲として表示されます。

図28に示す表には2つの列があり、1つは対応する配列を識別するための配列ID番号、もう一方は配列表に表示される「position（位置）」を示します。

<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

図 11：配列表のインポート、一般情報の選択

2番目のチェックボックスをオンにすると、図30で示すように、インポートすべき又は無視すべきプロパティをユーザーが個別に選択できる、追加のチェックボックスのリストが有効になります。

3) 最後に、青色の [Import Project（プロジェクトをインポート）] ボタンをクリックして、新規プロジェクトを作成します。

配列表が正しくインポートされた場合、図12：配列表のインポート、変更データに示す変更データテーブルが表示され、ST.26の要件に適合するようインポート中にST.25、マルチシーケンスおよびRAW配列表データに

自動的に加えられた変更をユーザーに通知します。

注 配列表をインポートする場合、feature とqualifierは大文字と小文字が区別され、WIPO ST.26 のAnnex IIに規定されている値に準拠する必要があります。

また、インポートされたST.25に準拠する配列表は、有効である必要があります。そうでない場合、WIPO Sequenceの機能が保証されません。

The screenshot shows the 'Import Report' page with a 'Print Report' button. Below the title is the 'Changed Data' section, which contains a table with the following data:

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

Navigation buttons are visible at the bottom of the table.

図 12：配列表のインポート、変更データ

ファイル形式が ST.25の場合、インポートレポートビューには、最初にインポートレポートテーブルと変更データテーブルが含まれます。変更データレポートの例を図31に、インポートレポートの例を図13に示します。

The screenshot shows the 'Import Report' page with a 'Print Report' button. Below the title is the 'Import Report Messages' section, which contains a table with the following data:

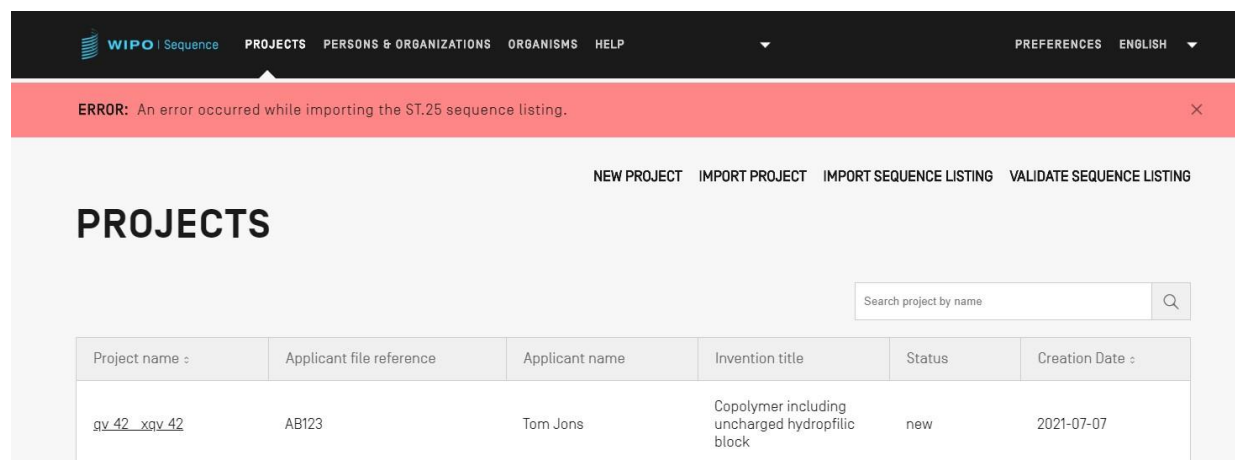
Type of Note	Data Element	Message Text	Detected Sequence
Global	<400>	The symbol 'u' is not permitted and must be changed to a 't'. A 'modified_base' should be used to identify a uracil in a DNA sequence. A 'misc_feature' along with a 'note' qualifier should be used to identify each fragment of a DNA/RNA hybrid sequence	
Global		Please provide appropriate value(s) for the qualifier 'mol_type' of the following SEQ ID NO(s): 1, 2, as prescribed by Annex VII, ST.26.	

図 13： 配列表のインポート、インポートレポート

この時点で、ユーザーはプロジェクトホームビューに戻るか(2)、またはこれらの変更のレポートをPDF形式で印刷することができます(1)。図13を参照してください。

PDFファイルのダウンロード方法については、図10を参照してください。

一方、配列表ファイルにエラーがある場合は、インポートプロセスが失敗することがあります。この場合、インポートしようとする、インポート中にエラーが発生したことを示す赤いバナーがユーザーに通知されます。図14を参照してください。



The screenshot shows the WIPO Sequence web application interface. At the top, there is a navigation bar with the WIPO logo and menu items: PROJECTS, PERSONS & ORGANIZATIONS, ORGANISMS, HELP, PREFERENCES, and ENGLISH. Below the navigation bar, a red error banner displays the message: "ERROR: An error occurred while importing the ST.25 sequence listing." Below the error banner, there are navigation links: NEW PROJECT, IMPORT PROJECT, IMPORT SEQUENCE LISTING, and VALIDATE SEQUENCE LISTING. The main heading is "PROJECTS". Below the heading is a search bar labeled "Search project by name". A table with the following columns is displayed: Project name, Applicant file reference, Applicant name, Invention title, Status, and Creation Date. The table contains one row of data:

Project name	Applicant file reference	Applicant name	Invention title	Status	Creation Date
gv_42_xqv_42	AB123	Tom Jons	Copolymer including uncharged hydrophilic block	new	2021-07-07

図 14： ST.25 配列表のインポート、赤いバナー

なお、このツールは、10万配列のしきい値制限を設けることにより最高のパフォーマンスを発揮します。大規模な配列表を扱う場合、ユーザーは次の対策を実行できます：インポートする配列の特定の範囲を選択し、これらの配列をプロジェクトにおいて範囲ごとにインポートすることによって、インポートプロセスを一連の工程に分割します。例えば、10万配列以下の配列表は、10個×1万配列からなる一連の工程に分割することができ、これらは1つずつインポートすることができます。最初の1万は、プロジェクトの作成に使用されます。

配列表を検証

ユーザーは、図34：配列表の検証に示すように、プロジェクトビューの右上にある [VALIDATE SEQUENCE LISTING (配列表を検証)] ボタンをクリックして、ST.26 配列表ファイルを検証することができます。

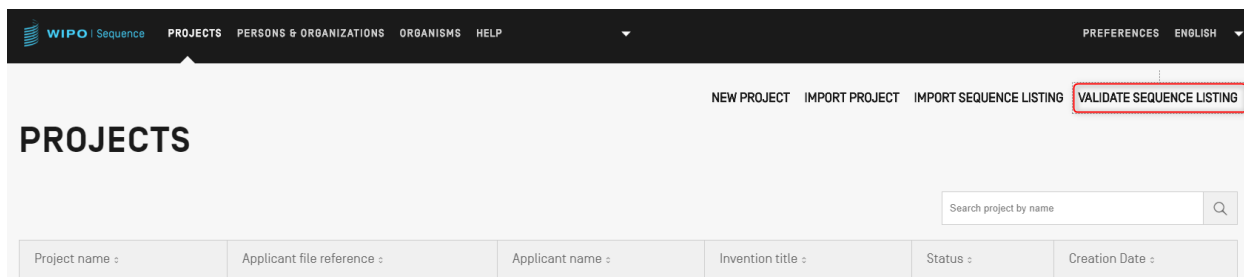


図 34：配列表の検証

次に、図35に示すように、ユーザーは [Upload file ST.26 [.xml] (ファイルST.26 [.xml]をアップロード)] ボタン (1)をクリックし、ダイアログボックス(2)でファイルを選択してください。最後に、「配列表の検証」ボタン(3)をクリックします。

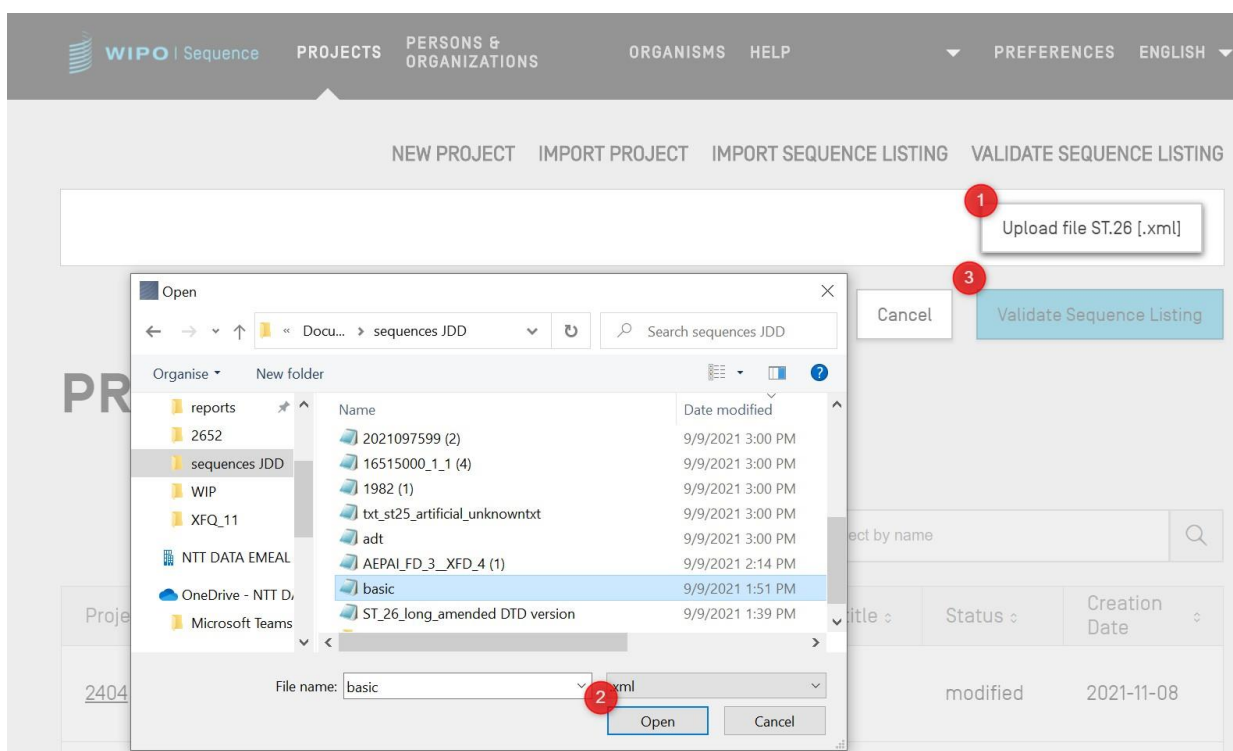


図 15：配列表の検証、ダイアログボックス

配列表が検証を通過すると、図16に示すようにバナーが表示されます。

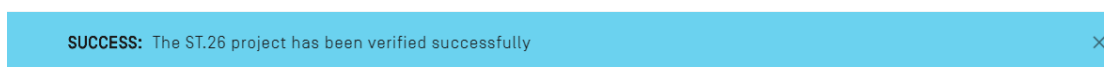


図 16：検証が正常に完了したことを示すバナー

配列表が検証に失敗すると、検証レポートがユーザーのブラウザで開かれ、図37に示すように検証エラーがテーブルに示されます。

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.	q5	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

図 17：配列表の検証、検証レポート

HTMLファイルの場所は、ユーザーが別の場所にファイルをコピーしたい場合に備えて、XML検証レポート(1)&(2)に沿って表示されます。(図17：配列表の検証、検証レポート参照)

注：IE ブラウザでActiveXコントロールを正しく表示するには、ユーザーは自身のマシンで検証のために内部スクリプトを実行できるようにする必要があります。これを行うのは、形式の「ブロックされたコンテンツ」を正しく読み込ませるためです。そうしないと、配列は標準形式で表示されず、読みにくくなります。

既列表を検証するためには、ST.26 ファイルが次の要件を満たしてなければならぬことに留意してください。
 UTF-8 でエンコードされていなければならず、XML 1.0 仕様に従った有効な文字を含んでいなければなりません。
 次のように DOCTYPE 行を含む必要があります。

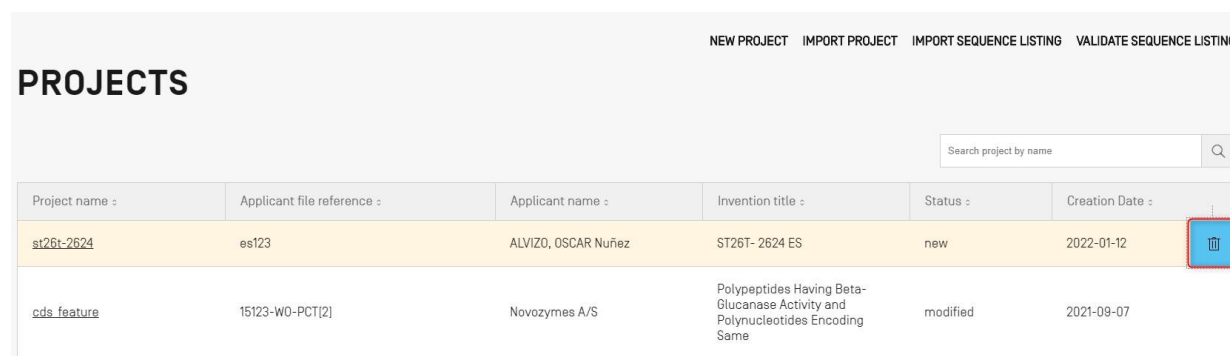
```
<!DOCTYPE ST26SequenceListing PUBLIC "-//WIPO//DTD Sequence Listing 1.3//EN"
"ST26SequenceListing_V1_3.dtd">
```

属性 `tdVersion` は DTD ノージョンに準拠してなければなりません。

ファイルは DTD ファイル `ST26SequenceListing_V1_3.dtd` に準拠してなければなりません。⁴

プロジェクトを削除

プロジェクトを削除するには、図38に示すように、ユーザーはプロジェクト（ホーム）ビューから開始してください。



NEW PROJECT IMPORT PROJECT IMPORT SEQUENCE LISTING VALIDATE SEQUENCE LISTING

PROJECTS

Search project by name


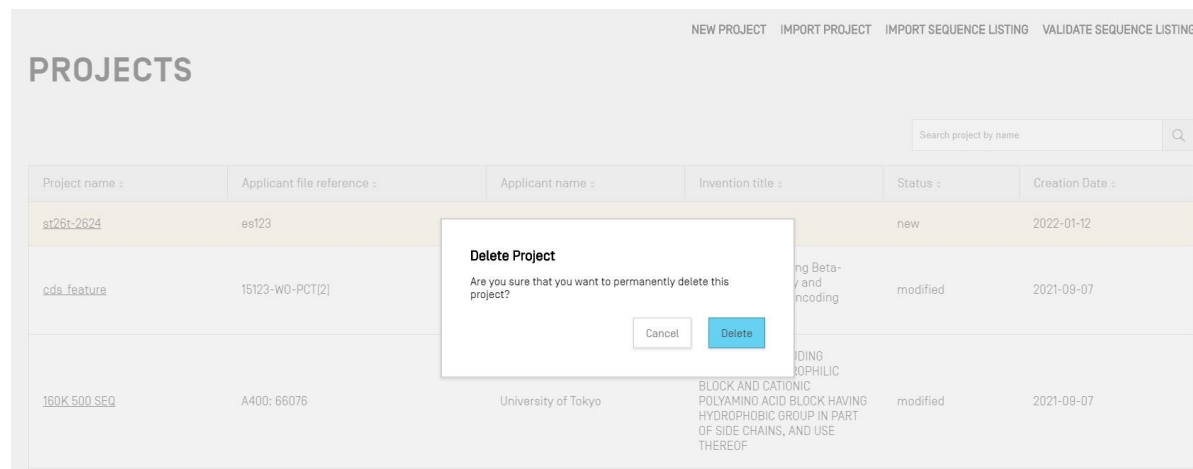
Project name :	Applicant file reference :	Applicant name :	Invention title :	Status :	Creation Date :	
st26t-2624	es123	ALVIZO, OSCAR Nuñez	ST26T- 2624 ES	new	2022-01-12	
cds_feature	15123-WO-PCT[2]	Novozymes A/S	Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same	modified	2021-09-07	

図 18: プロジェクトの削除、プロジェクトホームビュー

ユーザーが削除したいプロジェクトホームビューテーブル内の行にあるゴミ箱アイコンボタンをクリックします。



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			new	2022-01-12	
cds_feature	15123-WO-PCT[2]		ing Beta- y and ncoding	modified	2021-09-07	
160K_500_SEQ	A400: 66076	University of Tokyo	BLOCK AND CATIONIC POLYAMINO ACID BLOCK HAVING HYDROPHOBIC GROUP IN PART OF SIDE CHAINS, AND USE THEREOF	modified	2021-09-07	

Delete Project

Are you sure that you want to permanently delete this project?

Cancel Delete

⁴ これは、本文書公開時点での DTD の最新のバージョンです。

図 19：プロジェクトの削除、確認ダイアログ

図39に示すようにポップアップで[削除]をクリックして、選択したプロジェクトを削除することを確認します。

個人／法人

このセクションでは、個人および法人ビューで提供される様々な機能について詳しく説明します。

個人または法人を作成

新規個人または法人を作成するには、個人および法人ビューから開始してください。

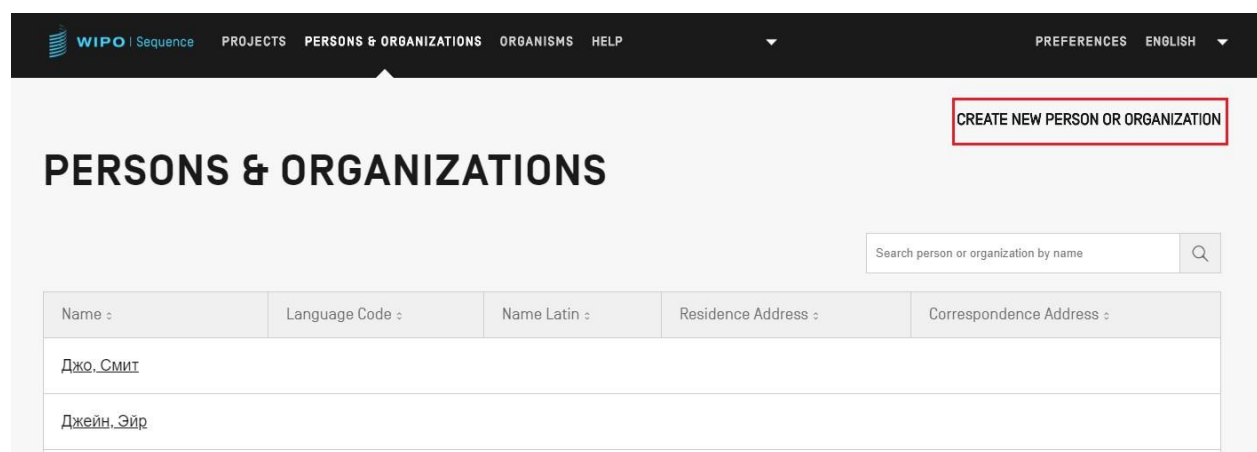


図 20：新しい個人／法人の作成ステップ 1

まず、図20：新しい個人／法人の作成ステップ1に示すように、ユーザーは、ビューの先頭にある [CREATE NEW PERSON OR ORGANIZATION（新規個人または法人を作成）] リンクをクリックしてください。

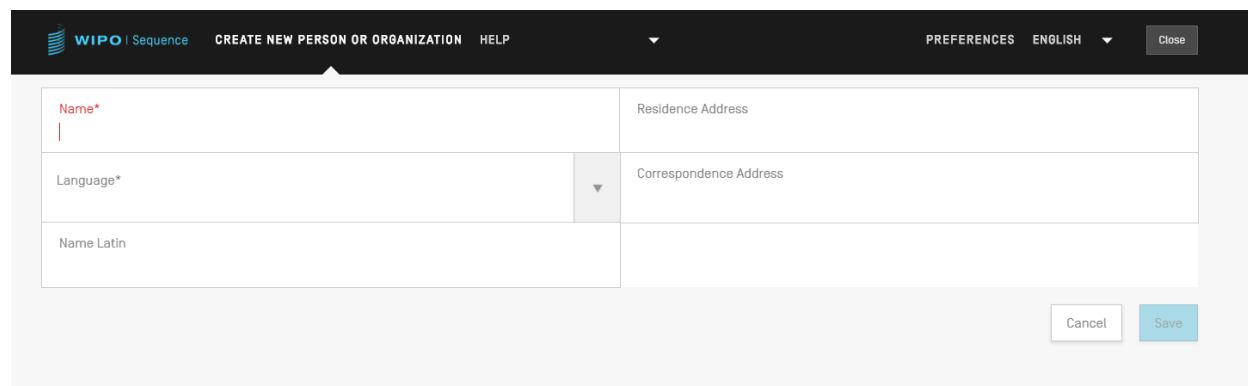


図 21：新しい個人／法人の作成ステップ 2

新しいビューでは、ユーザーは少なくとも新規個人／法人の詳細に対応する必須のフィールド（「*」で示す）を入力してください。出願人/発明者にとって、これは名前（ラテン文字で提供されている場合）と言語のみです。

個人または法人の名称がラテン文字でない場合は、名称のラテン語表記を「ラテン語名」フィールドに入力する必要があります。この情報が入力されていない場合、ST.26配列表が検証あるいは作成される際にプロジェクトが検証されません。

ユーザーの生物

ユーザーの生物を作成、編集、インポート、エクスポート、または削除するには、ユーザーは生物ビューから開始してください。ユーザーの生物の作成、エクスポート、インポートの方法については、下記図22：新規生物作成ステップ1に詳細が記載されています。

ユーザーの生物の作成

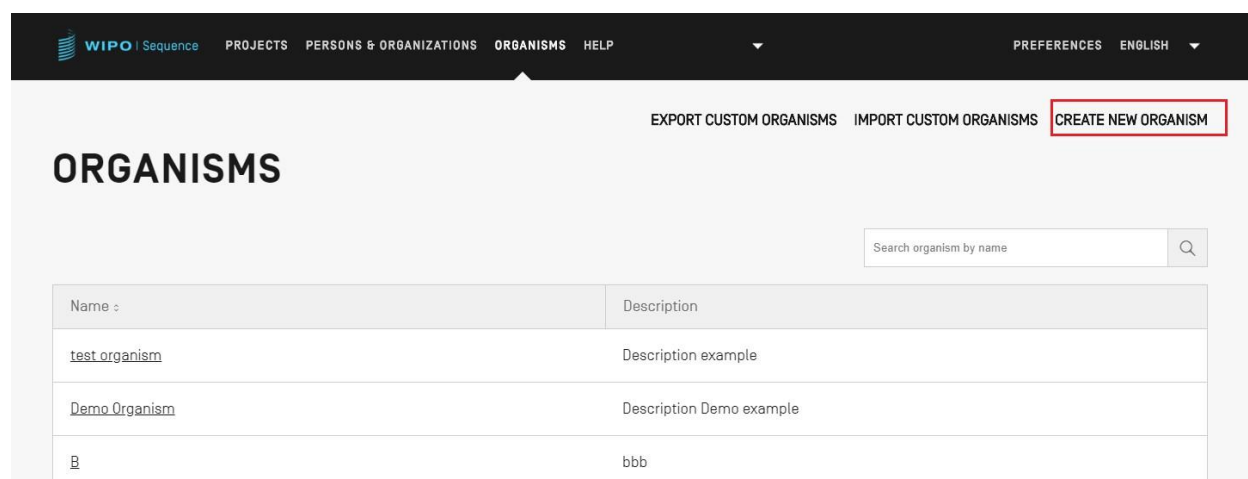
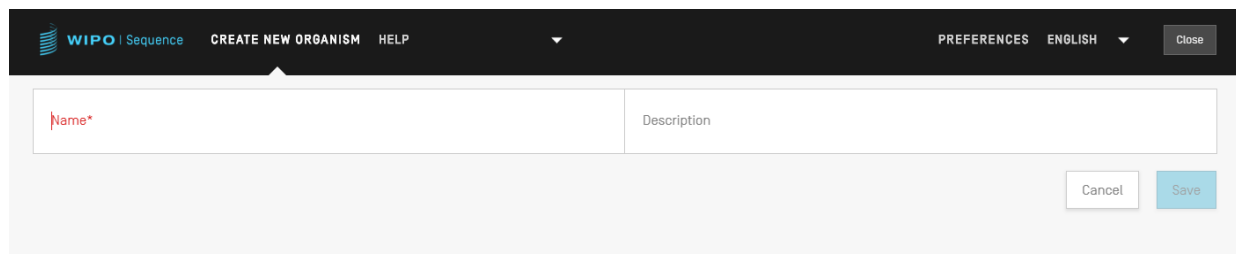


図 22：新規生物作成ステップ 1

新しいユーザーの生物を作成するには、図22：新規生物作成ステップ1に示すようにビューの先頭にある [CREATE NEW ORGANISM（新規生物を作成）] リンクをクリックします。次の画面（図38）で、新規生物の名前を入力し、[Save（保存）] をクリックします。このユーザーの生物の説明が必要な場合は、図23：新規生物作成ステップ2で例示するようにオプションで追加できます。



WIPO Sequence CREATE NEW ORGANISM HELP PREFERENCES ENGLISH Close

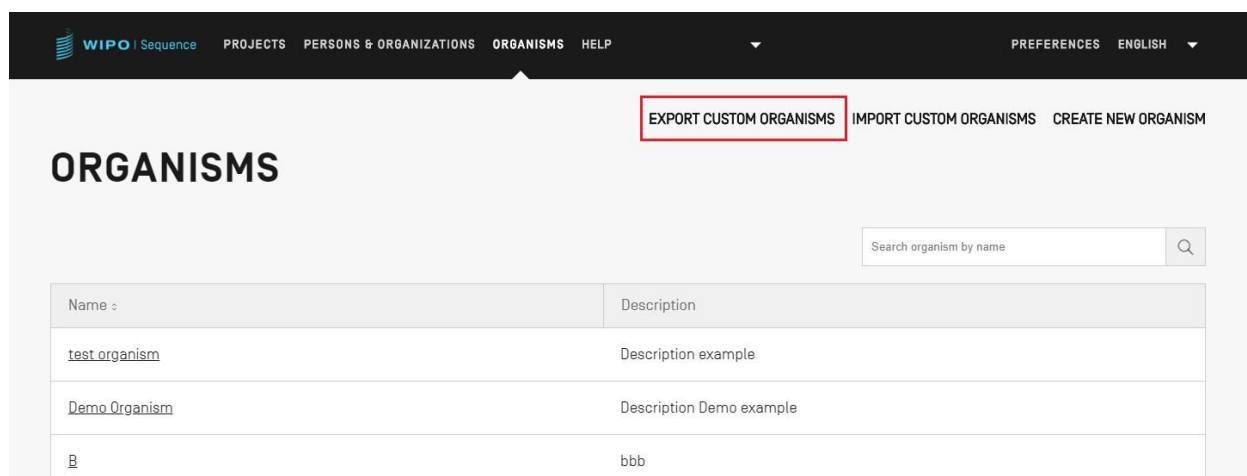
Name* Description

Cancel Save

図 23：新規生物作成ステップ 2

ユーザーの生物をエクスポート

ツールに保存されているすべてのユーザーの生物および説明は、エクスポートしてテキストファイルに保存し、ツール外で修正したり、後でインポートすることができます。このリストをエクスポートするには、図44で強調表示されているように [EXPORT CUSTOM ORGANISMS (ユーザーの生物のエクスポート)] を選択することから始めます。



WIPO Sequence PROJECTS PERSONS & ORGANIZATIONS ORGANISMS HELP PREFERENCES ENGLISH

EXPORT CUSTOM ORGANISMS IMPORT CUSTOM ORGANISMS CREATE NEW ORGANISM

ORGANISMS

Search organism by name

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

図 24：ユーザーの生物エクスポートのステップ 1

次に、ダイアログボックスが開き、ユーザーはファイル名と所望のファイルの場所を選択できます（図25：ユーザーの生物のエクスポート、ダイアログを参照）。

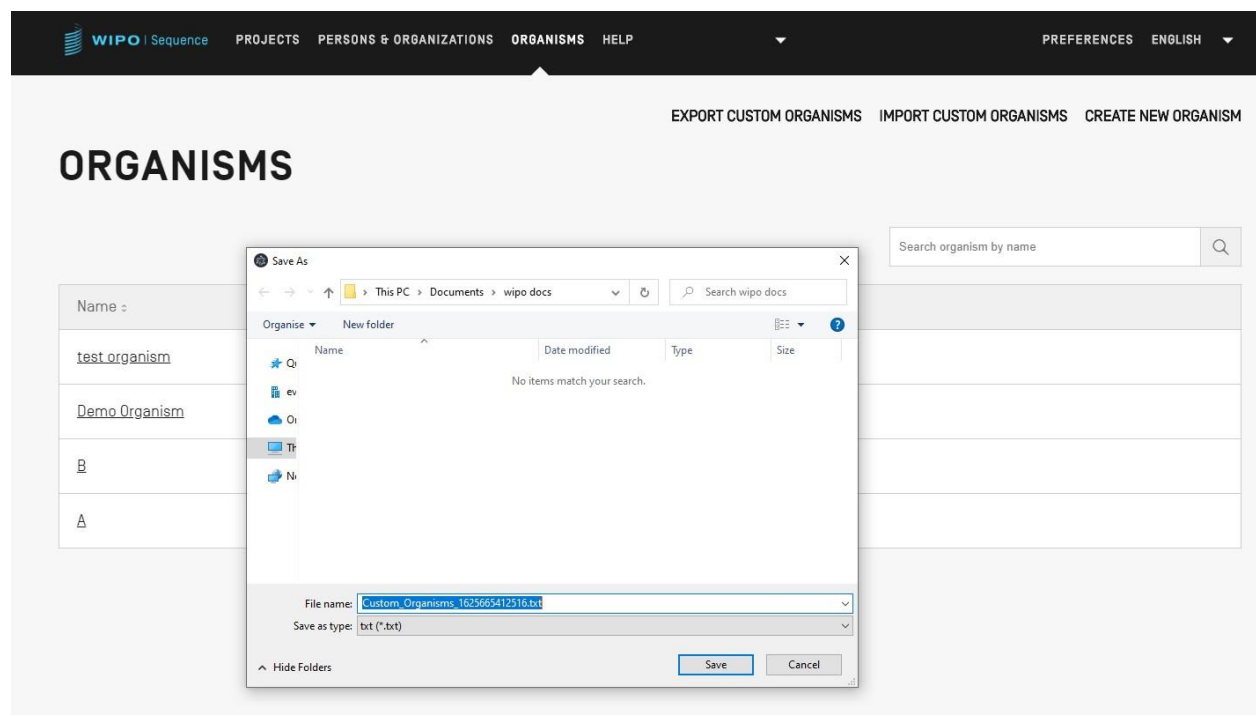


図 25：ユーザーの生物のエクスポート、ダイアログ

エクスポートされたファイルは、編集してツールにインポートすることが可能な生物の名前と説明の両方を含むtxtファイルです（図26：ユーザー生物テキストファイルの例を参照）。

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

図 26：ユーザー生物テキストファイルの例

ユーザーの生物をインポート

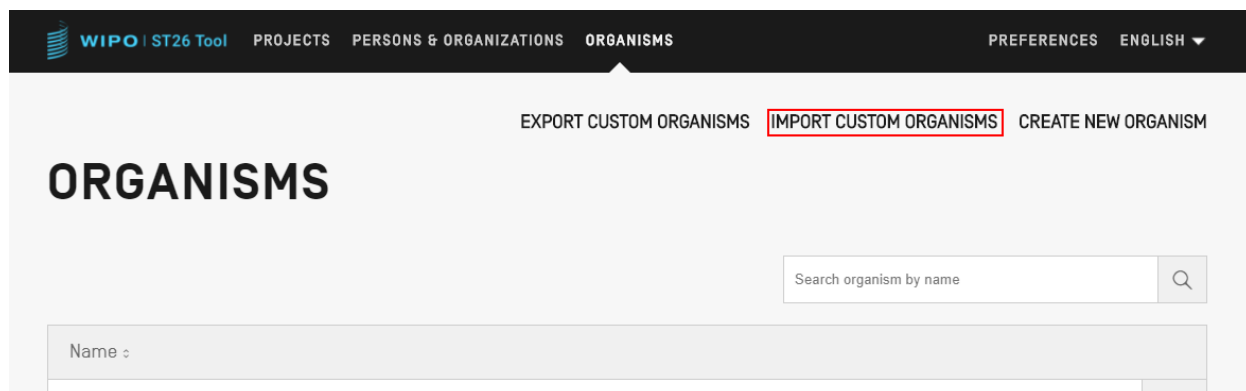


図 27：ユーザー生物インポートのステップ 1

まず、ユーザーの生物のリストをインポートするには、図47に示すように、ユーザーはビューの先頭にある [IMPORT CUSTOM ORGANISMS (ユーザーの生物をインポート)] リンクをクリックしてください。これにより、図43に示すように、生物テーブルの下にオーバーレイが開きます。

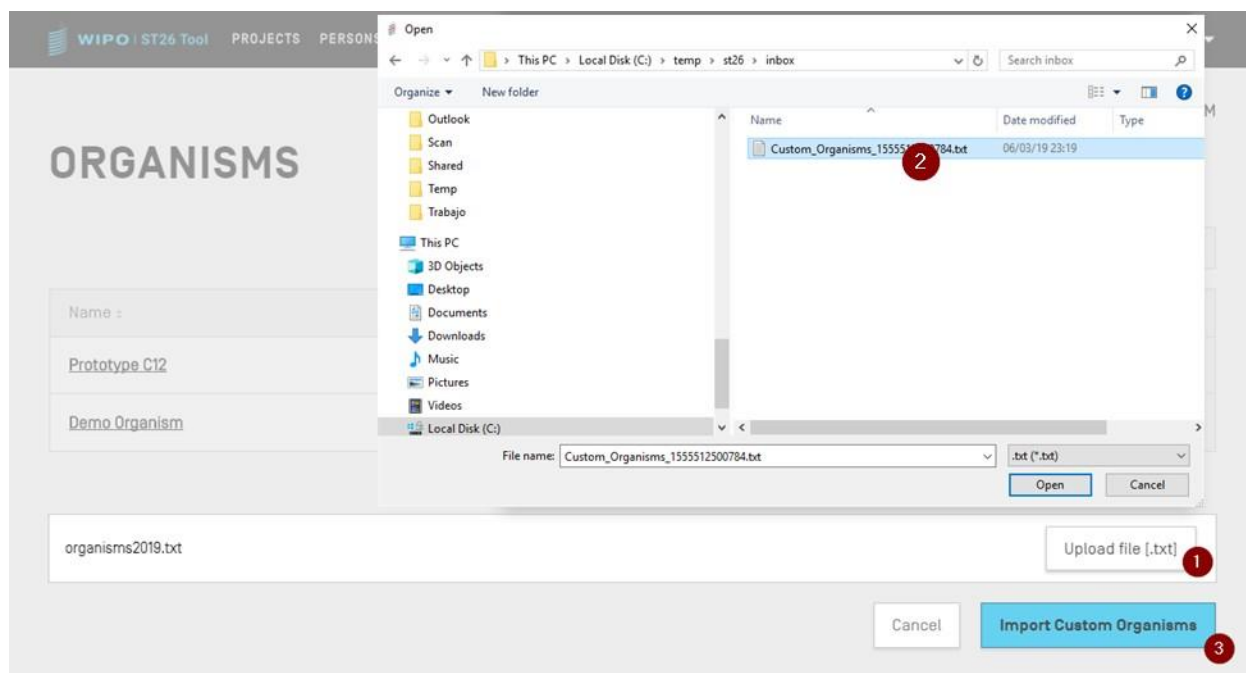


図 28：ユーザー生物インポート、ダイアログ

- 1) [Upload file [.txt] (ファイル [.txt] をアップロード)] ボタン (図48) をクリックします(1)
- 2) ダイアログボックス内から、ユーザーの生物名を含むファイルを選択します(2)
- 3) 最後に、青色の [Import Custom Organisms (ユーザーの生物をインポート)] ボタンをクリックします(3)

注:

インポートされるファイルは、ユーザーの生物名のリストがプレーンテキスト (UTF-8) であり、各項目が改行されたテキストファイル (*.txt) です。

システム環境設定

システム環境設定ビューでは、WIPO Sequenceのいくつかの構成パラメーターを変更できます。これらのパラメーターは、ツールによって作成または編集されたすべてのプロジェクトに適用されます（図44を参照）。

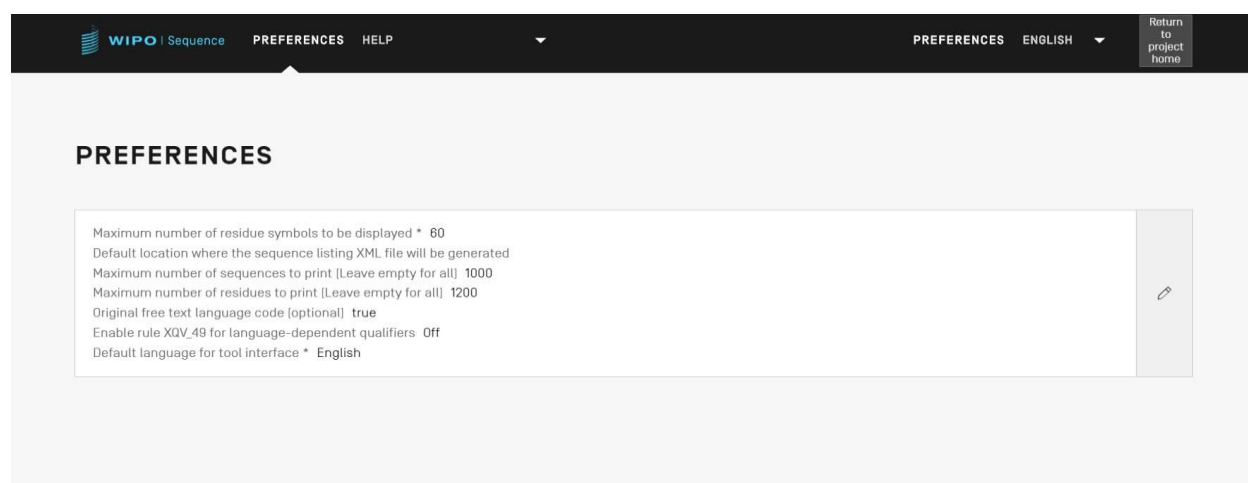


図29：システム環境設定の概要

システム環境設定を変更するには、ユーザーは上に示した鉛筆アイコンをクリックして、図49に示す編集パネルを開いてください。

The screenshot shows the 'Preferences' page in the WIPO Sequence application. The page has a dark header with the WIPO logo and navigation links for 'Sequence', 'PREFERENCES', and 'HELP'. On the right side of the header, there are links for 'PREFERENCES', 'ENGLISH', and 'Return to project home'. The main content area is a form with several settings:

- 'Maximum number of residue symbols to be displayed *' is set to 60.
- 'Default location where the sequence listing XML file will be generated' has a 'Select folder' button.
- 'Maximum number of sequences to print [Leave empty for all]' is set to 2500. Below this is a yellow warning box: 'WARNING: If the project to print contains a large number of sequences, the PDF file may not be generated as the resulting file would be too large to view.'
- 'Maximum number of residues to print [Leave empty for all]' is set to 2500. Below this is another yellow warning box: 'WARNING: If the project to print contains a large number of residues within a sequence, the PDF file may not be generated as the resulting file would be too large to view.'
- 'Original free text language code [optional]' is checked.
- 'Enable rule XQV_49 for language-dependent qualifiers' is unchecked.
- 'Default language for tool interface *' is set to 'English'.

図 30：システム環境設定の変更

このビューから変更できる構成項目のリスト（順に沿って記載）は次の通りです。

- **表示される残基記号の最大数。**このパラメーターは、配列を表示する際、行ごとに表示される残基の数を設定します。デフォルトは60残基です。
- **ST.26配列表ファイル（.xml）が作成されるデフォルト位置。**この位置を入力する必要はありません。
- **印刷する配列の最大数（すべての場合は空欄とする）：**デフォルトは1000配列。
- **印刷する残基の最大数（すべての場合は空欄とする）：**デフォルトは1200残基。
- **元のフリーテキスト言語コード：**このチェックボックスがオンにされている場合、元のフリーテキスト言語コードが指定されていない場合は、検証中に警告があります。デフォルトでは、チェックされていません。
- **XQV_49を有効にする：**このチェックボックスがオンにされている場合、言語依存フリーテキストqualifierに英語の値が指定されていない場合、警告があります。デフォルトでは、チェックされていません。
- **デフォルトのインターフェイス言語：**WIPO Sequenceの起動時にインターフェイスが表示される言語です。デフォルトでは、英語です。

注:

3番目および4番目の項目は、プロジェクトをPDFで印刷することに関連しています。非常に大きな酒列表の場合、生成されたPDFが数千ページとなり、表示できないことがある点に、ユーザーは留意して下さい。

プロジェクトの詳細

このセクションでは、プロジェクトの詳細ビューで提供される様々な機能について詳しく説明します。

プロジェクトの印刷

プロジェクトを印刷するには、ユーザーは所望のプロジェクトについてプロジェクトの詳細ビューに入り、ビューの先頭にある [Print (印刷)] ボタンをクリックしてください (図51を参照)。

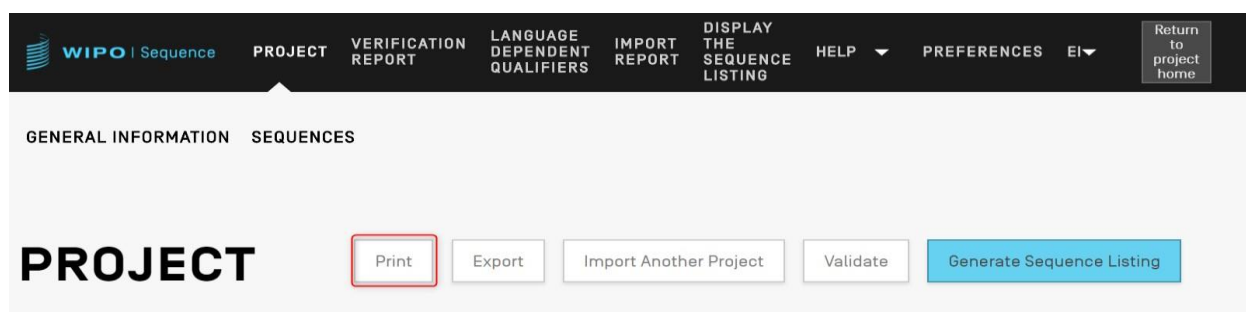


図 31 : プロジェクトの印刷ステップ 1

次に、ユーザーがプロジェクトから印刷したい情報がどれかを示すための2つのチェックボックス、一般情報および/または配列情報、が表示されます (図52を参照)。

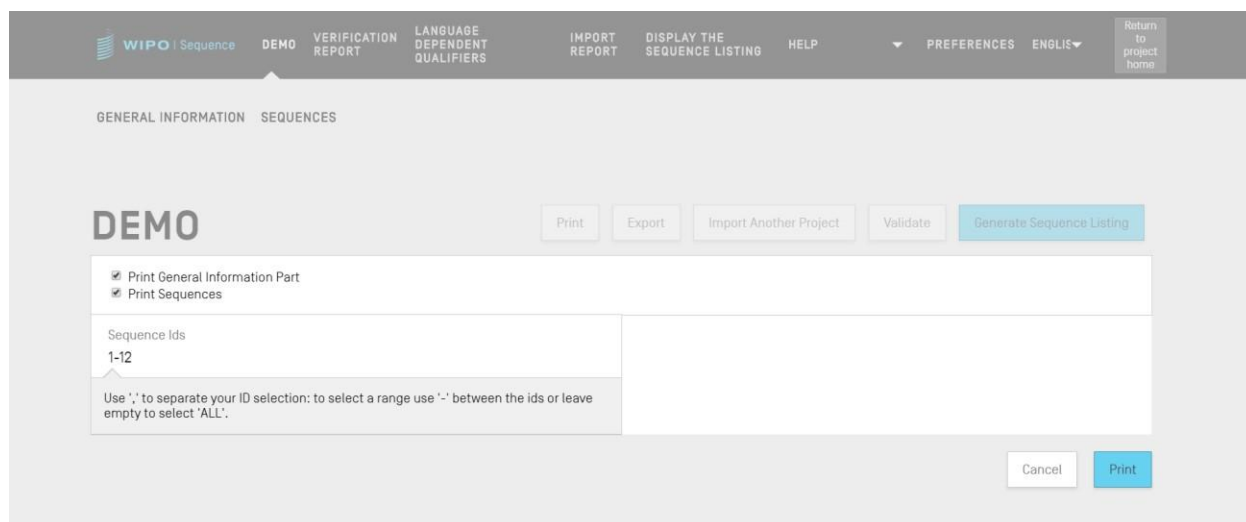


図 32 : プロジェクトの印刷ステップ 2

[Print Sequences (配列を印刷)] が選択されている場合、ユーザーは [Sequence IDs (配列ID)] フィールド内にID番号の範囲を指定して印刷する配列を指定するか、このフィールドを空白のままにしてすべてを印刷するか、選択できます。

デフォルトでは、プロジェクトのシーケンスの合計数が、範囲として表示されます。

PDFファイルが正しく作成されていた場合、青色の [Print (印刷)] ボタンをクリックすると、ツールはユーザーレビューのためにPDFリーダーでファイルを開きます。

PDFファイルのダウンロード方法については、図9を参照してください。

プロジェクトのエクスポート

図53のセクションに示すステップに沿って、プロジェクトを.zipファイルにエクスポートして、プロジェクトデータをバックアップしたり、WIPO Sequenceがインストールされている別のデスクトップコンピュータでインポートしたりできます。

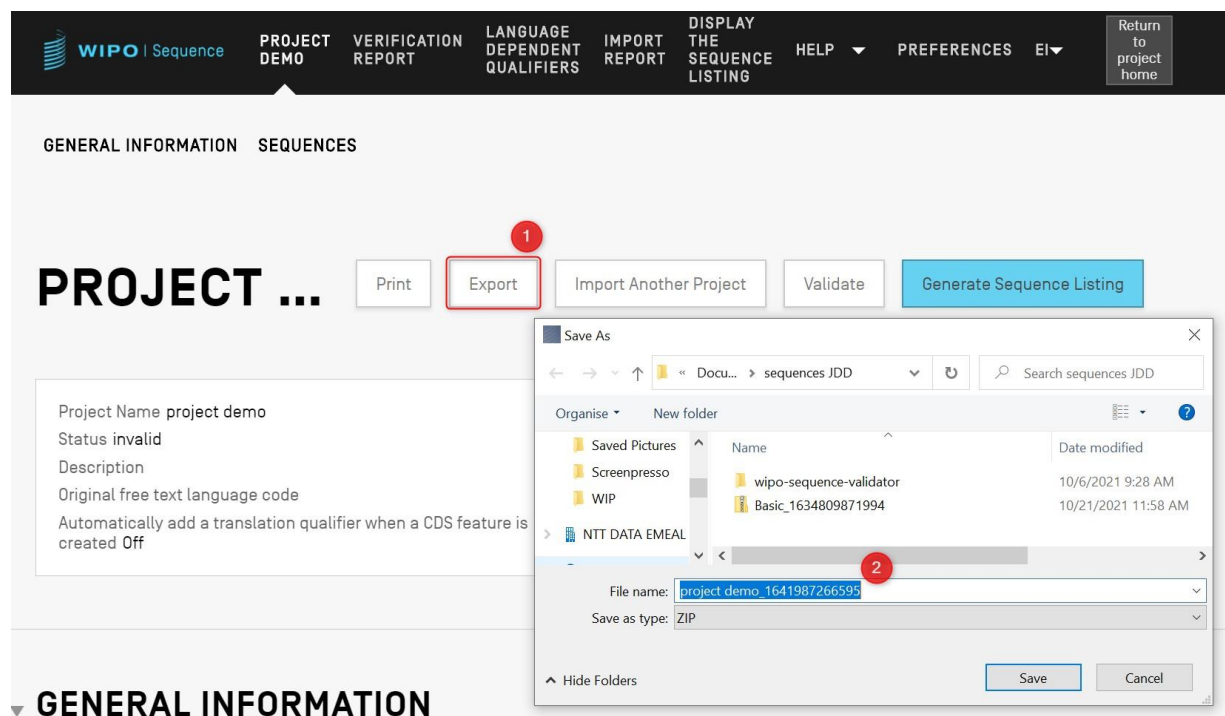


図 33：プロジェクトのエクスポート、ダイアログ

- 1) プロジェクト詳細ビューの先頭にある [Export (エクスポート)] ボタンをクリックします。
- 2) 表示されるダイアログボックスで、ファイル名と所望の場所を選択してプロジェクトを保存します。

プロジェクトが正常にエクスポートされると、図54に示すように、保存された名前と場所を示す青いバナーが画面の先頭に表示されます。

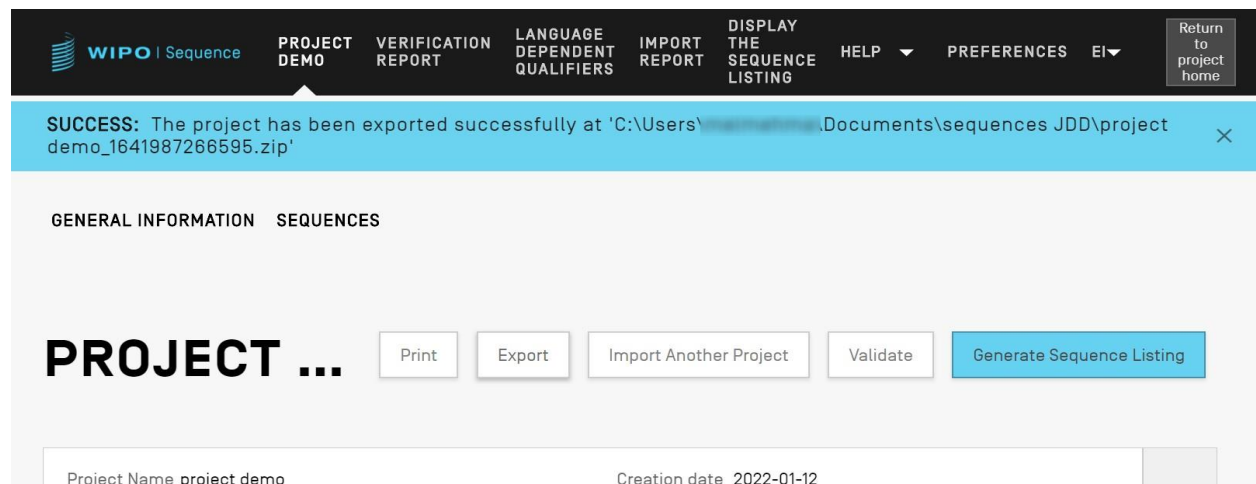


図 34：プロジェクトのエクスポート、成功

別のプロジェクトからの情報のインポート

ユーザーは、ツールに保存されている別のプロジェクトから、現在開いているプロジェクトに情報をコピーできます。このインポートされた情報は、「一般情報」セクションおよび「配列」セクションの一方或いは両方に対するものです。

注：インポートされた一般情報は、プロジェクト内の現在の一般情報と置き換わり、インポートされた配列はプロジェクト内の現在の配列のリストに追加されます。

まず、ユーザーはプロジェクトの詳細ビューの先頭にある [Import Another Project (別のプロジェクトのインポート)] ボタンをクリックしてください (図55を参照)。

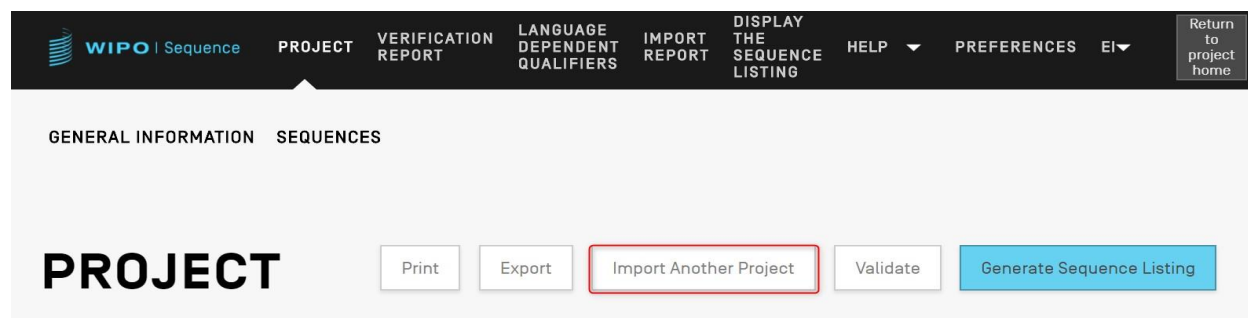


図 35：別のプロジェクトのインポート ステップ 1

図56に示すように、ツールがオーバーレイを開きます。ユーザーは最初に、どのプロジェクトから情報をインポートするかを選択してください。

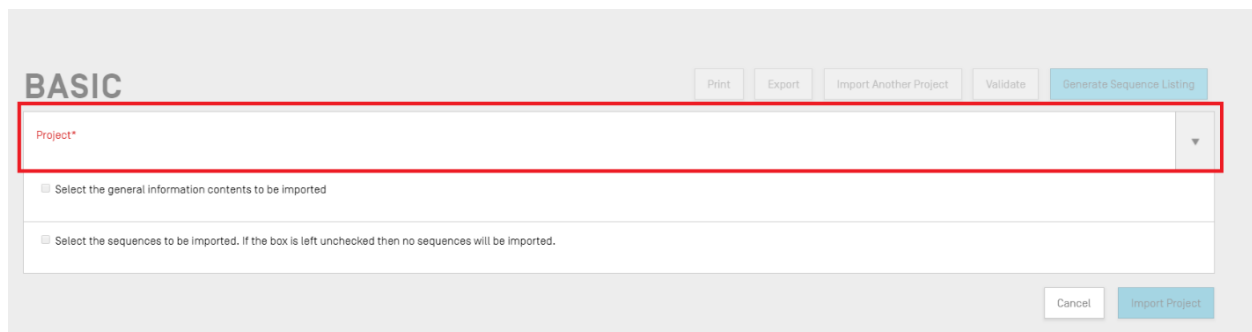


図 36：別のプロジェクトのインポート ステップ 2

次に、図57に示すように、ユーザーはプロジェクトの一般情報(1)セクションに記載されている詳細の一部を含めるかどうかを選択できます。また配列ID番号の範囲(3)を入力して、配列をインポートする(2)かを選択し、プロジェクトにインポートする配列を指定することができます。

デフォルトでは、プロジェクトのシーケンスの合計数が、範囲として表示されます。

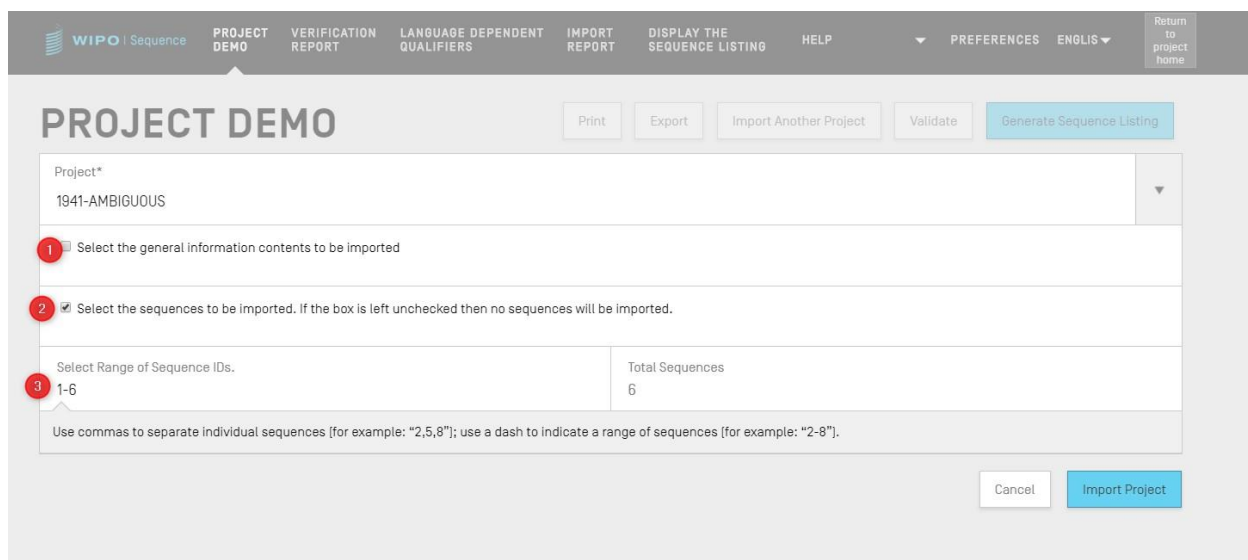


図 37：別のプロジェクトのインポート ステップ 3

一般情報チェックボックスがチェックされていると、現在選択されている（元の）プロジェクトとターゲットプロジェクト（宛先）の両方のプロジェクトの一般情報セクションがすべて表示されるテーブルが表示されます。

注:

ユーザーが「インポートする一般情報の内容を選択する」のボックスにチェックを入れない場合、配列表からの一般情報はプロジェクトにインポートされません。

次に、図58に示すように、ユーザーは一般情報のどの要素で対応するターゲットプロジェクトの一般情報を置き換えるかを選択してください。

<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

図 38：別のプロジェクトのインポート ステップ 4

最後に、プロジェクトにインポートする一般情報の要素と配列を決定したら、ユーザーは図58の下部に示す青色の [Import Project (プロジェクトをインポート)] ボタンをクリックしてください。

SUCCESS: The project has been imported successfully.

図 39：別のプロジェクトのインポート、成功

図59に示すように、要素が正しくインポートされると、青いバナーが表示されます。

プロジェクトを検証

ST.26準拠のXMLファイルとして配列表を作成する前に、プロジェクトがあらかじめ検証チェックを通ります。この

ステップは、常に、配列表の作成前に実行されますが、単独で実行することもできます。

プロジェクトを検証するには、図60示すように、ユーザーはプロジェクトの詳細ビューの先頭にある [Validate (検証)] ボタンをクリックしてください。

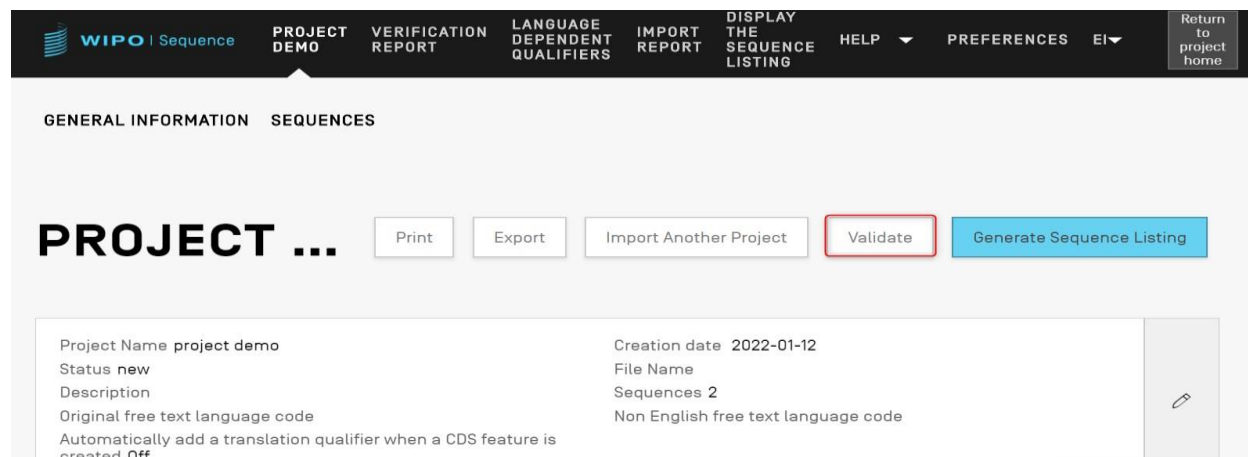


図 40：プロジェクト検証ステップ 1

検証が完了すると、ユーザーに「Verification Report (検証レポート)」ビューが表示され、作成された検証エラー／警告が表示されます。図61は、検証が成功した場合に表示される画面を示しています。

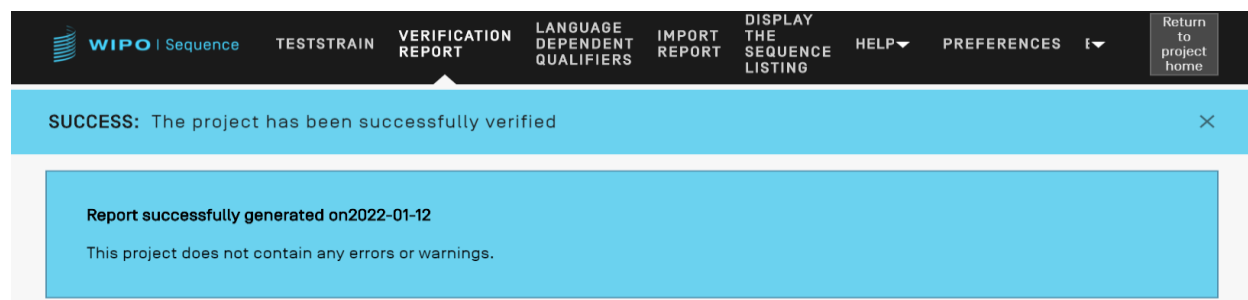


図 41：成功したプロジェクト検証

検証プロセスでエラーや警告が検出された場合は、検出された検証ルールおよびガイドラインの違反を詳述したテーブルを含む検証レポートが作成されます。図62にレポートの例を示しています。各行は、これが対処すべきエラーであるかどうか、またはユーザーが無視できる警告であるかどうかを識別します。

The screenshot displays the WIPO Sequence application interface. At the top, a navigation bar includes the WIPO logo and menu items: PROJECT DEMO, VERIFICATION REPORT, LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS, IMPORT REPORT, DISPLAY THE SEQUENCE LISTING, HELP, PREFERENCES, and a 'Return to project home' button. Below the navigation bar, a red error message banner reads: 'ERROR: After project verification, some errors or warnings have been detected.' Below the banner, the report title is 'Report generated on 2022-01-12', with buttons for 'Delete selected sequences' and 'Print Report'. A table below the title lists the detected errors.

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

図 42：プロジェクトの検証、エラー／警告

配列表を作成

プロジェクトに実行できる最後のアクションであり、おそらく最も重要なのは、配列表を作成することです。配列表を作成するには、ユーザーは図63で強調表示されたプロジェクトの詳細ビューの先頭にある青色の [Generate Sequence Listing (配列表の作成)] ボタンをクリックしてください。これにより、まず検証プロセスがプロジェクトに実行されます。

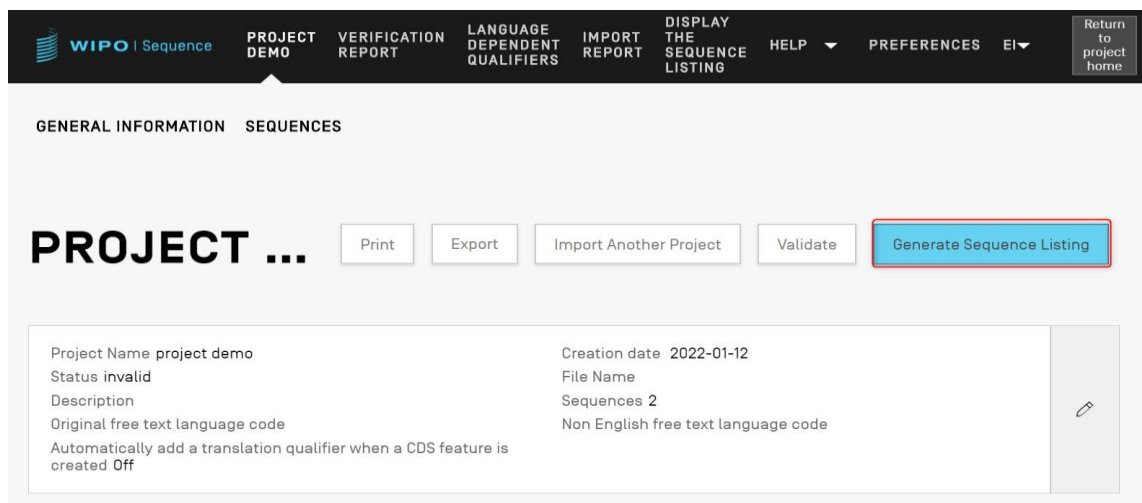


図 43：配列表の作成

プロジェクトが検証プロセスを通過すると、図64に強調表示されるようにダイアログボックスが開き、ユーザーは作成したST.26準拠の配列表 (.xml) を保存する場所を選択できます。

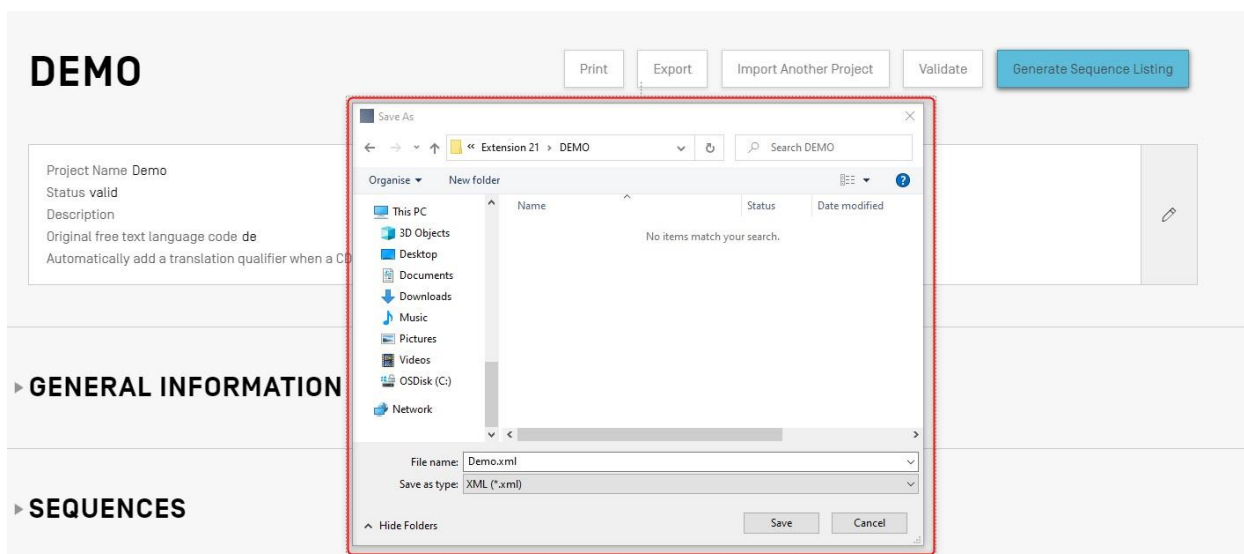


図 44： 配列表の作成、ダイアログ

注 Linux ディストリビューションの使用時に発生する問題が知られていません。デフォルトでのファイル名の提案時に余分な '\ ' が表示されます。この問題を解決するため、保存する前に余分な '\ ' を手動で削除してください。

一方、プロジェクトの検証に失敗すると、図65に示すように、検証レポートビューが赤色のバナーとともに表示されます。

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

図 45： 配列表の作成、エラー／警告

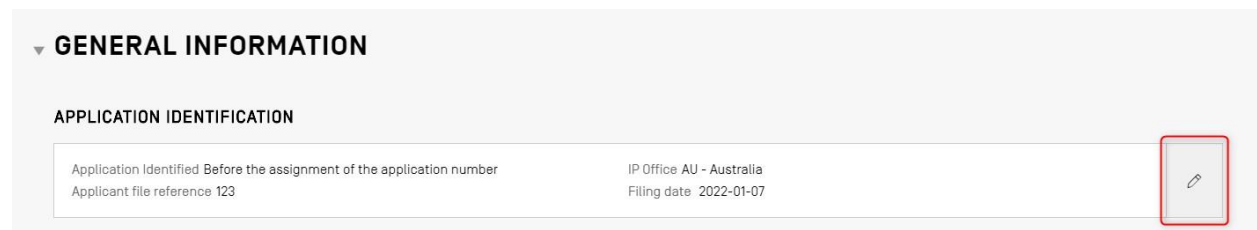
一般情報

このセクションでは、ユーザーが特許出願自体に関連する情報を入力できます。この情報は作成した配列表を本出願に関連付けるために使用されます。

出願の特定

一般情報セクションの「Application Identification (出願の識別)」サブセクションは、特許出願のステータス

と選択したプロジェクトの情報に関連しています（図66を参照）。



▼ **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
--	---

図 46：出願の識別を編集

出願の識別サブセクション内の情報を編集するには、サブセクションの右側にある上記強調表示された鉛筆アイコンをクリックします。次にユーザーは、図67に示す次の手順に基づいて情報を入力してください。

- 1) 出願に出願番号がすでに割り当てられている場合、ユーザーは出願した知的財産庁（特許庁）のコードを選択してください。これはWIPO ST.3コードです。
- 2) ユーザーは、適切なラジオボタンを選択して、出願番号がすでに通知されているかどうか、あるいは単に出願ファイル内に示されただけであるかどうかを選択してください。
- 3) 出願番号がない場合、ユーザーはこのフィールドに出願人ファイル参照番号を入力しなければなりません。
- 4) 出願番号がすでに割り当てられている場合は、ユーザーは特許に付与された出願番号を入力する必要があります。
- 5) 日付が割り当てられている場合は、日付ピッカーで出願日を選択します。
- 6) 青色の [Save（保存）] ボタンをクリックします。

GENERAL INFORMATION

APPLICATION IDENTIFICATION

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

Cancel Save

図 47：出願の識別編集パネル

注：入力内容に関係なく、検証レポートには常に「出願識別番号がありません。出願番号が割り当てられている場合、出願番号は必須です。」との警告が発せられます。

優先権出願の特定

優先権出願をプロジェクトに追加するには、図68に示すプロジェクト詳細ビューの一般情報セクションにある [Add Earliest Priority Identification（最先の優先権主張番号を追加する）] ボタンをクリックしてください。

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

図 48：優先権出願の編集/追加ステップ 1

現在選択されている優先権出願を最先として設定するには、ユーザーは [最先の優先権出願として選択] ドロップダウンで [はい] を選択してください。これにより、配列表の作成時に、最先の優先権出願として認められた優先権出願として設定または変更されます。

終了するには、図69に示すように、オーバーレイの青色の [Add Earliest Priority Application（最先の優先権出願を追加）] ボタンをクリックします。

The screenshot shows a 'PRIORITY IDENTIFICATION' panel. At the top left is a button labeled 'Add Priority Application'. Below it is a form with two main sections. The first section has a dropdown menu labeled 'IP Office*' and a text input field labeled 'Filing date' with a 'Date' label and a calendar icon. The second section has a text input field labeled 'Application number*' and a dropdown menu labeled 'Selected Earliest Priority Application*'. At the bottom right of the panel are two buttons: 'Cancel' and 'Add Priority Application'.

図 49：優先権出願編集パネル

出願人および発明者

新規出願人または発明者に関するデータをプロジェクトに追加するには、プロジェクトの詳細ビューの一般情報セクションにある [発明者を追加] または [出願人を追加] ボタンをクリックしてください。これらの作業を実行するための手順は同じであるため、一般的な説明のみとしますが、出願人と発明者の両方をプロジェクトに含める場合は、出願人が発明者でもある場合であっても、このプロセスを2回繰り返す必要があります。

オーバーレイが開き、図70に示す2つのラジオボタンが表示されます。[Existing applicant/inventor（既存の出願人／発明者）] が選択されている場合は、デスクトップツールのローカルインスタンス内に現在保存されている個人および法人の一覧を表示するドロップダウンボックスから選択できます。図70では一例として「John Smith」を含む3つの既存の出願人のリストを示しています。

The screenshot shows a dialog box 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 labeled 'Select applicant*' with a list of names: 'הילה בן אברהם', 'Juan Rodriguez Garcia', and 'John Smith'.

図 50：既存の出願人／発明者の追加

[New applicant/inventor（新規出願人／発明者）] が選択されている場合、ユーザーは新規個人／法人を作成するときと同様に編集パネルに入力してください（図71を参照）。

注: 配列表が有効と見なされるために必要な出願人は1人だけであることに注意してください。よって、1人の出願人およびまたは発明者を一次的にマークする必要があります。これは、生成される配列表に表示される出願人発明者です。

最後に、詳細が完成したら、ユーザーは図71に示す[Add Applicant/Inventor]ボタンをクリックします。以下の必須フィールドはまだ含まれていないため、ユーザーは出願人を追加できず、青い[Add Applicant]ボタンはグレー表示されます。

図 51：新規出願人／発明者の追加

発明の名称

「発明の名称」は、一般情報セクションの最後のサブセクションです。

- 新しい発明の名称を追加するには、図72に示す[Add Invention title（発明の名称を追加）]ボタンをクリックします。

図 52：発明の名称追加の編集パネル

- 8) このオーバーレイで、ユーザーは発明の名称を入力し、発明の名称が記載されている言語も示してください。
- 9) 青色の [Add Invention title (発明の名称を追加)] ボタンをクリックします。

注: WIPO

ST.26 では、配列表において発明の名称は出願した言語で記載されなければなりません。ただし、必要に応じて、プロジェクトは別の言語で複数の発明の名称を含むこともできますが、言語ごとに一つの発明の名称のみ可能です。新しい発明の名称は、上記の手順で追加することができます。

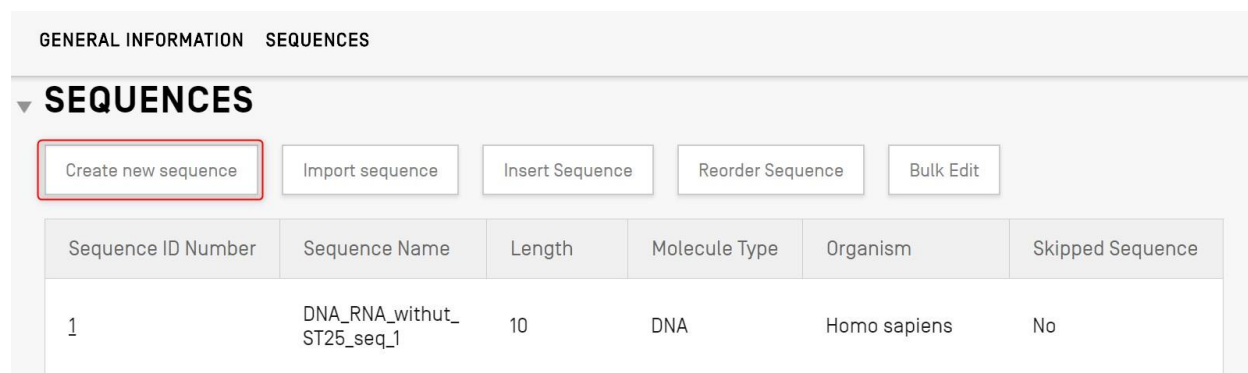
配列

プロジェクトの詳細ビューの「配列」セクションでは、ユーザーは配列自体に関連する技術情報を入力します。

配列を作成／インポート／挿入／並べ替えるには、ユーザーはプロジェクトの詳細ビューの下部にある「配列」セクションまでスクロールダウンしてください。以下のサブセクションでは、これらの作業を実行するために必要な手順について詳しく説明します。

配列の作成

- 1) 図73に示すように、[Create new sequence (新規配列を作成)] ボタンをクリックします。



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

図 53 : 新規配列作成ステップ 1

残りの手順を図74に示します。図54： 新規配列作成の編集パネル

- 2) ユーザーは、[Sequence name (配列の名称)] フィールドに値を入力することで名称を指定すること

もでき、この配列を区別しやすくなります。空白のままにすると、デスクトップツールは、「Seq」で始まり、反復的に増加する数が続く新規配列のデフォルト名（「Seq_1」、「Seq_2」、「Seq_3」）(1)を既定値に割り当てます。

ユーザーは、ドロップダウンボックスによって提示されるST.26で使用可能な3つの分子型（「DNA」、「RNA」および「AA」）(2)のいずれかを選択してください。配列自体は、[Residues（残基）]⁵テキストフィールド(3)に入力してください。ユーザーがDNAおよびRNAの両方のセグメントを含む配列を作成したい場合は、DNAを主分子型として選択してください。

ユーザーは、作成中の配列の生物名も選択する必要がある、これは必須です。これは、デスクトップツールデータベースの事前に定義された生物のリストから選択することもでき、ユーザーがローカルに作成、保存したユーザーの生物のうちの1つとすることもできます。ユーザーが生物の名前を入力し始めるだけで、これらの両方のソース(4)からのオプションを含むドロップダウンリストが表示されます。

また、⁶ドロップダウンボックス(5)から「Qualifier分子型」を選択して、その生物を分類することもできます。ドロップダウンボックスには、以前に選択した分子型に応じて異なる値が表示されます。

[Mark as an intentionally skipped sequence（意図的にスキップされた配列としてマーク）](6)がチェックされている場合、配列パネルでは必須要素の値の入力に対するすべての制約が取り除かれます。そして、その結果として保存された配列は、プロジェクトを検証し配列表を作成する際、無視されず（残基の値は「000」とされます）。

[The sequence contains both DNA & RNA segments（配列にDNAとRNAの両方のセグメントが含まれています）]がチェックされている場合(6)、パネルが展開され、ユーザーがfeature「misc_feature」を使用して各DNA および RNAセグメントを記載できるフィールドが表示されます。定義された各セグメントの位置は、配列の異なる「misc_feature」feature(7)に保存され、各「misc_feature」には各「misc_feature」内の「note」qualifierに各配列の分子型とそれに続いて「追加のテキスト」テキストフィールドの値を含みます。ユーザーは、[Add new 'misc_feature' feature（新規「misc_feature」featureを追加）] ボタンをクリックして、必要な数だけこれらのfeatureを作成できます。この操作は、配列全体のすべてのセグメント（DNAセグメントおよびRNAセグメントの両方）に対して必要です。

⁵ 有効なヌクレオチド記号およびアミノ酸シボルの表については、WIPO Standard ST.26 – Annex I, Section 1およびSection 3を参照

⁶ ヌクレオチドおよびアミノ酸テーブルでの分子型エントリのQualifierの値については、WIPO Standard ST.26-Annex I, Section 6およびSection 8を参照

▼ **SEQUENCE 2**

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

1

▼ **SEQUENCE**

atctacttca	ttgaatctac	ttcattgaat	ctacttcaatt	gaatctactt	cattgaatct	acttcattga	atctacttca	atctacttca	80
ttgaatctac	ttcattgaat	ctacttcaatt	gaatctactt	cattgaatct	acttcattga	atctacttca	ttgaatctac	ttgaatctac	160
ttcattgaat	ctacttcaatt	gaatctactt	cattgaatct	acttcattga	atctacttca	ttgaatctac	ttcattgaat	ttcattgaat	240
ctacttcaatt	gaatctactt	cattgaatct	acttcattga	atctacttca	ttgaatctac	ttcattgaat	ctacttcaatt	ctacttcaatt	320
gaatctactt	cattgaatct	acttcattga	atctacttca	ttgaatctac	ttcattgaat	ctacttcaatt	gaatctactt	gaatctactt	400

図 55：プロジェクトに保存された新規配列

配列のインポート

配列をファイルからプロジェクトに直接インポートすることもできます。使用可能なファイル形式は⁷、**ST.25**、**ST.26**、マルチシーケンス、**RAW**、**FASTA**です。選択すると、WIPO Sequenceがファイルで使用されている形式を自動的に検出します。

- 1) 図76で強調表示された [Import sequence (配列をインポート)] ボタンをクリックします。

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
2	DNA_RNA_withut_ST25_seq_2	30	RNA	Abrophyllum ornans	No

図 56：配列インポートステップ 1

- 2) 図77に示す [Upload file [.txt, .xml] (ファイル [.txt, .xml]をアップロード)] をクリックします。

⁷ この文書のファイル形式のセクションを参照

ダイアログボックスが開いたら、インポートする配列データを含むファイルを選択します。デスクトップツールは、使用されている形式を検出し、インポート時にいくつかの検証チェックを実行します。

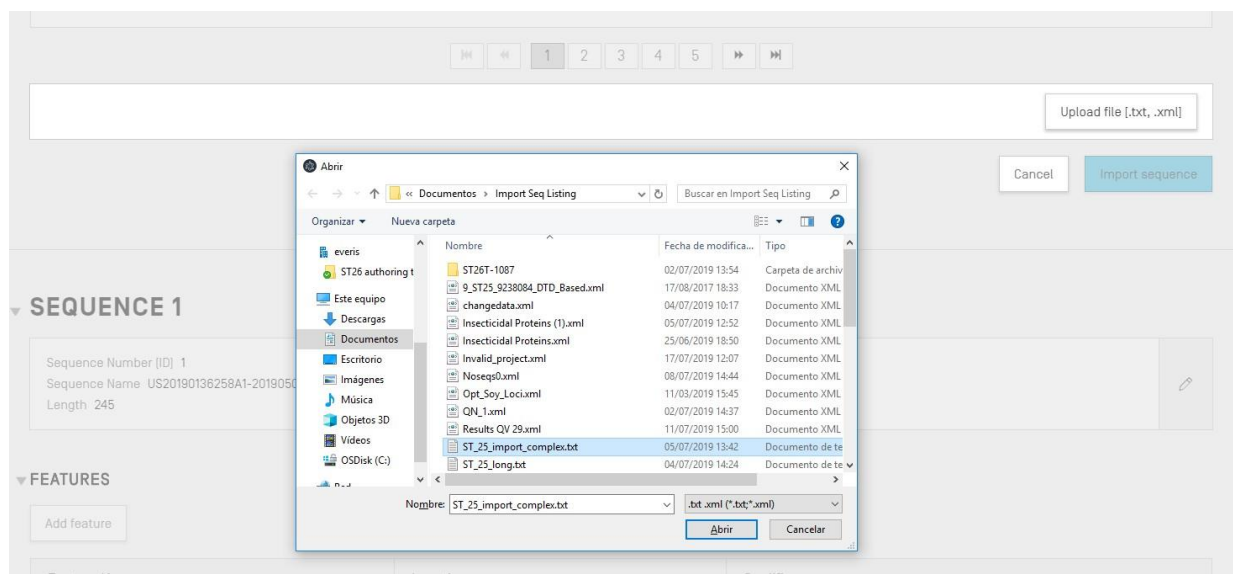


図 57：配列のインポート、ダイアログ

このツールでは、配列のインポートに5つの形式（ST.25、ST.26、マルチシーケンス、RAW、FASTA）が使用できます。これらのファイルの必須の形式については、この文書の最後のセクションで説明しています。

ST.25またはST.26形式のファイルを選択すると（図78を参照）、最初に [Select Range Sequences（範囲配列を選択）] チェックボックス(1)がユーザーに表示されます。チェックすると、ファイル内の各配列の配列ID番号とプロジェクトで提供される配列のリストに配列が追加される順序を含むテーブル(2)が開きます。

ユーザーがすべての配列をプロジェクトにインポートしたくない場合は、配列ID番号の所望の範囲を指定できます(3)。

単一の配列だけでなく、コンマで区切られた配列のリストやx-y形式の配列の範囲も入力することができます。

例:「1, 3, 7, 13-20, 30-50」

C:\Users\...Downloads\valid1.xml Upload file (.txt, .xml, .FASTA)

1 Enter the sequences to be imported

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

2

3 Select Range of Sequence IDs.
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"].

Cancel Import sequence

図 58 : 配列のインポート、ST.25/ST.26 形式

マルチシーケンス形式のファイルをインポートする場合（この形式については、図79を参照）、ユーザーに [Select Range Sequences（範囲配列を選択）] チェックボックス(1)が表示されます。これをチェックすると、ファイル内の対応する配列の配列ID番号と「Detail（詳細）」の列に各配列の詳細（配列名、分子型、生物名を含む）を示すプレビューテーブルが表示されます(2)。

ユーザーは、プロジェクト内の配列のリストにインポートしたい配列ID番号の範囲を選択してください(3)。デフォルトでは、選択した配列表ファイルの配列の合計数が範囲として表示されます。

C:\Users\...Downloads\multisequence_u.t.txt Upload file [.txt, .xml, .FASTA]

Enter the sequences to be imported

Sequence Number [ID]	Position
[1]	< First Sequence;DNA;Abies alba>
[2]	< Second Sequence;RNA; >
[3]	< Second Sequence;AA; >
[4]	< Third Sequence;DNA;Abies alba>

Select Range of Sequence IDs.
1-4

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 sequence

図 59：配列のインポート、マルチシーケンス形式

配列のインポートプロセスで使用可能な最後の2つの形式は、RAWおよびFASTAファイル形式です（ファイル形式のセクションを参照）。これらの形式は、ファイルごとに1つの配列だけを定義します。RAWファイルのインポートを選択すると、ツールには図80に示す編集パネルが表示されます。FASTAファイルがインポートされると、図81に示す編集パネルが表示されます。ユーザーは、必須フィールドを入力して続行する必要があります。

C:\Users\...3AAraw.txt Upload file [.txt, .xml, .FASTA]

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

Sequence Name	Molecule Type*
Organism name *	Qualifier Molecule Type

Cancel Import sequence

図 60：配列のインポート、raw 形式

The screenshot shows a web interface for importing a sequence. At the top, there is a file path 'C:\Users\...' and a file name 'FASTA\IDNasequence.fasta' with an 'Upload file [.txt, .xml, .FASTA]' button. Below this is a table with two columns: 'Sequence Number [ID]' and 'Description'. The table contains one row with the number '1' and a detailed description of a hypothetical protein gene. Below the table are navigation buttons (back, first, 1, last, forward). Underneath is another table with columns 'Sequence Number [ID]' and 'Sequence Name', containing the number '1'. Below this is a 'Molecule Type*' dropdown menu. A yellow banner with the text 'Please select the sequence molecule type for the sequence that you would like to import.' is displayed. Below the banner are two input fields: 'Organism name*' and 'Qualifier Molecule Type*'. At the bottom left, there is a checkbox labeled 'Check to save description as a note.'. At the bottom right, there are 'Cancel' and 'Import sequence' buttons.

図 61：配列のインポート、FASTA 形式

3) 終了するには、ユーザーは [Import sequence（配列をインポート）] の青色のボタンをクリックしてください。

インポート後、ツールは図108に示す「インポートレポート」ビューにナビゲートします。

配列を挿入

配列のリストの特定の位置に配列を挿入するには、ユーザーは、配列セクションの先頭にある [Insert Sequence（配列の挿入）] ボタンをクリックしてください（図82で強調表示）。

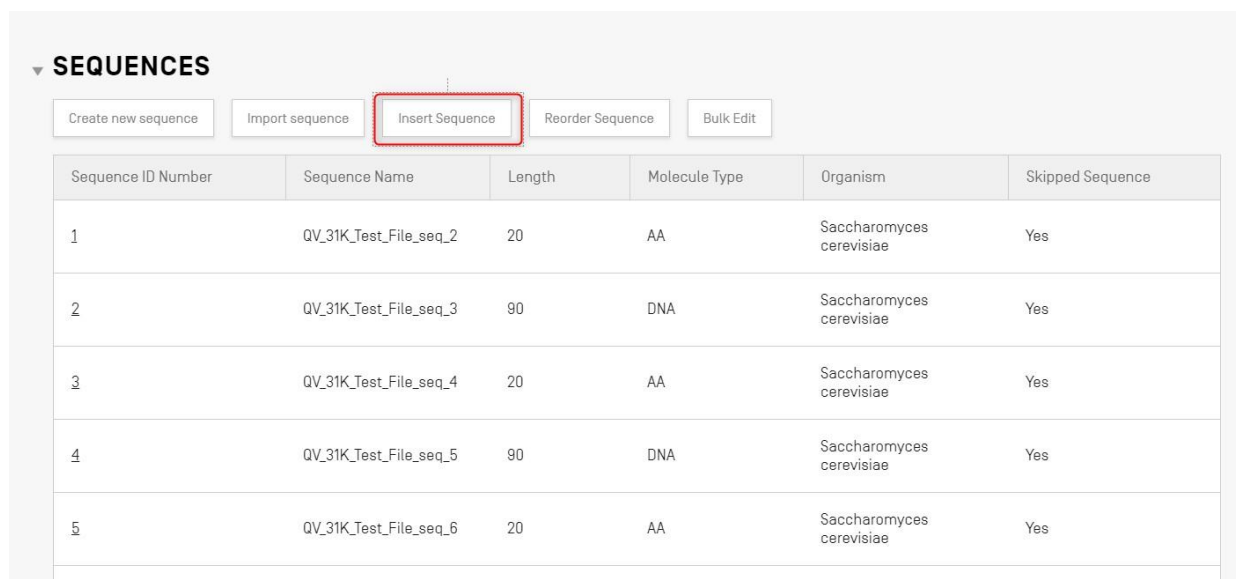


図62：配列の挿入ステップ1

パネルを含むオーバーレイが表示されます（図63：配列挿入の編集パネル参照）。ユーザーは、配列の作成に必要なすべての情報を入力してください（図53：新規配列作成ステップ1参照）。さらに、ユーザーは、配列が配列のリストで表示されるべき位置をパネルの左上に入力してください（図63：配列挿入の編集パネルで強調表示）。

図63：配列挿入の編集パネル

終了するには、図83で強調表示されたボタン [Insert sequence（配列を挿入）] または [Insert & Display

Sequence (配列を挿入して表示)] をクリックします。

▼ 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

図 64 : 指定した位置に挿入された配列

ユーザーが青色の [Insert & Display Sequence (配列を挿入して表示)] ボタンをクリックすると、プロジェクトの詳細ビューで図64に示す配列表の下に開閉可能な配列テーブルが配列の作成後に開きます。

配列を並べ替える

ユーザーは、次のステップを用いて、プロジェクトで提供されている配列表内で配列を表示する順序を再編成できます。図85 (開始) から図87 (結果) に、配列の順序変換を示します。

- 1) 図85に示すように、[Reorder Sequence (配列の並べ替え)] ボタンをクリックします。

▼ 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

図 65：配列の並べ替え

- 2) 図86に示すように、移動させる配列を選択し、現在の配列のリストの順序を基準にして配列を配置する位置を選択します。

10 20190509-1458 Artificial sequence
S00001_seq_SEQ ID NO 15

1 2 3 4 5

Sequence Number (ID)*
3

New Sequence Position
2

To select a range use "-" between the ids

Cancel Reorder Sequence

図 66：配列並べ替えの編集パネル

- 3) 図87では 配列は現在、2番目の位置にあります。

▼ 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

図 67：並べ替えられた配列

一括編集

ユーザーは、複数の配列に変更を加える必要がある場合、一括編集を使用できます。個々の配列に対し個別に編集を行うことは可能であるものの、配列の数が多いプロジェクトでは非現実的です。

- 1) 図88に示す「一括編集」をクリックします。

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

図 68：一括編集ステップ 1

- 2) 「一括編集の種類」として、Qualifier molecule type、Organism、またはFeatureを選択します。

Type of bulk edit*
Qualifier molecule type

Select the type of bulk edit to continue

Molecule Type*
DNA

Qualifier Molecule Type*

Only DNA/RNA sequences allow editing of the qualifier 'mol_type' because for amino acid sequences this qualifier value is automatically set to 'protein'.

The qualifier 'mol_type' of hybrid DNA/RNA sequences, where the 'combinedIndicator' = 'Yes', cannot be bulk edited.

Enter one or more of the following DNA sequences to edit the qualifier 'mol_type'.

図 69：一括編集ステップ 2

図89に示すように、システムは、核酸配列のみ「mol_type」のqualifierの値が編集可能であることをユーザーに通知します（アミノ酸配列に対する同じ値が、システムによって自動的に'タンパク質'に設定されるからです）。

- 3) 分子型が選択された後、システムは、一括編集を適用する核酸配列のタイプを選択するようにユーザーに促します。

Type of bulk edit*
Qualifier molecule type

Select the type of bulk edit to continue

Molecule Type*
DNA

Qualifier Molecule Type*
unassigned DNA

Only DNA/RNA sequences allow editing of the qualifier 'mol_type' because for amino acid sequences this qualifier value is automatically set to 'protein'.

The qualifier 'mol_type' of hybrid DNA/RNA sequences, where the 'combinedIndicator' = 'Yes', cannot be bulk edited.

Enter one or more of the following DNA sequences to edit the qualifier 'mol_type'.

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

図 70：一括編集、qualifier mol_type の識別

また、図90に示すように、システムは、生物=「合成配列」の配列の「mol_type」のqualifierが「他のDNA」または「他のRNA」でなければならず、これらの値を変更するとプロジェクト検証時にエラーが発生する点を、ユーザーに警告します。

4) システムは、一括編集する配列のリストを、選択を促すため表示します。

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

図 71：一括編集、更新された qualifier mol_type

一括編集の種類が「生物」の場合：

1) 図92に示すように、「一括編集の種類」として「生物」(1)を選択します。ユーザーは、編集するSEQ ID の範囲を入力する必要があります (2)。次に、例えば、ユーザーが生物の値を「合成コンストラクト」に変更することを選択した場合、システムは、qualifier「mol_type」が分子型に応じて自動的に「他のDNA」または「他のRNA」に変更されることを、ユーザーに通知します。(3) 図72：一括編集、生物ステップ1

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

図 72：一括編集、生物ステップ 1

一括編集の種類が feature の場合 :

1) 「feature」として「一括編集の種類」を選択します (図93を参照) (1)。次に、ユーザーは既存のfeatureを編集するか、新しいfeatureを追加するかを指定する必要があります (2)。ユーザーは、「Molecule Type」(3) および編集する Sequence IDsの範囲 (4)を入力する必要があります。ユーザーが「featureの編集」(2) を選択し、featureの位置の値 (6) を「complement(join(1..30,61..90))」に変更することを選択した場合、ツールはSEQ ID 5 および 8 の全ての既存の CDS feature(5)を指定された値に更新します。

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

図 73 : 一括編集、feature ステップ 1

2) ユーザーがfeatureの一括編集の種類として「featureの追加」を選択した場合 (図94を参照) : 新しいfeature「CHAIN (鎖)」(4)およびfeatureの位置「1..13」(5)が、選択された各SEQ ID 1、2、7 (3)に追加されます。

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

図 744 : feature 一括編集 ; feature の追加

3) ユーザーが一括編集の種類として「一括スキップ」を選択した場合（図95を参照）：スキップする配列の範囲は、SEQ IDの範囲(1)として識別されます。

図 75 : feature 一括編集 ; 一括スキップ

配列の編集

配列を編集するには、ユーザーは図96で強調表示されている、変更する該当配列の配列ID番号（配列ID「1」）をクリックしてください。

注:

WIPO Standard ST.26 に準拠したすべての配列表は、配列ID#1 で始まり、配列長まで連続して番号を付ける必要があります。

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

図 76：配列の編集

これにより、図77：配列編集、編集パネルに示すように、プロジェクトの詳細ビューの配列セクションの下に新しいセクションが開きます。

この配列セクションは、最初に強調表示される「基本情報」編集パネル、次に示される「Feature」リストテーブル、そして最後に示される「Sequence（配列）」残基編集パネルで構成されます。

GENERAL INFORMATION SEQUENCES

SEQUENCE 1

Sequence Number [0] 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

SEQUENCE

ACCEBROXXXC 10

< 1/1 >

図 77：配列編集、編集パネル

feature

WIPO ST.26では、すべての配列には、分子型に応じて、sourceの少なくとも1つのfeatureが関連づけられていなければなりません。各ソースfeatureには、「生物」と「mol_type」の2つの必須qualifierが必要です。

featureテーブルには、feature key、遺伝子配列内のfeatureの位置、および個々の配列featureに関連付けられたqualifierの3つの列があります。

featureの位置は、配列のどのセグメントにfeatureが存在するかを示します。featureの位置の指定に使用できる形式は、WIPO ST.26で示されており、以下の通りです。

- 単一残基番号：x
- 配列長さを区切る残基番号：x..y
- 最初に指定された残基番号の前または最後に指定された残基番号より後の残基：<x, > x, <x..y, x..>y, <x..>y
- 隣接する2つのヌクレオチド間の位置：x^y
- 鎖内クロスリンクで結合した残基番号：x..y

位置演算子は、複雑な位置を記述するために使用できます。

- 「**join** (位置, 位置, ..., 位置)」: 位置は結合され（両端に配置され）1つの連続した配列を形成します。
- 「**order** (位置, 位置, ..., 位置)」: 要素は指定された順序で検出されますが、これらの要素の結合の妥当性については何も示されていません。
- 「**complement** (位置)」: 5' から3' の方向または5'から3'の方向に類似する方向で読んだ場合、位置記述子で指定された配列長さに相補的な鎖にfeatureが位置していることを示します。

配列に新しいfeatureを追加するには、下の図98で強調表示されている選択した配列のFeatureセクションにある「Add feature (featureを追加)」ボタンをクリックします。

▼ **SEQUENCE 2**

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

▼ **FEATURES**

Add feature

Feature Key	Location	Qualifiers
source	1..41	mol_type = genomic DNA organism = Wohlfahrtiopsis bishoppi

◀ ◁ 1 ▷ ▶ ▶▶

▼ **SEQUENCE**

```
gatagtagtgt  atatatagta  gtatgatgat  gatatgatga  t
```

41

図 78 : 配列に feature 追加

次に、図99に示すように、開いたオーバーレイで、feature key⁸のドロップダウンからエントリを選択し、そのfeatureを適用する配列内のfeatureの位置を指定します。

▼ **FEATURES**

Add feature

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

◀ ◁ 1 ▷ ▶ ▶▶

Feature 1

Feature Key*	▼	Feature Location*
D_segment		4..15

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

▼ **QUALIFIERS**

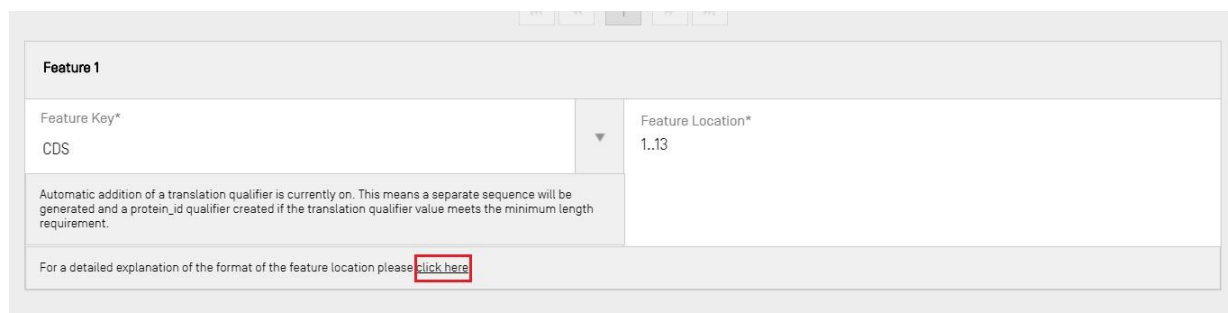
Add qualifier

Cancel Create Feature

図 79 : feature の追加オーバーレイ

この段階でqualifierをfeatureに追加することもできます。これについては次のセクションで説明します。

⁸ヌクレオチドおよびアミノ酸のfeature keyの表については、WIPO Standard ST.26 – Annex I, Section 5 およびSection 7を参照。



Feature 1

Feature Key*	Feature Location*
CDS	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](#)

図B0：feature位置の詳細説明に関するポップアップリンク

featureの位置の形式の詳細な説明を含むリンクが追加されました。リンクは文末の「click here（ここをクリック）」にあります。図100では、ユーザーが容易に認識できるように、リンクに下線が引かれています。

終了するには、図79に示す青色の [Create Feature（Featureを作成）] ボタンをクリックします。

CDS feature

CDS featureの種類は、タンパク質のコード配列を記述するために使用します⁹。CDS featureは、それが属す配列のセグメントのアミノ酸翻訳を任意で含むことができ、これが最小長の要件を満たしていれば、プロジェクト内で別個の配列として現れます。元の配列のCDS feature内には、「protein_id」qualifierで指定される翻訳アミノ酸配列の配列IDへの参照があります。

配列の「CDS」featureを作成する場合、featureの位置によって示されるように配列の翻訳された残基チャンクに対応するqualifier値を使用して「translation」qualifier（デフォルトの「遺伝コード」の値は1 –「標準コード」）をCDS featureに自動的に追加できます。また、関連する「プロテインID」と別個のアミノ酸配列を、プロジェクト詳細ページの上にある基本情報（図102参照）のチェックボックスをオンにすることにより生成することもできます。ただし、このqualifierは必須ではなく、生成後に削除できます。ユーザーは、ユーザーによって作成された、関連する翻訳済み配列IDを参照する「翻訳」および「protein_id」のqualifierを手動で作成することもできます。

注:

バージョン2.1.0 からは 「翻訳qualifierを自動的に追加する..」のチェックボックスはデフォルトでチェックされています。

CDS featureの自動作成

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

CDS feature qualifierを自動的に作成する手順は、次の通りです。

- 1) 特定の配列を表示して、[Add feature (featureを追加)] ボタンをクリックし、feature keyとして「CDS」を選択します。基本情報の「automatically add a translation qualifier (translation qualifierを自動的に追加)」チェックボックスがオンになっている場合、CDS featureをヌクレオチド配列に追加すると、「translation」の qualifier、その値、「protein_id」のqualifierおよび関連付けられた別のアミノ酸配列（該当する場合）が自動的に追加されます。
- 2) ユーザーは、「translation」のqualifierを手動で作成することも選択できます。

The screenshot shows a form titled 'QUALIFIERS' with an 'Add qualifier' button. The form contains the following fields:

- Qualifier Name ***: translation
- Select Genetic Code**: 1 - Standard Code
- Sequence Name**: (empty)
- Qualifier Value**: (empty)

Below the 'Qualifier Value' field, there is a note: "Automatic Translation is ON. Leave this field blank to automatically generate the translation qualifier value, protein_id qualifier, and associated amino acid sequence." At the bottom right, there are 'Cancel' and 'Create Qualifier' buttons.

図 81 : 翻訳 qualifier の作成

- 3) featureとそれに関連するqualifierの編集を終了したら、ユーザーは[Create Feature (featureを作成)] ボタンをクリックして保存してください。図102に、得られるCDS featureを示します。

The screenshot shows a table titled 'FEATURES' with an 'Add feature' button. The table has three columns: Feature Key, Location, and Qualifiers. The first row shows a newly created CDS feature.

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

At the bottom of the table, there are navigation buttons: < << 1 >> >

図 82 : feature テーブルの新規 CDS feature

次に、このツールは、次の属性を持つプロジェクトの**新規配列***を作成します。

- **配列ID番号** = 配列ID番号で次に使用可能な値
- **長さ** = 翻訳された配列の長さ

- **配列の名称** = 「translation」qualifierの「Sequence Name（配列の名称）」フィールドで指定された値。名称を指定しなかった場合、デフォルトの配列名（「Seq_#」）が指定されます。
- **分子型** = 「AA」
- **生物の名称** = 元の配列に指定された値と同じ値
- **Qualifier分子型** = 「タンパク質」
- **配列残基** = 元の配列の翻訳された値

この処理が完了した後の結果の一例を図83：CDS feature、作成されたアミノ酸配列。

The screenshot displays a web-based interface for sequence management. At the top, a section titled 'SEQUENCE 3' contains a summary box with the following details: Sequence Number (ID) 3, Sequence Name Seq_3, Length 4, Molecule Type AA, and Organism Caballerocotyla klawai. Below this, a 'FEATURES' section includes an 'Add feature' button and a table listing features. The table has three columns: Feature Key, Location, and Qualifiers. Two features are listed: 'COILED' at location 1..4 with qualifier 'note = qual val', and 'source' at location 1..4 with qualifiers 'mol_type = protein' and 'organism = Caballerocotyla klawai'. Each row in the table has an edit icon. At the bottom of the features table, there are navigation buttons for page 1.

図 83：CDS feature、作成されたアミノ酸配列

翻訳された配列の作成に関しては、以下の点に注意してください。

個別の翻訳シーケンスは、少なくとも4つの具体的な定義された残基がある場合のみ作成されます（たとえば「AXTG」は3文字としてカウントされます）。

「translation」のqualifierを変更する際、qualifierの値が含む具体的な定義された残基の数が4未満であると、「protein_id」qualifierと同様、関連付けられた配列の翻訳が削除されます。

PROJECT DEMO	VERIFICATION REPORT	LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS	IMPORT REPORT	DISPLAY THE SEQUENCE LISTING	HELP	PREFERENCES	EI	Return to project home
Project Name*	project demo	Creation date	2022-01-We					
Status	modified	File Name						
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

図 84：翻訳 qualifier チェックボックスの自動生成：チェックを外すとオフになります

疑似または偽遺伝子qualifierを含める場合のCDS featureに関するアドバイス:

CDS featureに疑似または偽遺伝子qualifierを追加するときは、自動翻訳がオフになっていることを確認してください。

CDS featureに疑似または偽遺伝子qualifierが追加される時に自動翻訳がオフになっていない場合（図105で特定されるチェックボックスがチェックされている場合）、CDS featureが更新されると、翻訳qualifierが自動的に追加されます。このエラーを修正するには、プロジェクトの自動翻訳をオフにしてから、CDS featureを開き、翻訳およびprotein_idのqualifierを削除してから、featureを更新します。

The screenshot shows the 'PROJECT ...' interface with several buttons: 'Print', 'Export', 'Import Another Project', 'Validate', and 'Generate Sequence Listing'. Below the buttons is a table of project details:

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	
Automatically add a translation qualifier when a CDS feature is created		On	

図 85：翻訳 qualifier の自動生成：オン

ユーザーが translation qualifier を自動で作成したい場合は、qualifier の編集パネルから翻訳テーブルの値と配列の名称を設定できます。ユーザーが feature を作成すると、ツールは翻訳を実行し、feature に「protein_id」 qualifier を追加し、翻訳値を持つ新規配列を追加します。

feature の位置または qualifier 「transl_table」、「transl_except」、もしくは「codon_start」の値が変更された場合にのみ、翻訳が再実行されます。この場合、関連付けられた配列は更新されます。

注：

翻訳値が変更されると、関連付けられた配列は自動的にその値を更新します。しかし、関連付けられたヌクレオチド配列が変更された場合、translation qualifier の値は変化しません。作成後に「protein_id」 qualifier を変更すると、関連付けられた配列は元の配列との関連付けを失います。

終止コドンの使用に関するアドバイス：

一般に、終止コドンは CDS feature の最後にのみ存在し、コードされたアミノ酸配列のエンド・ポイントを示します。終止コドンが特定のアミノ酸に変換されることを示す「transl_except」の qualifier が無い限り、CDS feature の途中に存在するべきではありません。

CDS feature の途中（下記では黄色で強調表示）に終止コドンが存在し、図106に示すように、終止コドンが特定のアミノ酸に変換されることを示す「transl_except」の qualifier が存在しない場合、ツールはその位置で翻

訳を停止し、翻訳が作成されないことをユーザーに知らせる赤いバナーが表示されます。

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

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

▼ SEQUENCE

```
atg...atca acccagtagt actacaatca tgatcaaccc agtagtacta caatcatgat caaccagta gtactacaat catgatcaac ccagtagtac tacaatcatg atcaaccagc tagt
```

図 86：翻訳 qualifier の自動生成がオン；配列に不適切な終止コドンが含まれている

また、図87に示すように、コード配列に問題があることをユーザーに警告するために、検証レポートにエラーが表示されます。

ERROR: After project verification, some errors or warnings have been detected.

Report generated on 2022-02-12

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

図 87：不適切な内部終止コドンに対する CDS feature エラー

qualifier

featureのqualifierを表示するには、ユーザーはまず、該当する配列のFeatureテーブルから該当するfeatureを選択してください。図108に示した例では、「source」featureの鉛筆アイコンが強調表示されています。

GENERAL INFORMATION SEQUENCES

3	Seq_3	4	AA	Caballerocotyla klawei	No
---	-------	---	----	------------------------	----

SEQUENCE 2

Sequence Number [ID] 2
Sequence Name ST25_221_BINDING_edited_seq_2
Length 237

Molecule Type DNA
Organism Caballerocotyla biparasitica

FEATURES

Add feature

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

図 88 : qualifier 追加／編集ステップ 1

図108に強調表示された鉛筆のボタンをクリックすると、図109に示すように、次のfeatureオーバーレイが開きます。

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 ?

Qualifier Name	Qualifier Value
mol_type	
organism	Caballerocotyla biparasitica

Cancel Update feature

図 89 : qualifier 追加／編集ステップ 2

既存のqualifierは、各行の右側にある鉛筆アイコンをクリックして編集できます(1)。または、ユーザーは [Add qualifier (qualifierを追加)] ボタンをクリックして、現在選択されているfeatureに新しいqualifierを追加できます(2)。

qualifierを編集または追加すると、図110に示す [Qualifier name (Qualifier名)]¹⁰ (ドロップダウンリストから選択) と [Qualifier value (Qualifierの値)] の2つのフィールドがユーザーに表示されます。

図 90 : qualifier 編集パネル

Qualifierの値のフィールドの動作は、qualifierのタイプによって異なります。

- **事前に定義された値を持つqualifier。** 値のフィールドは、次の例（図111）に示すように、ユーザーが qualifierの定義済みの値から1つを選択できるドロップダウンフィールドです。

図 91 : 定義された値を持つ qualifier

- **フリーテキストを含むqualifier。** 値のフィールドはフリーテキストフィールドです。Qualifier名と英語の値のみを有するQualifierの値に加えて、次の例（図112）に示すように、ユーザーが言語コード（「ru」など）の入力と対応する言語の値のNon English Qualifier Value（英語以外のQualifierの値）への入力をできるように、2つの追加のフィールドが表示されます。

¹⁰ スクレオチドおよびアミノ酸のすべての使用可能なQualifierについては、WIPO Standard ST.26 – Annex I, Section 6およびSection8を参照。

The screenshot shows a form with two main input areas. The first is labeled 'Qualifier Name *' and contains the text 'note'. The second is labeled 'Qualifier Value' and contains a note: 'NOTE: this value may require translation for National/Regional procedures.' Below these is a 'Language*' dropdown menu set to 'ru - Russian' and a 'Non English Qualifier Value' field. At the bottom right, there are 'Cancel' and 'Create Qualifier' buttons.

図 92：フリーテキストの値を持つ qualifier

言語コードのフィールドには、プロジェクト詳細情報の「英語以外のフリーテキスト言語コード」と同じ値が割り当てられます。

ユーザーは、手入力により、またはXLIFFファイルから適切な関連言語をインポートすることにより、選択した各言語に対して一連の非英語の値を入力できます。

- **事前に定義された形式のqualifier**。値フィールドはフリーテキストフィールドですが、入力した値はWIPO ST.26 Annex I, Section 6¹¹に記載されている特定の規則と一致することを確認するために検証されます。図113に示されている例では、日付が正しい形式で指定されていません。

The screenshot shows a form with 'Qualifier Name' set to 'collection_date' and 'Qualifier Value' set to '2002-08-'. A red error message box is displayed below the value field, stating: 'Invalid qualifier value format. The value for the qualifier 'collection_date' must have the format 'YYYY-MM-DD', 'YYYY-MM' or 'YYYY'.'

図 93：定義された形式を持つ qualifier⁹⁴

- **使用可能な値のないqualifier**。以下の図114の例に示すように、qualifierの値フィールドは編集できません。

The screenshot shows a form with 'Qualifier Name' set to 'germline' and 'Qualifier Value' field. The value field is disabled, indicated by a grey background and a mouse cursor hovering over it.

図 95：値が許可されていない qualifier

注:

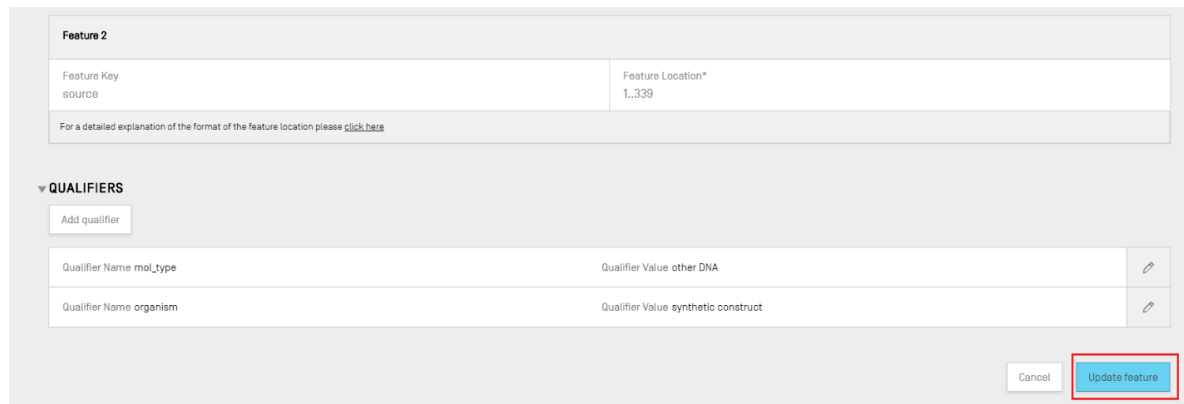
ソースfeatureのfeature位置は、作成後に編集することはできず、mol_typeおよび生物qualifierは編集のみ可能で削除はできません。

完了したら、ユーザーは青色の [Create Qualifier (Qualifierを作成)] ボタンをクリックして新しく作成したqualifier

¹¹ これらのqualifierに関する規則については、WIPO Standard ST.26 – Annex I, Section 6を参照。

を追加するか、または [保存] をクリックして既存のqualifierに加えた変更を保存してください。

最後のステップでは、qualifierの追加／変更が完了したら、ユーザーは図115に示すfeatureオーバーレイの下部にある [Update feature (featureを更新)]ボタンをクリックして進めてください。



The screenshot shows a web interface for editing a feature. At the top, there is a section titled "Feature 2" with a table containing "Feature Key" (source) and "Feature Location*" (1..339). Below this is a link for more details. The main section is titled "QUALIFIERS" and contains an "Add qualifier" button and a table of existing qualifiers. The table has two rows: one with "Qualifier Name" mol_type and "Qualifier Value" other DNA, and another with "Qualifier Name" organism and "Qualifier Value" synthetic construct. Each row has an edit icon. At the bottom right, there are "Cancel" and "Update feature" buttons, with the latter highlighted by a red box.

図 96 : qualifier 編集後の更新 feature

検証レポート

プロジェクトの配列表の検証レポートを開くには、ユーザーはプロジェクトの詳細ビューから、ビューの先頭にあるメニューバーの [VERIFICATION REPORT (検証レポート)]リンクをクリックします。

検証レポートの作成方法の詳細については、図34を参照してください。

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
Automatically add a translation qualifier when a CDS feature is created On	

図 97：検証レポートの確認ステップ 1

プロジェクトの配列表が正しいかどうかに応じて、エラー／警告が作成された図117と、正常に検証された後の図99：検証レポート、エラー／警告なしの2つの結果のビューが表示されます。

Report generated on 2022-01-12

Print Report

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.	-	

図 98：検証レポートの例、エラー／警告

検証レポートは、図117の右上隅にある [Print Report (レポートを印刷)] ボタンをクリックすると、PDFとして

エクスポートできます。作成されたレポートは、図9に示されるように PDFビューに表示されます。

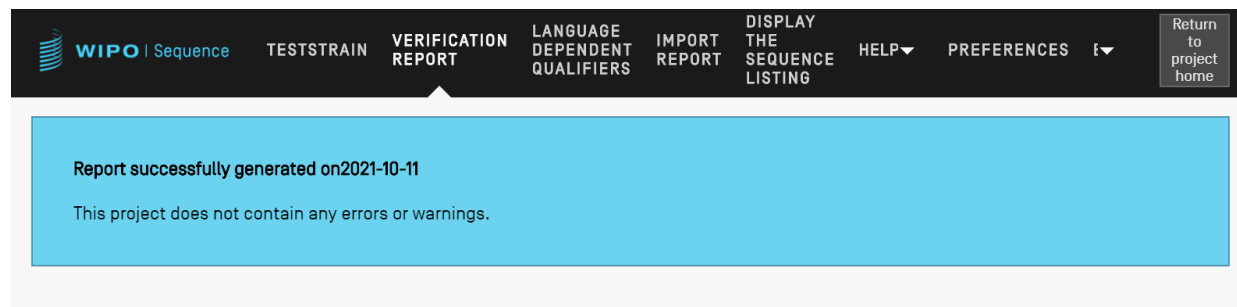


図 99 : 検証レポート、エラー／警告なし

言語依存QUALIFIER

このセクションでは、言語依存QUALIFIERビューで提供される様々な機能について詳しく説明します。プロジェクトで「フリーテキスト」の値を使用可能なqualifierを、プロジェクトページの「言語依存QUALIFIER」ビュー内でさらに参照します。

作業中のプロジェクトに言語依存qualifierを追加すると、図100：言語依存qualifierビューに示すように、このビューにqualifierも表示されます。

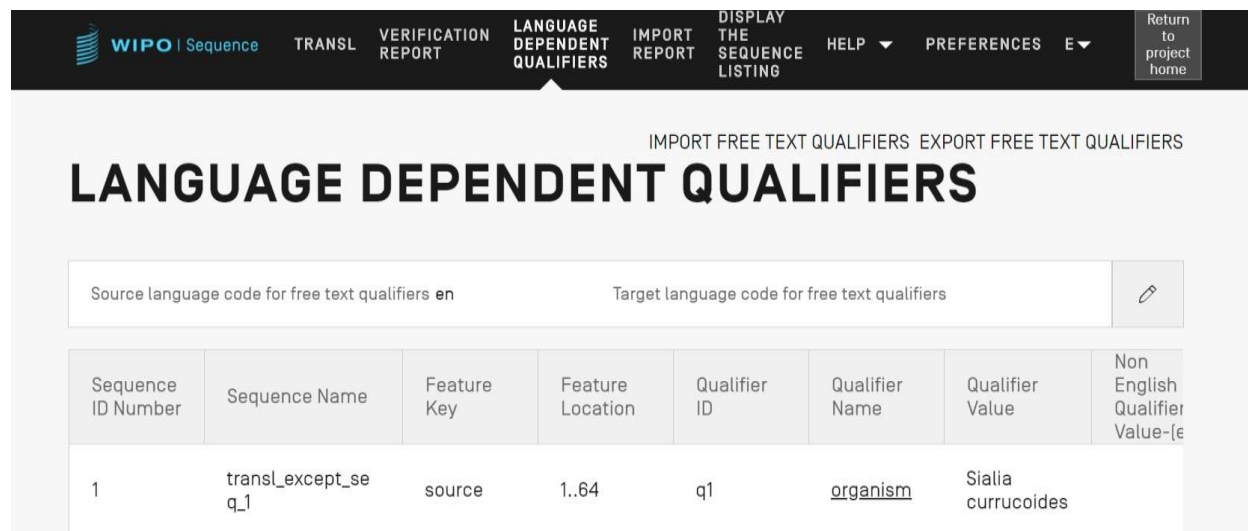


図 100 : 言語依存 qualifier ビュー

図110に示すように、ユーザーは[Qualifier Name (Qualifier名)]の値をクリックすることによって、qualifierの関連付けられた翻訳済みのフリーテキスト値を変更することができます。これにより、テーブルの下部において編集

パネルを含むオーバーレイが開きます。

ユーザーは、フリーテキストqualifier XLIFFファイルのエクスポートのソース言語コードおよびターゲット言語コードを入力する必要があります。エクスポートの後、XLIFF ファイルをWIPO Sequenceに再インポートする前に、翻訳者により、ターゲットの値に対し翻訳された値が翻訳者により入力される必要があります。

フリーテキストQUALIFIERをインポートする

ユーザーが [IMPORT FREE TEXT QUALIFIERS (フリーテキストQUALIFIERをインポート)] ボタンをクリックすると、ツールはファイルエクスプローラーを開き、ユーザーは閲覧の上インポートしたい (.XLIFF) ファイルを探して選択できます。複数の検証ステップを設けることにより、ソースとターゲット言語の値の間で正しいマッピングが実行されていることを確認できます。

選択したファイルには、次のデータ項目が含まれていなければなりません。

- プロジェクトの名称
- ターゲット言語コード
- ソース言語コード
- XLIFF単位要素ごとに、以下を含む：
 - qualifierの一意的なID (形式に従った文字「q」に続く数字)
 - ソース言語タグのqualifierの値
 - ターゲット言語タグのqualifierの値

```
<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
<file original="basic1" datatype="plaintext" source-language="en" target-language="fr">
  <body>
    <trans-unit id="q1" sequenceIDNumber="1" sequenceName="basic_seq_1" featureKey="source" featureLocation="1..26" qualifierName="organism">
      <source>Una virus</source>
      <target>organism fr</target>
    </trans-unit>
    <trans-unit id="q2" sequenceIDNumber="2" sequenceName="basic_seq_2" featureKey="source" featureLocation="1..26" qualifierName="organism">
      <source>Una virus</source>
      <target>organism fr</target>
    </trans-unit>
  </body>
</file>
</xliff>
```

図 101：有効な XLIFF ファイルの例

ユーザーがインポート対象として選択したファイルを確認すると、ツールはユーザーに、一連の検証ステップを確認して続行するかどうかを検証するよう求めます（図121から図125参照）。

- システムは、入力されたファイルのプロジェクト名と選択されたプロジェクトの名前を比較します。

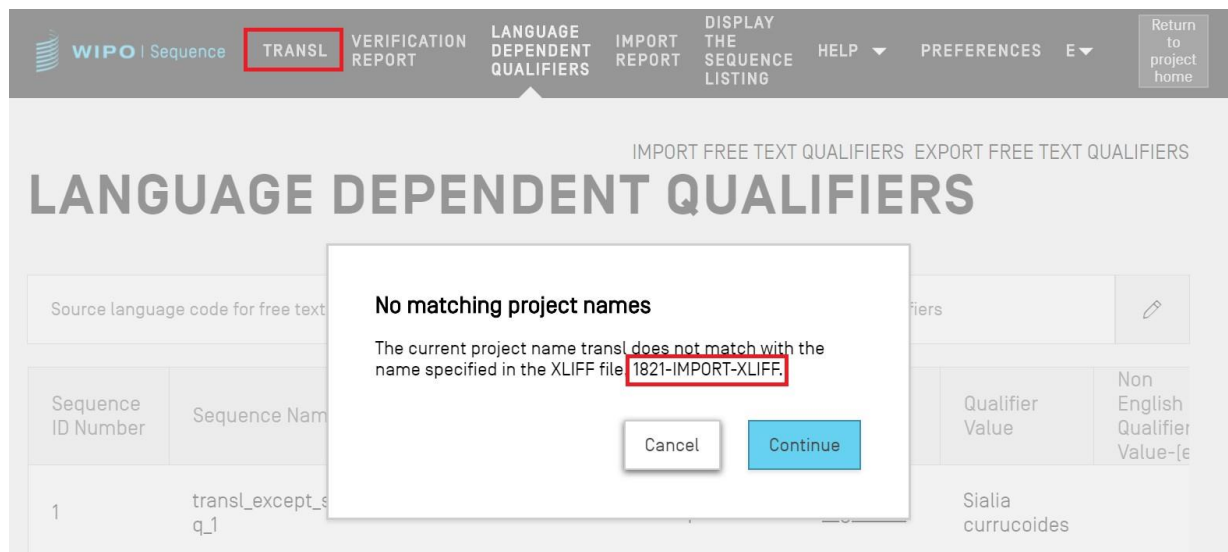


図 102 : プロジェクト名の検証

- マッピングできなかったqualifierがあった場合、システムはユーザーに通知します。

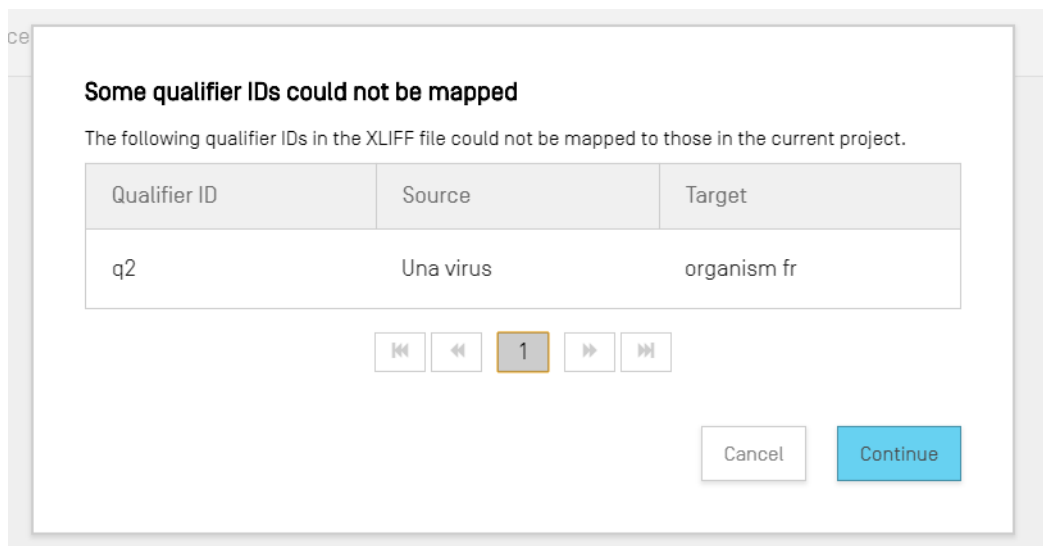


図 103 : qualifier マッピングの検証ステップ

- システムは、ソース言語とQualifierの値に関連する変更をユーザーに通知します。

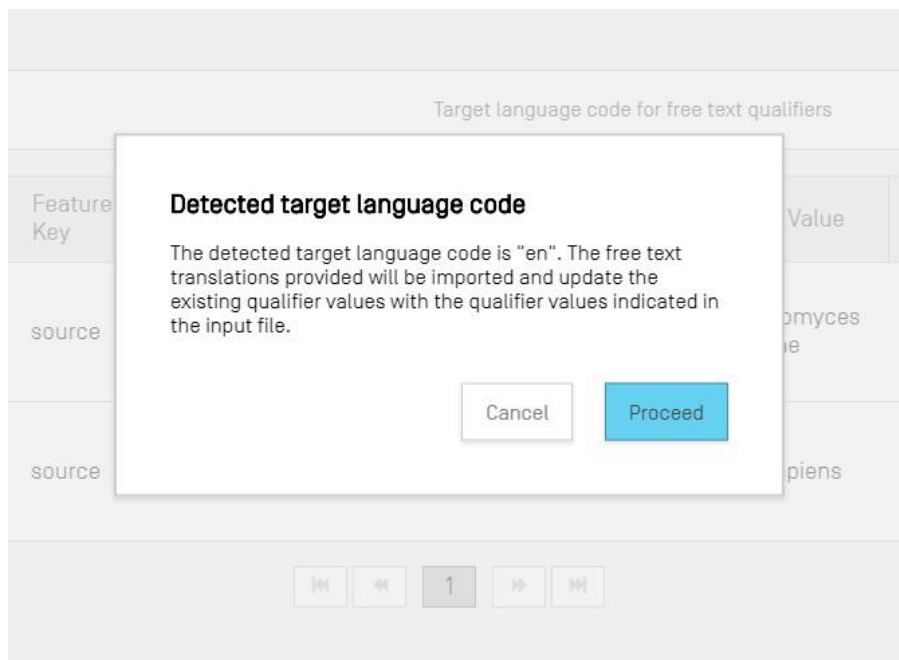


図 104：ソース言語の検証ステップ

- システムは、ターゲット言語とQualifierの翻訳値に関連する変更をユーザーに通知します。

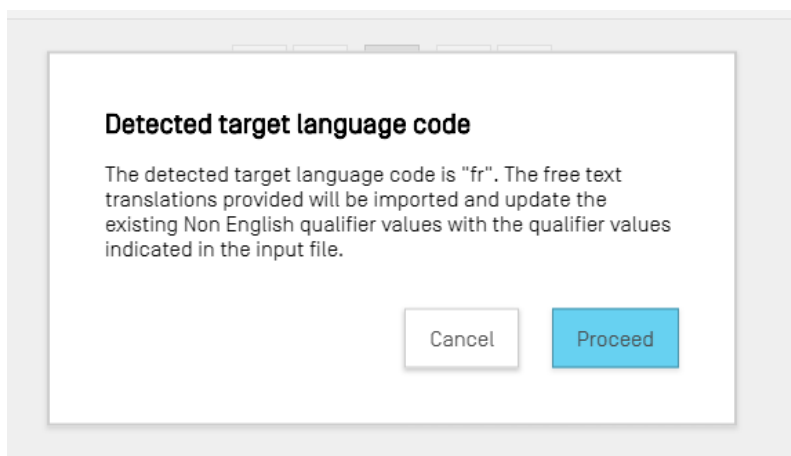


図 105：ターゲット言語の検証ステップ

その後、「SUCCESS: THE FREE TEXT QUALIFIER HAS BEEN IMPORTED SUCCESSFULLY (成功：フリーテキストQUALIFIERは正常にインポートされました)」のバナーが青色で先頭に表示され、これとともに、言語依存フリーテキストqualifierに対し以前インポートされた値と現在インポートされた値の詳細を示

すインポートレポートが表示されます。

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		

図 106 : フリーテキスト qualifier レポートのインポート

ユーザーは図125で強調表示されている [RETURN TO FREE TEXT QUALIFIERS (フリーテキスト QUALIFIERに戻る)] をクリックすると、フリーテキストQualifierビューに戻ることができます。

フリーテキストQUALIFIERをエクスポートする

ユーザーがビューの先頭にある [EXPORT FREE TEXT QUALIFIERS (フリーテキストQUALIFIERをエクスポート)] ボタンをクリックし、ダイアログボックスでqualifierテキストファイルを保存するファイル名と場所を選択すると、プロジェクトのすべてのフリーテキストqualifierがエクスポートされ、XLIFFファイル形式で保存されます。

このファイルには次のものが含まれます :

- プロジェクトのソース言語
- プロジェクトのターゲット言語
- フリーテキストqualifierの値

- 翻訳されたqualifierのフリーテキスト値¹²
- 図119に示す表に示した関連するqualifierおよびfeatureの情報。

このファイルは、図121～125に示す手順に従って適切な翻訳を提供した後、ツールで再度表示、編集、およびインポートができます。

レポートのインポート

このセクションでは、レポートのインポートビューで提供される様々な機能について詳しく説明します。

プロジェクトが配列表（ST.25 または ST.26）からインポートされた場合、またはユーザーがファイル（ST.25、ST.26、マルチシーケンス、RAW、FASTA）から複数の配列をインポートした場合、対応するインポートレポートには、インポートされたデータに対し正しい形式に適合させプロジェクトに含むために加えられたすべての変更を示すテーブルが含まれます。

プロジェクトがインポートプロセスによって作成されず、プロジェクトに配列がインポートされていない場合、インポートレポートビューには図126に示すバナーが表示されます。

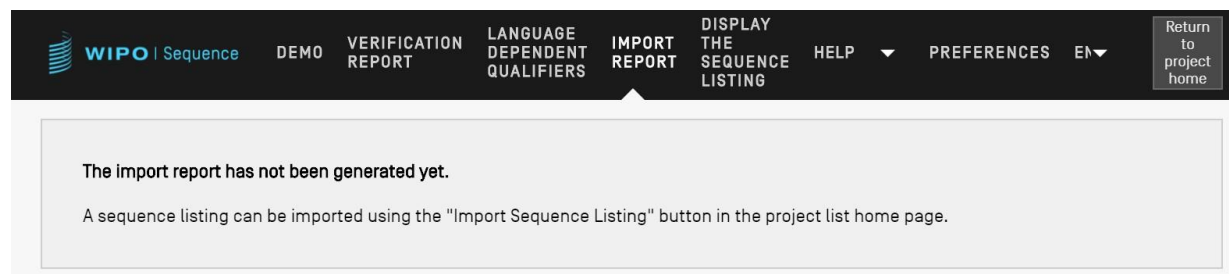


図 107：インポートレポートビュー、インポートなし

インポートが正常に完了し、プロジェクトが作成された場合、ビューには次の2つのテーブルが表示される可能性があります。

- インポートレポートテーブル（図127を参照）
- 変更データテーブル（図128を参照）

インポートレポートテーブル

¹² エクスポート時にプロジェクトで提供される、選択した英語以外のフリーテキスト言語コードの翻訳

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.	

図 108 : インポートレポートの例

インポートレポートテーブルは、ファイルのインポートでエラーが発生した場合にのみ表示され、次の列を含みます。

- **注記のタイプ** : 特定の配列に関連するメッセージの場合の「INDIVIDUAL（個別）」または1つ以上の配列全般については「GLOBAL（全般）」
- **データ要素コード** : ST.25配列表の場合、ソースファイルに基づく
- **メッセージテキスト** : 特定された問題とその修正のために行われた変更（もしあれば）に関する情報を含む詳細なメッセージ
- **検出された配列** : メッセージに関連するインポートされた配列の配列番号（タイプが「INDIVIDUAL（個別）」の場合以外はこのフィールドは空白）

変更データテーブル

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

図 109：変更データテーブルの例

このテーブルには、インポートプロセス中に変換または変更されたデータが表示されます。次のデータが、テーブルの列に表示されます（図108参照）：

- **元タグ**：ST.25配列表の場合、要素タイプのデータ要素コード
- **元要素名**：要素タイプの対応する名称
- **元要素値**：ソースファイル内の元の要素の対応する値
- **ターゲット要素名**：プロジェクトに情報を保存する予定の、対応するST.26要素名
- **ターゲット要素値**：プロジェクトのターゲット要素名に設定される値
- **変換**：要素に加えられた変更／変換の説明
- **配列ID番号**：プロジェクト内の変換された要素の関連する配列のID番号。

配列表を表示

このセクションでは、「配列表を表示」ビューで提供される機能について詳しく説明します。

WIPO Sequenceを使用することで、ユーザーはXMLではなく人間が読める形式で配列表を作成できます。「配列表の表示」ビューにアクセスすると、配列表ファイルが正常に作成されたことを示す青色のバナーと、前述の配列表を（.html）または（.txt）形式で表示するための2つのオプションが最初に表示されます（図129参照）。

配列表の作成方法のさらなる詳細については、図63を参照してください。



図 110：配列表の表示、作成成功

あるプロジェクトで配列表が正常に作成されなかった場合、配列表の表示ビューでは [Display Sequence Listing（配列表を表示）] ボタンと [Export Sequence Listing as .txt file（配列表を.txtファイルとしてエクスポート）] ボタンが無効になり、図130に示すエラーがユーザーに表示されます。

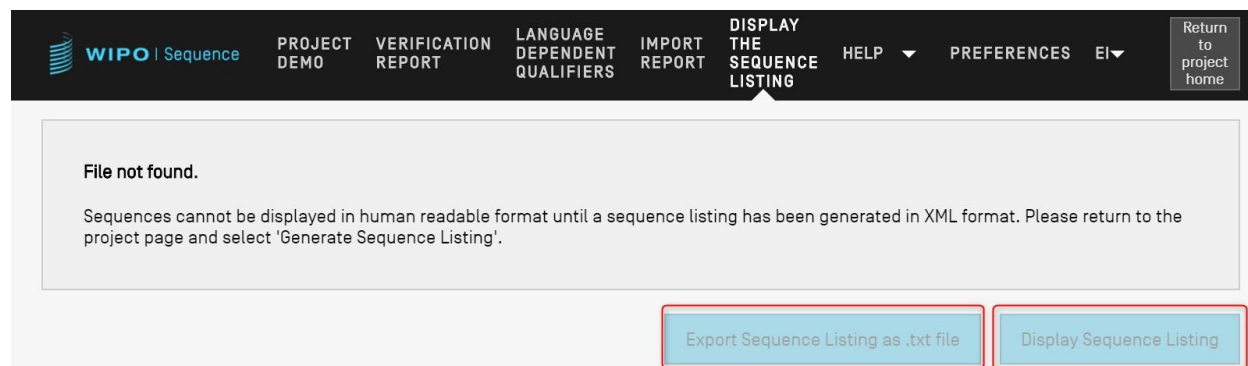
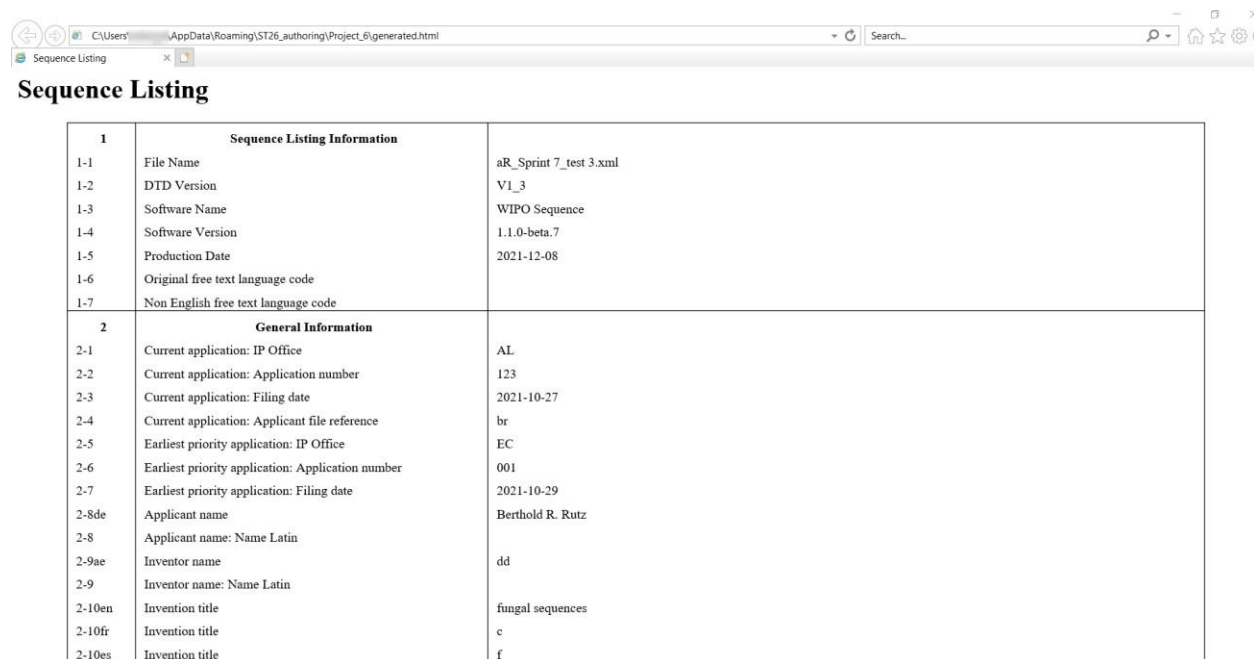


図 111：配列表の表示：ファイルが見つかりません

ユーザーが [Display Sequence Listing（配列表を表示）] ボタンをクリックすると、HTMLファイルがデフォルトのブラウザで開きます。これにより、ST.26準拠XMLファイルのフォーマット済みビューが表示されるため、特定のフィールドの値がユーザーによりわかりやすくなります。図131に例を示します。

注：

配列表を別の言語で表示するには、再度配列表を作成してください。まず、一般情報のセクションで、新しい英語以外のフリーテキスト言語コードを指示する必要があります。そうすると、上記の各ステップを繰り返すことができます。



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	fungus sequences
2-10fr	Invention title	c
2-10es	Invention title	f

図 112：配列表の表示、HTML の例

注：ユーザーが別の場所にファイルをコピーした場合、HTML ファイルの場所はユーザーのブラウザのナビゲーションバーに表示されます。

ユーザーが [Export Sequence Listing as .txt file (配列表を.txtファイルとしてエクスポート)] ボタンをクリックすると、txtファイルが開きます。これにより、ST.26準拠XMLファイルのフォーマット済みビューが表示されるため、特定のフィールドの値がユーザーによりわかりやすくなります。図130に例を示します。

```
Sequence Listing Information:
  DTD Version: V1_3
  File Name: validSTS.xml
  Software Name: WIPO Sequence
  Software Version: 1.1.0-beta.7
  Production Date: 2021-07-06
General Information:
  Current application / IP Office: US
  Current application / Application number: 1231123343
  Current application / Filing date: 2019-05-02
  Current application / Applicant file reference: app_file_ref
  Earliest priority application / IP Office: US
  Earliest priority application / Application number: 1231123343
  Earliest priority application / Filing date: 2019-04-30
  Applicant name: Vault Tec
  Applicant name / Language: en
  Inventor name: Vault Tec
  Inventor name / Language: en
  Invention title: FEV ( en )
  Invention title: fdf' ( ru )
  Sequence Total Quantity: 3
Sequences:
  Sequence Number (ID): 1
  Length: 368
  Molecule Type: DNA
  Features Location/Qualifiers:
    - source, 1..368
      > mol_type, other DNA
      > organism, synthetic construct
    - STS, 1
    - STS, 2..4
  Residues:
  atcatgctaa tcatgctagc tagtagctga tgatcatgct agcatcatgc taatcatgct 60
  agctagtagc tgatgatcat gctagctagt agctgatgat catgctagct agtagctgat 120
  gatcatgcta gctagtagct gatgatcatg ctagctagta gctgatgata atgctagcta 180
  gtagctgatg atcatgctag ctagtagctg atggctagta gctgatgtag tagctgatga 240
  tcatgctagc tagtagctga tgatcatgct agctagtagc tgatgatcat gctagctagt 300
  agctgatgat catgctagct agtagctgat gatcatgcta gctagtagct gatggctagt 360
  agctgatg                                     368

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

図 113 : 配列表の表示、TXT の例

XML 形式で生成された配列表のサイズが100Mbより大きい場合は、配列表を HTML 形式で表示する代わりに、図133に示されるHTML ページが表示されます。



図 114 : 配列表の表示 : HTML が大きすぎて表示できません

5 ファイル形式

WIPO Sequenceにインポートできるファイル形式は以下のとおりです。

ST.25

WIPO Standard ST.25ファイルの形式の詳細については、下記を参照してくだ

さい。 <https://www.wipo.int/export/sites/www/standards/en/pdf/03-25->

[01.pdf](#)

マルチシーケンス

マルチシーケンス形式は、1つまたは複数の配列をそれらの名称、分子型、生物の名称とともに記述することができ、*PatentIn*を使用したインポートに使用可能なフォーマットの1つです。¹³

空白でないテキストの最初の行はヘッダーであり、次の構成要素から構成されています。

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

配列データは、ヘッダーの後の行から始まります。新しい配列は、前の配列の遺伝暗号の後ろでファイル内の新しい行に記述されます。以下は、マルチシーケンス形式で定義された2つの配列のセットの例です。

例：

```
<第1配列; RNA; Albies alba>
```

```
uuuucuuauuguuuucuccuacugcuuaucauaaugauugucguaguggcuuccucaucgucucccccacc  
gccuaccacaacgacugccgcagcggauuacuaauaguaucaccaacagcauaacaaaaagaugacgaa  
gagggguugcugauggugucgccgacggcguagcagaaggaguggcggagggg
```

```
<第2配列; DNA; Albies alba>
```

```
attgaugtuagtgauugugtautgaugtuagutguagtautgaugtauuaauaugtggtgagututuga  
uatguaautgautugtugutattgaugtuagtgauugugtautgaugtuagutguagtautgaugtauua
```

¹³ https://www.uspto.gov/sites/default/files/patents/resources/tools/checker/patentin351_20110214_6_.pdf

```
auuaugtgggtgagututugauatgaaautgautugtugutuagt
```

RAW

この形式では、1つの配列のみ記述できます。遺伝暗号はその基本形で書かれており、追加情報はありません。インポート時には、分子型、feature、名称をツールから配列に追加してください。

例：

```
aggatatagatagtatatgatagtagtatgatgatgatgtatgtatagtagttatga
```

FASTA

この形式には残基と説明が含まれており、ユーザーはインポート時に説明をnote qualifierとして保存することを選択できます。

1つの配列を含むFASTAファイル

```
>AJ011880.1 人工オリゴヌクレオチド配列SSRプライマー (CAC13R)
```

```
CTCAACAATCTGAAGCATCG
```

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/3724029?report=fasta> を参照（2017年5月22日アクセス）

以上