



PatentIn 3.5.1 ユーザーズマニュアル

承認者：

プログラママネージャ

日付

Robert Vanni

2010年12月3日

作成者：
米国特許商標庁

作成者：
Computer Sciences Corporation
2051 Jamieson Avenue - Suite 500
Alexandria, Virginia 22314



文書確認	
文書タイトル	PatentIn 3.5.1 ユーザーズマニュアル
CDRL	PTO-SP-03
USPTO Contract	DOC50PAPT0501005
タスクオーダータイトル	PatentIn 3.5.1
タスクオーダータイプ	単体
タスクオーダー番号	CSCS-07-61

バージョン管理履歴

バージョン管理番号	変更有効日	変更内容	該当ページ	署名権限
N/A	11/10/98	Lockheed Martin Corporation が新規作成した文書	全文書	J. Paccassi
ドラフト 1.0	06/03/99	CSC が作成した新規文書	全文書	J. Paccassi
バージョン 1.0	09/16/99	機能品質テスト (FQT) による USPTO のコメントと更新内容の組み込み	i、ii、1v、3-5、3-6、4-2、4-3、4-5、4-6、5-2、5-3、5-5、6-2、6-4、6-7、7-2、7-3、8-3 ~ 8-9	J. Paccassi
バージョン 1.1	06/02/00	JAVA から C++ への変更に伴う文書更新	全文書	J. Paccassi
バージョン 1.2	06/22/00	FQT による USPTO の更新内容の組み込み	3-5、3-10、5-4、5-10、6-2、8-4	J. Paccassi
バージョン 2.0	01/26/01	PatentIn 3.1 リリース	全文書	J. Paccassi
バージョン 2.1	04/27/01	PatentIn 3.1 に更新	全文書	J. Paccassi
バージョン 2.2	10/16/03	PatentIn 3.2 に更新	全文書	J. Paccassi
バージョン 2.3	03/18/04	PatentIn 3.3 に更新	全文書	J. Paccassi
バージョン 2.4	07/30/04	PatentIn 3.3 に更新	5-16	S. Babil
バージョン 2.5	06/14/06	PatentIn 3.4 に更新	全文書	S. Babil
バージョン 2.6	10/09/2007	PatentIn 3.5 に更新	全文書	S. Babil
バージョン 2.7	11/15/2010	PatentIn 3.5.1 に更新	5-2、J-3、J-4	M. Thomas

摘要

本ユーザーズマニュアル (UM) は、UM のデータ品目明細書 (DID) に準拠していない。その代わりに、Web PatentIn (WPI) Task Management Plan (TM02) バージョン 1.1 の第 2.4.4.6 項の要求通り、マニュアルを最初に作成した書式にて更新される。

本ユーザーズマニュアルは、PatentIn 3.5.1 の変更を反映させるために、タスクオーダー番号 CSCS-07-61 に基づく米国特許商標庁 (USPTO) の指示により更新されている。

目次

セクション 1 序文	1-2
1.1 目的	1-2
1.2 表記規則	1-2
1.3 概要	1-2
セクション 2 システム要件とPatentIn 3.5.1 の入手	2-1
2.1 システム要件	2-1
2.2 PatentInの入手	2-1
セクション 3 起動	3-1
3.1 配列画面	3-1
3.2 Project Menu	3-2
3.3 新規プロジェクトの作成および保存	3-2
3.4 プロジェクトを開く	3-3
3.5 プロジェクトの保存	3-4
3.6 ワークファイルの表示	3-5
3.7 進行状況の表示	3-6
3.8 配列表の表示	3-6
3.9 エラーレポートの表示	3-8
3.10 配列の名前変更	3-8
3.11 PatentInの終了	3-9
3.12 オンラインヘルプの使用方法	3-9
3.13 メッセージダイアログ	3-10
セクション 4 プロジェクトおよび出願データ	4-1
4.1 Application Stepsメニュー	4-1
4.2 プロジェクトデータ	4-1
4.3 Prior Application Information	4-2
4.4 Applicant Data	4-4
4.4.1 Individual Applicants	4-4
4.4.2 Organization Applicants	4-6
セクション 5 配列データ	5-1
5.1 配列	5-1
5.1.1 標準生物の選択	5-2
5.1.2 「n」 および「Xaa」のデフォルト説明の作成	5-3
5.1.3 配列の検索	5-3
5.1.4 画面のクリア	5-3
5.2 配列の追加	5-4
5.3 配列のインポート	5-5

5.3.1	PatentIn 3.5.1 でインポートするマルチ配列データファイル（非ST.25 配列表ファイル）の形式.....	5-6
5.3.2	PatentIn 3.5.1 でインポートする単一配列データファイルの形式.....	5-7
5.3.3	プロジェクトからの配列のインポート.....	5-9
5.3.4	PatentInで作成されたST.25 配列表ファイルからの配列のインポート.....	5-9
5.4	配列のコピー.....	5-15
5.5	配列の貼り付け.....	5-15
5.6	配列の削除.....	5-16
5.7	配列のスキップ.....	5-16
5.8	配列の復元.....	5-16
5.9	配列の並べ替え.....	5-17
5.10	配列の型の変更.....	5-19
5.11	配列の確認.....	5-19
5.12	配列の保存.....	5-20
5.13	保存したプロジェクトのリロード.....	5-20
5.14	Custom Codonsの追加.....	5-20
5.15	Custom Organismの追加.....	5-21
5.16	人工的な配列または未知の生物.....	5-23
セクション 6 特徴データ		6-1
6.1	配列の特徴.....	6-1
6.1.1	Feature Key選択.....	6-2
6.1.2	Modified_Baseに必要な追加情報.....	6-3
6.1.3	CDS（コード配列）に関する追加情報.....	6-4
6.1.4	「N」または「Xaa」の詳細定義.....	6-5
6.1.5	アミノ酸の選択.....	6-5
6.1.6	MOD_RESに関する追加情報.....	6-6
セクション 7 文献データ		7-1
7.1	文献種類の画面.....	7-1
7.2	Journal文献情報.....	7-2
7.3	Databases文献情報.....	7-3
7.4	Patent文献情報.....	7-5
7.5	Theses文献情報.....	7-6
セクション 8 配列表プロジェクトファイルの作成		8-1
8.1	配列表ファイル.....	8-1
8.2	配列表ファイルの作成.....	8-1
8.3	配列表ファイルの表示.....	8-2
8.4	配列表をディスクにコピーする.....	8-3
セクション 9 略語一覧		9-1

Appendix A	フィールドの識別名、長さ、タイプ	A-1
Appendix B	国コード	B-1
Appendix C	ヌクレオチドトリプレット (コドン) と 1 文字および 3 文字の アミノ酸コードの変換表	C-1
Appendix D	ヌクレオチド配列の特徴	D-1
Appendix E	アミノ酸配列の特徴	E-1
Appendix F	MOD_Res配列の特徴のデータ表	F-1
Appendix G	追加の脂質配列の特徴	G-1
Appendix H	配列明細フィールドの有効な文字	H-1
Appendix I	追加のModified_Base配列の特徴	I-1
Appendix J	技術注記	J-1
J.1	Microsoft® Access に関する注記.....	J-1
J.1.1	Microsoft® Access 97 のインストール.....	J-1
J.1.2	使用上のヒント.....	J-1
J.2	一般的なヒント.....	J-2
J.3	インストールおよびテストに関する注記.....	J-2
J.3.1	PatentInのインストールおよびRepair.....	J-2
J.3.2	コンフィギュレーションのテスト.....	J-3
J.3.3	Internet Explorerに関する注意事項.....	J-4

図一覧

図 3-1	配列画面.....	3-1
図 3-2	Projectメニュー.....	3-2
図 3-3	Save As画面.....	3-3
図 3-4	Open画面.....	3-4
図 3-5	Save As画面.....	3-5
図 3-6	Work in Progressウィンドウの表示.....	3-6
図 3-7	Sequence Listingウィンドウの表示.....	3-7
図 3-8	Error Reportウィンドウの表示.....	3-8
図 3-9	Rename Sequence画面.....	3-8
図 3-10	PatentIn終了画面.....	3-9
図 3-11	Help画面.....	3-10
図 3-12	メッセージダイアログ画面.....	3-10
図 4-1	Application Stepsメニュー.....	4-1
図 4-2	Project Data画面.....	4-2
図 4-3	Prior Application Information画面.....	4-3
図 4-4	Applicant Data画面.....	4-4

図 4-5 : Individual Applicants画面	4-5
図 4-6 : Organization Applicants画面	4-7
図 5-1 : 配列画面	5-1
図 5-2 : Selecting an Organism画面	5-2
図 5-3 : Add a Sequence画面	5-4
図 5-4 : Import Sequence(s)画面	5-5
図 5-5 : ASCII配列データの例	5-7
図 5-6 : Sequence Type Selection画面	5-7
図 5-7 : Sequences Being Imported画面	5-8
図 5-8 : Varidation Errors画面	5-8
図 5-9 : Select Sequences to Import画面	5-9
図 5-10 : 新規プロジェクトへのインポートのメッセージダイアログ画面	5-10
図 5-11 : プロジェクト保存画面	5-10
図 5-12 : Parsing Applicant Names画面	5-11
図 5-13 : すべての名前を追加したときのメッセージダイアログ画面	5-12
図 5-14 : Skipped Sequence Type Selection画面	5-13
図 5-15 : Invalid Sequence Type Encountered画面	5-13
図 5-16 : Select Sequences to Import画面	5-14
図 5-17 : Editメニュー	5-15
図 5-18 : Sequence Recovery画面	5-17
図 5-19 : Reorder Sequence画面	5-18
図 5-20 : Change Sequence Type画面	5-19
図 5-21 : Custom Codons入力画面	5-20
図 5-22 : Amino Acidドロップダウンリストの画面	5-21
図 5-23 : Custom Organism入力画面	5-22
図 5-24 : Artificial Sequence/Unknown Organismコメント	5-23
図 6-1 : Features画面	6-1
図 6-2 : Feature Names/Key選択画面	6-3
図 6-3 : Modified Baseを表示したFeature Names/Key Selection画面	6-4
図 6-4 : LIPIDを表示したFeature Names/Key Selection画面	6-5
図 6-5 : MOD_RESが選択されたFeature Names/Key Selection画面	6-6
図 6-6 : 1番目のMOD_RESプルダウンリスト	6-7
図 6-7 : 2番目のMOD_RESプルダウンリスト	6-8
図 7-1 : 文献種類の画面	7-1
図 7-2 : Journals文献情報画面	7-2
図 7-3 : Database文献情報画面	7-4
図 7-4 : Patents文献情報画面	7-5
図 7-5 : Theses文献情報画面	7-6
図 8-1 : Sequence Generation画面	8-1
図 8-2 : 2番目のSequence Generation画面	8-2
図 8-3 : 表示結果ウィンドウ	8-2

図 8-4 : ディスクへのコピー画面 8-3

図J-1 : PatentInのRepairおよびアンインストール..... J-3

表一覧

表 1-1 : 文書表記法 1-2

表 5-1 : 配列のヘッダー 5-6

表 9-1 : 略語 9-1

表A-1 : フィールド名、識別子、長さ、タイプ A-1

表B-1 : 国コード..... B-1

表C-1 : ヌクレオチド文字とアミノ文字の変換..... C-1

表D-1 : ヌクレオチド配列の特徴 D-1

表E-1 : Amino Acid Sequence Features E-1

表F-1 : MOD_RES配列の特徴に対する最初のデータ表 F-1

表F-2 : MOD_RES配列に対する第2のデータ表 F-1

表G-1 : 追加の脂質配列の特徴 G-1

表H-1 : 配列明細フィールドの有効な文字 H-1

表I-1 : Modified_base配列の特徴..... I-1

セクション 1 序文

1.1 目的

PatentIn は、特許出願手順に含ませる配列表の作成を支援する。PatentIn は、シーケンスに関するデータを受け取り、そのデータを確認し、配列表、および印刷や提出用のリムーバブルメディアへの保存のメカニズムを作成する。本マニュアルでは、PatentIn の使用方法について説明する。

1.2 表記規則

本マニュアル全体を通して、一貫した視覚的な合図および標準キーボード操作を使用する。これらの表記規則は表 1-1 に示される。

表 1-1 : 文書表記法

表記	意味	例
太字タイプ	機能名、ファイル名、メニュー項目名、またはプログラミング構成名。	Exit. をクリックする。

1.3 概要

PatentIn は、米国特許商標庁 (USPTO) への核酸やポリペプチド配列を含む特許出願の作成を迅速に処理するために設計されたコンピュータプログラムである。

PatentIn は、世界知的所有権機関 (WIPO) ST.25、および関連する米国 (US) の最終規則の「ヌクレチオド配列またはアミノ酸の開示」に規定されているすべての形式要件に準拠している。本アプリケーションは Windows XP/Windows Vista/Windows 7 上で動作し、画面は英語で表示される。PatentIn によって作成される配列表は ST.25 に準拠しているため、本プログラムは世界中で使用できる。

使い勝手を良くするために、標準の Windows ユーザーインターフェース規約に準拠して設計されている。

PatentIn には次のツールが準備されている。

- 配列エディタ

PatentIn 内の主なツールは配列エディタであり、これを使用すると、核酸およびタンパク質の配列表の入力と変更、および PatentIn で生成した ST.25 配列表ファイルまたは別のエディタやワープロで作成された配列データファイル (情報交換用米国標準コード (ASCII) で保存されている場合に限り) のインポートを実行できる。

PatentIn で作業する場合は、データを任意の順序で入力でき、また、配列表データをいつでも追加、削除、および変更できる。部分的に完成されたプロジェクトを保存して、後で完成させることもできる。PatentIn では、特定のマシンや装置

上にプロジェクトを置いたり残しておく必要はない。ユーザーは、クライアントとの間でファイルを互いに電子メールで自由に送信して、クライアントがファイルを見直しまたは更新できるようにする。

- **配列ジェネレータ**

特許出願に必要なすべてのデータを入力したら、PatentIn によって出願書類を作成できる。出願書類は、コンピュータ可読の ST.25 に準拠した、配列表ファイルが含まれているファイルからなる。

セクション 2 システム要件と PatentIn 3.5.1 の入手

2.1 システム要件

PatentIn は、USPTO ウェブサイトからダウンロードできる自己完結型のアプリケーションである。PatentIn は、Windows XP、Windows Vista および Windows 7 の環境で動作する。最小 512 MB のメモリが必要である。大きな特許出願書類を作成する場合は、さらにメモリが必要になることがある。100,000 の配列または約 12 MB の配列を有するプロジェクトのような大規模のプロジェクトの場合に最良の性能を得るには、1 ギガバイト (GB) のメモリが推奨される。PatentIn 3.5.1 をインストールするために必要なディスクの空領域は、約 6.5 MB である。プロジェクトファイルや配列表ファイルを保存するには、さらにディスクの空領域が必要になる。

PatentIn が正常に動作するためには、「TMP」環境変数が有効なディレクトリを示す必要があり、また、「PATH」環境変数のパスにディスクオペレーティングシステム (DOS) バックアップコマンドが含まれている必要がある。ほとんどの Windows は、これらの要件を満たすようにインストールされている。

非常に大きな配列や多数の配列を処理する場合の特別注記：USPTOは、非常に大きなテキストファイルを適切に処理するビューアをウェブサイトに置いている。60 日限定評価版がwww.fileviewer.com/ からダウンロードできる。ビューアの名前は「V」、バージョンは 2000 SR-1 である。USPTOは、Vソフトウェアの初期バージョンを使用して 60 MB および 120 MB のファイルを正常に開けることができた。ビューアは Windows 98 搭載のラップトップ型 PC で試験された。(インストールには LocalAdmin が必要な場合がある。)

2.2 PatentIn の入手

PatentIn は、個別のコンピュータにインストールするように設計されている。PatentIn は必要に応じてパーソナルコンピュータ (PC) にダウンロードでき、プロジェクトファイルはリモートで保存できる。プログラムは、次の URL の USPTO ウェブページからダウンロードできる。<http://www.uspto.gov/web/offices/pac/patin/patentinrel.htm>。PatentIn 3.5.1 のインストール前にコンピュータ上で動作しているすべてのアプリケーションを閉じ、ウェブページ上に表示される指示に従い、PatentIn 3.5.1 をダウンロードして PC にインストールする。インストールが終了すると、デスクトップ上にアイコンが配置される。PatentIn 3.5.1 アイコンをダブルクリックすると、PatentIn 3.5.1 アプリケーションプログラムを使用できる。

セクション 3 起動

3.1 配列画面

まずデスクトップ上の PatentIn 3.5.1 アイコンをダブルクリックして PatentIn を起動すると、直ぐに配列画面が表示される。

配列画面（図 3-1）がメイン画面である。

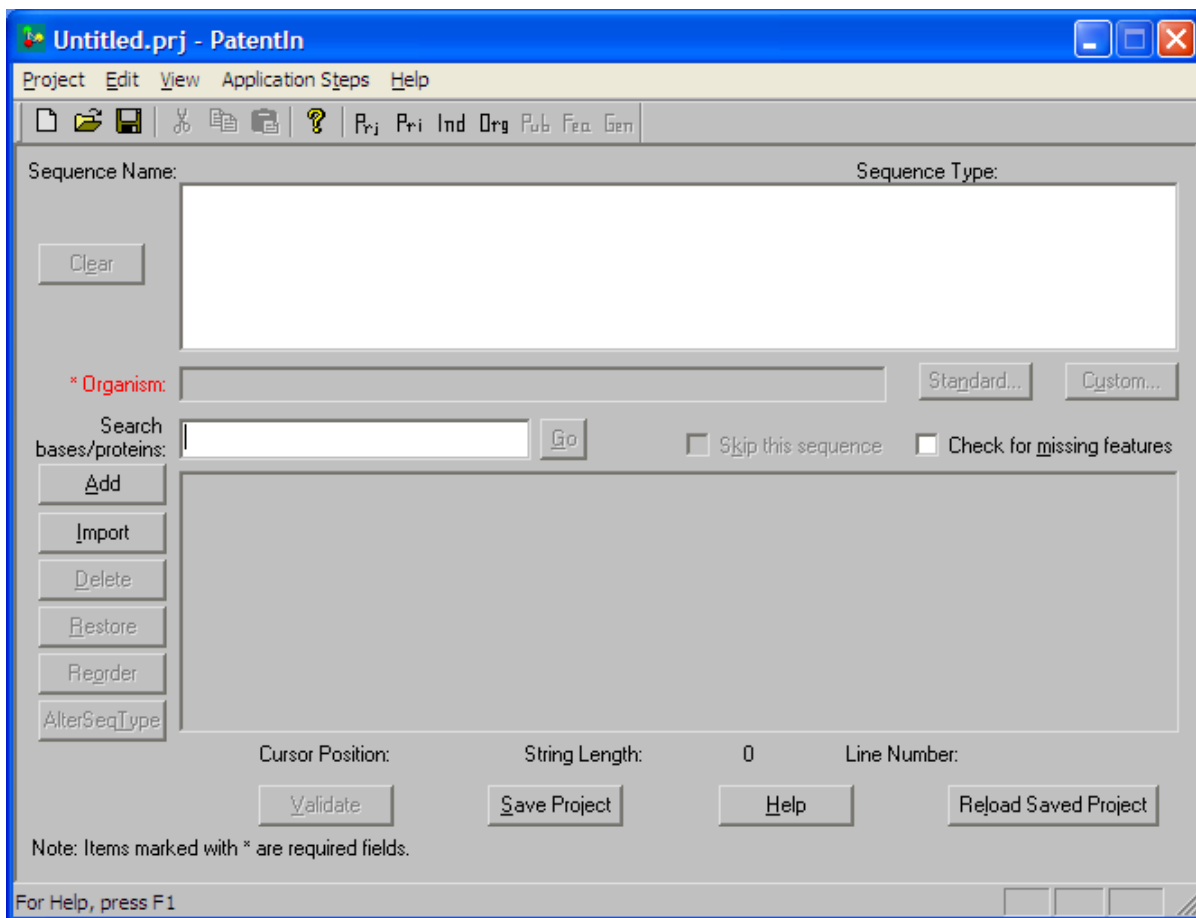


図 3-1 : 配列画面

配列画面（図 3-1）には、5つのドロップダウンメニューがあり、そのうちの3つのメニューを使用すると、リアルタイムシステムインターフェイスにアクセスできる。上記のドロップダウンメニューは、Project、Application Setup、および Help である。残りの2つのドロップダウンメニューは Edit と View であり、Microsoft (MS) Windows の一般的なメニューである。プロジェクトが開始されると、3つのドロップダウンメニューのいずれかを選択できる。PatentIn では、起動時に「Untitled」という名前の空プロジェクトが表示される。Project メニュー（図 3-2）を使用すると、既存プロジェクトを開くことができる。

3.2 Project Menu

Projectメニュー（図 3-2）では、プロジェクトを作成および保存できる。「**Save**」を選択すると、新規プロジェクトを作成および保存できるSave As画面（図 3-5）が表示される。「**Open**」を選択すると、以前に保存されたプロジェクトを選択して開くことができるOpen画面（図 3-4）が表示される。「Exit PatentIn」を選択すると、アプリケーションは終了する。プロジェクトを開く必要があるメニュー項目、または出力ファイルを示す必要があるメニュー項目は、それらの条件が満たされるまでグレーアウトされる。

Projectメニューの選択項目は、図 3-2 に示される。Projectメニューの下に選択可能なメニュー項目が表示され、画面の左上隅にアクティブなプロジェクト名が表示される。この場合、まだプロジェクトを開いてなかったり保存していなかったりしているため、Untitled と表示されている。

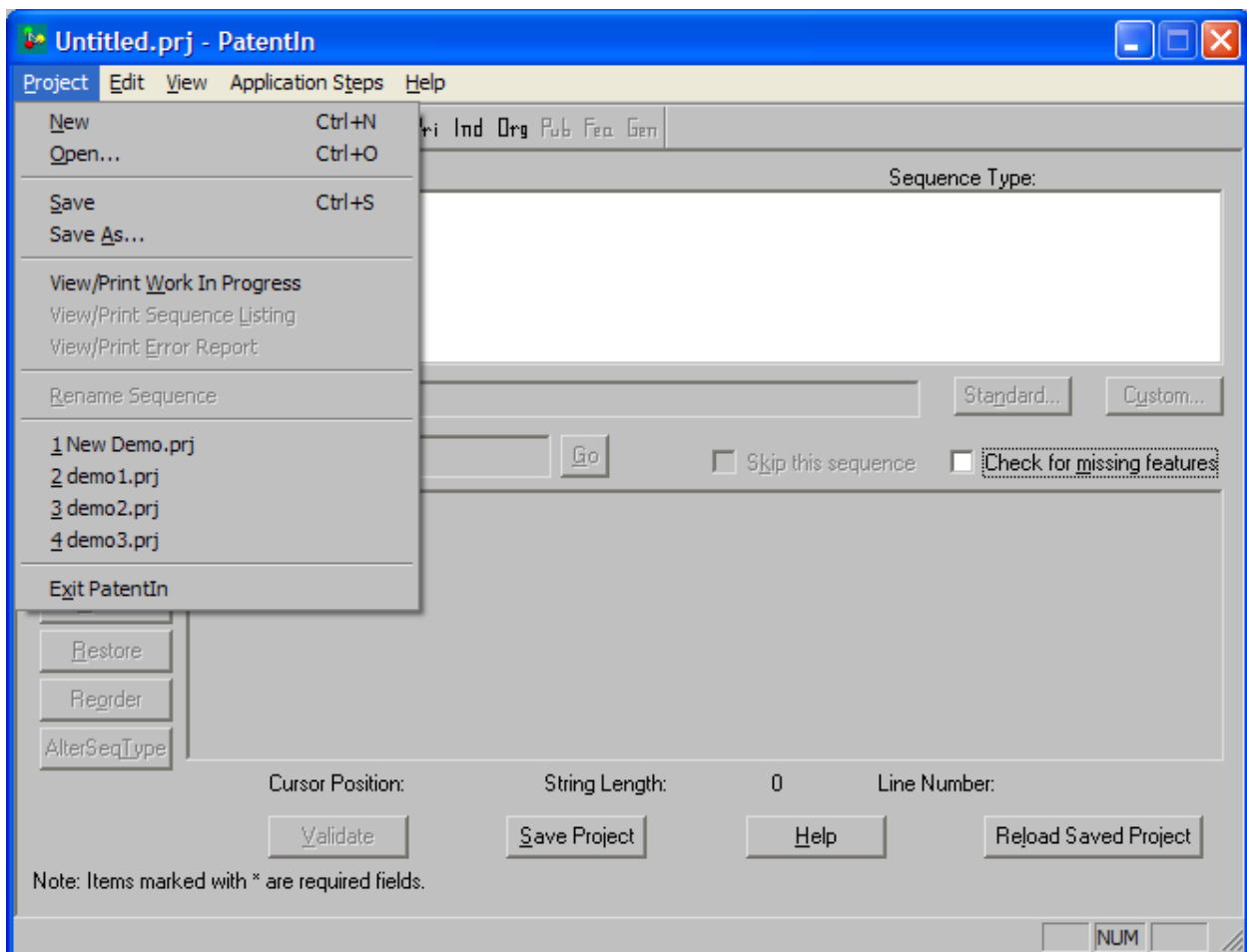


図 3-2 : Project メニュー

3.3 新規プロジェクトの作成および保存

新規プロジェクトを作成および保存するには、メイン画面である配列画面が開いた後に新規ファイル作成する。つまり、次の手順を実行する。

1. **Project** メニューから **New** を選択する。この操作により、現在のプロジェクト情報がすべてクリアされる。
2. **Project**メニューから**Save**を選択する。**Save As**画面（図 3-3）が表示される。
3. 所望のフォルダ内の **File Name** ダイアログボックスに、新規ファイル名を入力する。
4. **Save** をクリックして、新規ファイルを作成する。
5. 新規プロジェクトの名前が画面の左上隅に表示される。

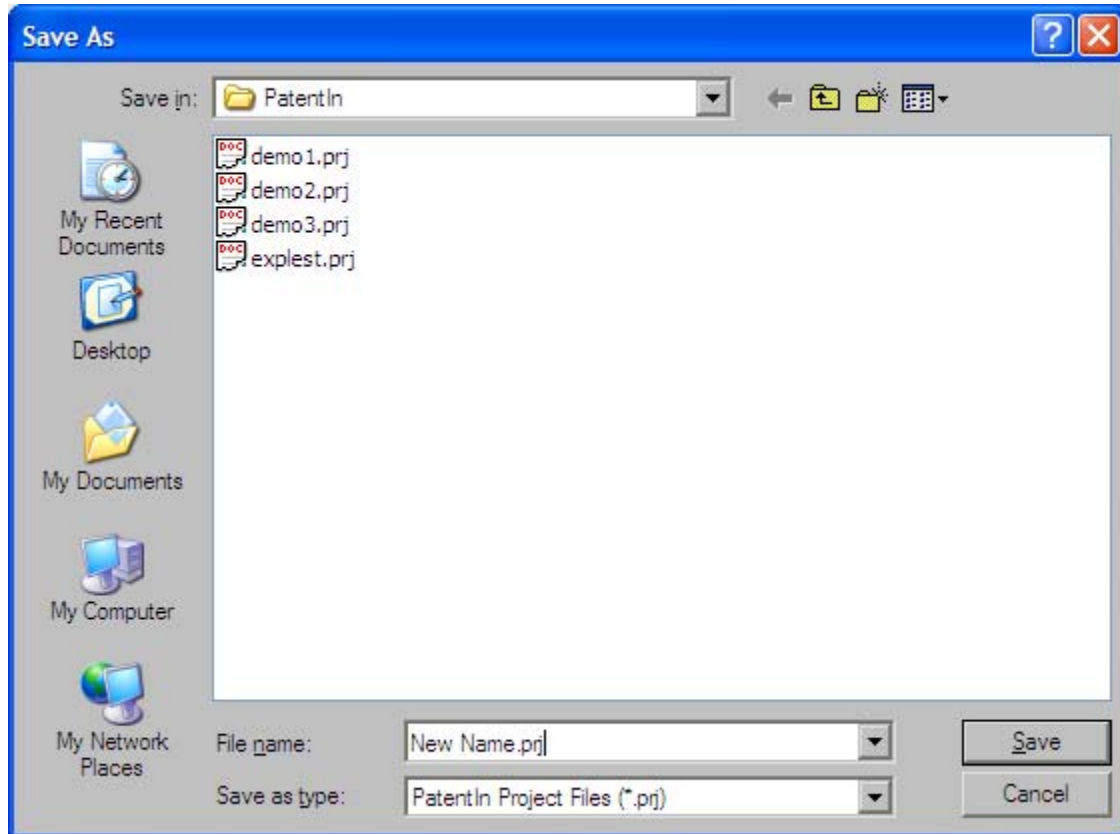


図 3-3 : Save As 画面

注記 : **Save** も **Save As** もプロジェクトファイル (*.prj) だけを保存する。プロジェクトが作成されると、作成された配列がテキストファイルとして保存される。

3.4 プロジェクトを開く

既存のプロジェクトを開く方法 :

1. **Project** メニューから **Open** を選択する。**Open** 画面（図 3-4）が表示される。
2. ファイルがあるディレクトリを開く。
3. ファイル名をダブルクリックして、ファイルを開く。
4. メイン画面に戻る。開かれたプロジェクトの名前が **PatentIn** 画面の左上隅に表示され、そのプロジェクトがアクティブであることが示される。

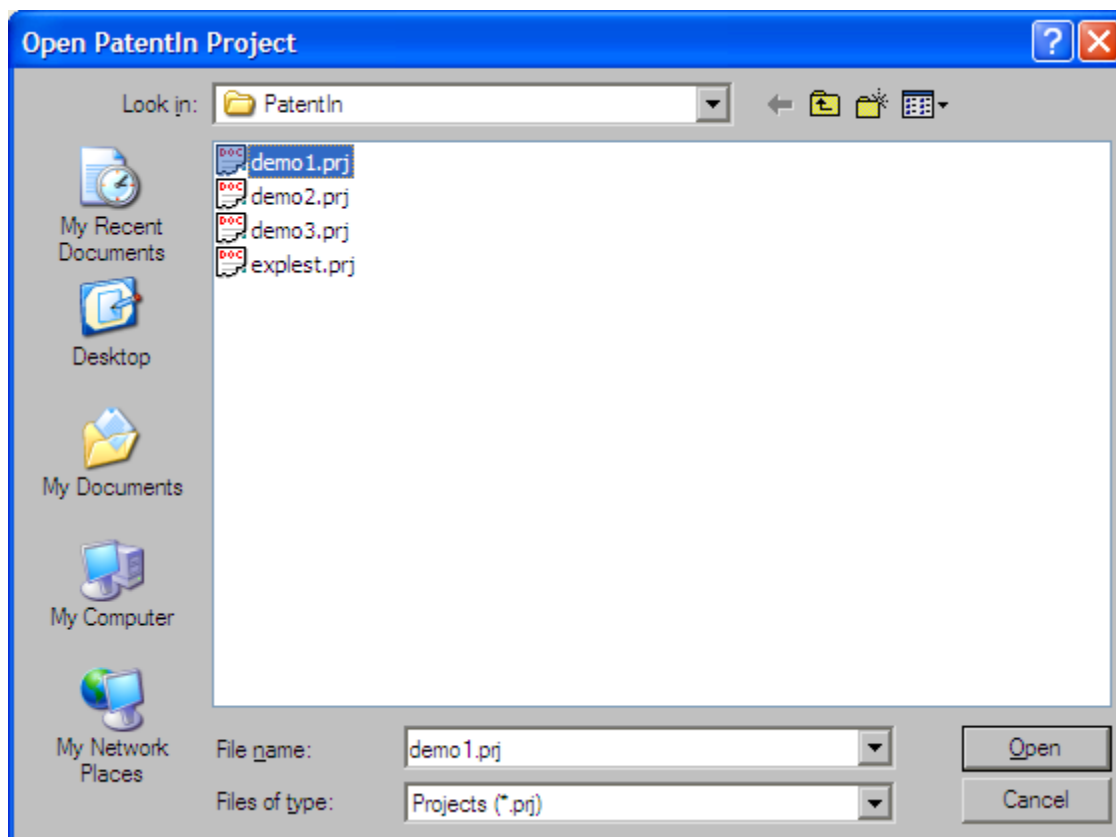


図 3-4 : Open 画面

非常に大きな配列や多数の配列を処理する場合の**特別注記**：メモリから大きなプロジェクトをクリアするには、多少の時間がかかる。これは特に、プロジェクトを直ぐに開き直す場合に注意すること。

3.5 プロジェクトの保存

プロジェクトの保存方法：

プロジェクトを初めて保存する場合、ファイル名の入力を促される。

1. **Project** メニューから **Save** を選択する。プロジェクトにまだ名前が付いていない場合、**Save As** 画面（図 3-5）が表示される。名前が付いている場合、プロジェクトは以前に開いた、または作成された名前でも保存される。
2. ファイルを保存するディレクトリを選択する。
3. **File Name** ダイアログボックスにファイル名を入力する。
4. **Save** ボタンをクリックすると、プロジェクトが新しいファイル名で保存される。
5. PatentIn のメイン画面に戻る。新しい名前が画面の左上隅に表示され、そのプロジェクトがアクティブであることが示される。

異なるファイル名で保存する方法：

1. **Project**メニューから**Save As**を選択する。Save As画面（図 3-5）が表示される。
2. ファイルを保存するディレクトリを選択する。
3. **File Name** ダイアログボックスにファイル名を入力する。
4. **Save** ボタンをクリックすると、プロジェクトが新しいファイル名で保存される。
5. PatentIn のメイン画面に戻る。新しい名前が画面の左上隅に表示され、そのプロジェクトがアクティブであることが示される。

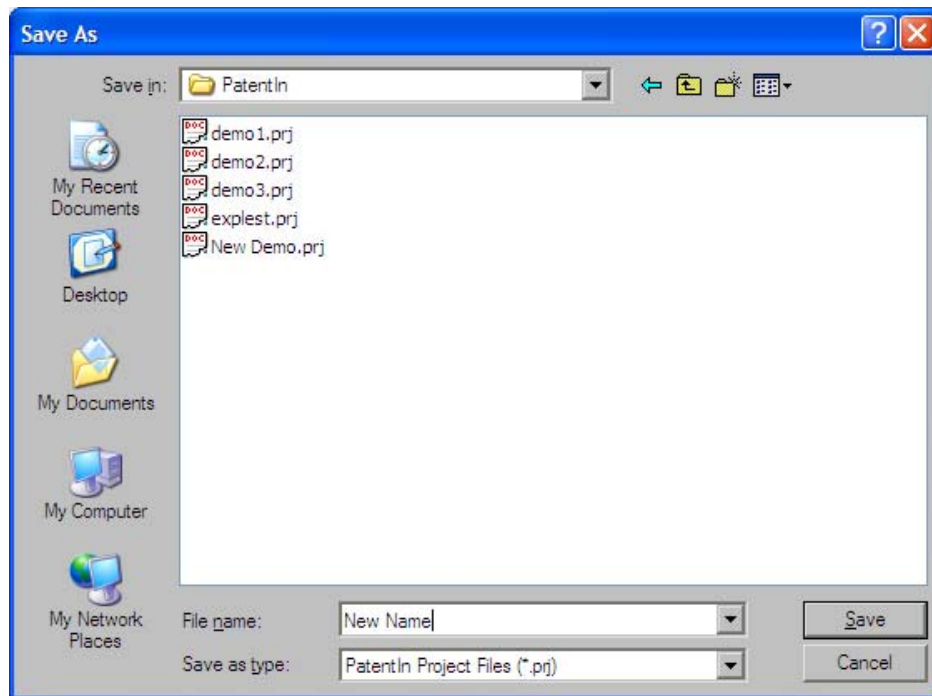


図 3-5 : Save As 画面

3.6 ワークファイルの表示

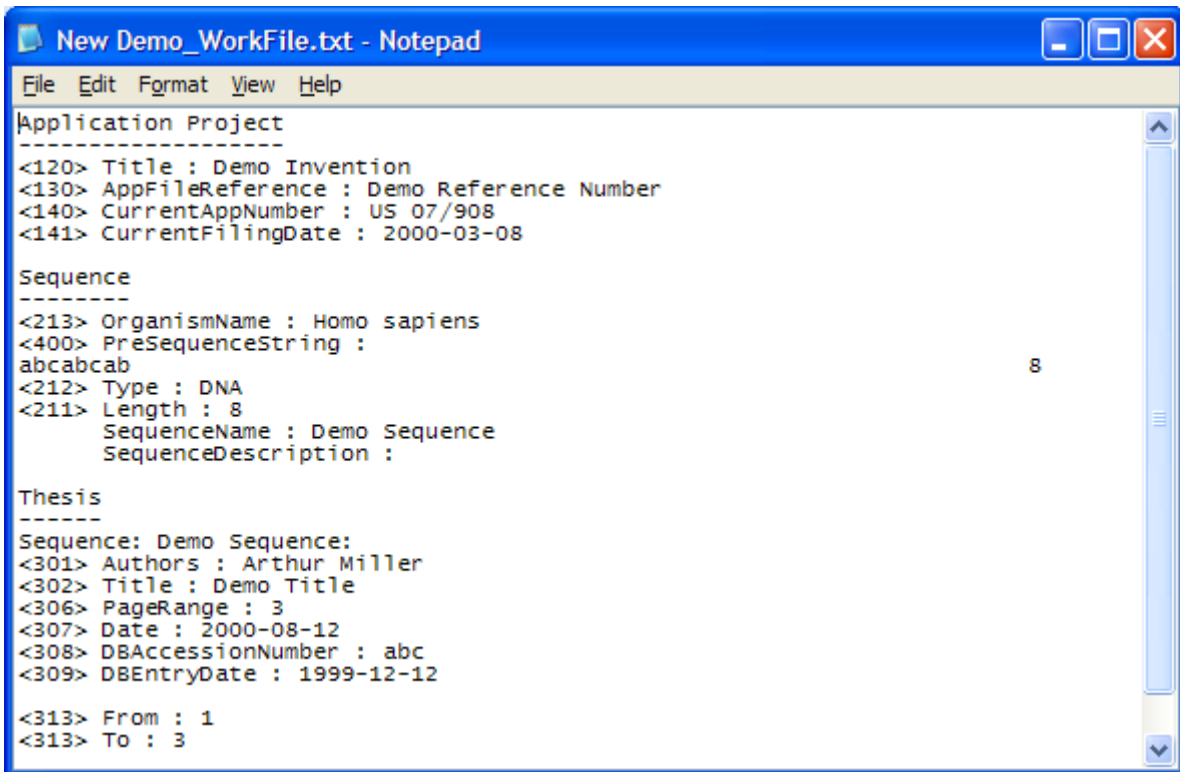
ワークファイルを作成することによって、現在の作業の進捗を表示できる。このワークファイルを使用すると、個別の画面を表示するのではなく、プロジェクト全体のデータを単一の場所に表示できる。ワークファイルと配列表を混同しないように注意すること。

ワークファイルの表示方法：

Project メニューから、**View/Print Work In Progress** を選択する。

3.7 進行状況の表示

PatentInには、図 3-6に示されるような特許出願書類の表示画面がある。ワークファイルの名前は、現在のPatentInプロジェクト名に「_WorkFile.txt」が続く。



```
New Demo_WorkFile.txt - Notepad
File Edit Format View Help
Application Project
-----
<120> Title : Demo Invention
<130> AppFileReference : Demo Reference Number
<140> CurrentAppNumber : US 07/908
<141> CurrentFilingDate : 2000-03-08
Sequence
-----
<213> OrganismName : Homo sapiens
<400> PreSequenceString :
abcabcab
<212> Type : DNA
<211> Length : 8
SequenceName : Demo Sequence
SequenceDescription :
Thesis
-----
Sequence: Demo Sequence:
<301> Authors : Arthur Miller
<302> Title : Demo Title
<306> PageRange : 3
<307> Date : 2000-08-12
<308> DBAccessionNumber : abc
<309> DBEntryDate : 1999-12-12
<313> From : 1
<313> To : 3
```

図 3-6 : Work in Progress ウィンドウの表示

現在の特許出願を表示する方法 :

1. Project メニューから、**View/Print Work In Progress** を選択する。
2. レポートを印刷するには、**File**、**Print** の順にクリックする。
3. 画面を終了するには、**File**、**Exit** の順にクリックする。

3.8 配列表の表示

PatentInには、図 3-7に示されるような配列表の表示画面がある。作成された表の名前は、現在のPatentInプロジェクト名に「_ST25.txt」が続く。

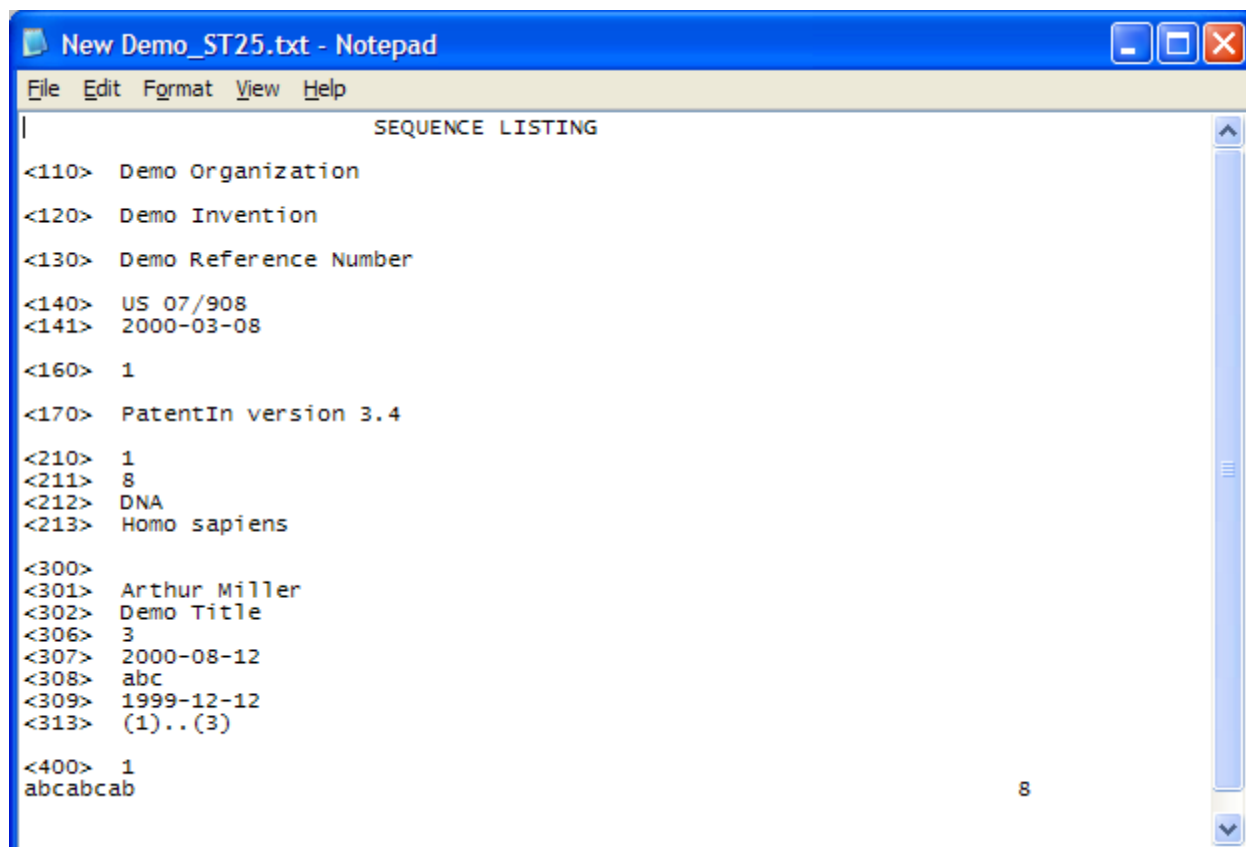


図 3-7 : Sequence Listing ウィンドウの表示

配列表の表示方法 :

1. Project メニューから、**View/Print Sequence Listing** を選択する。
2. レポートを印刷するには、**File**、**Print** の順にクリックする。
3. 画面を終了するには、**File**、**Exit** の順にクリックする。

注記 : 最初に配列を作成する必要がある。

3.9 エラーレポートの表示

PatentInには、開いているプロジェクトのエラーレポートがある場合、図 3-8のようなエラーレポートの表示画面がある。エラーログファイルの名前は、現在のPatentInプロジェクト名に「_ErrorLog.txt」が続く。

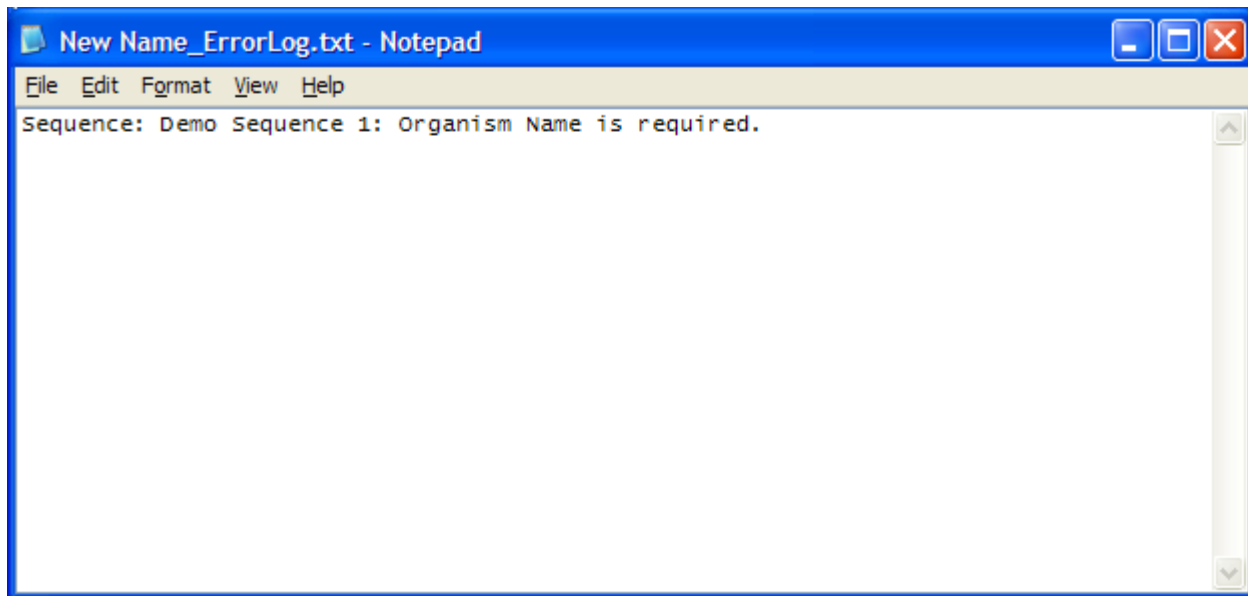


図 3-8 : Error Report ウィンドウの表示

エラーレポートの表示方法：

1. Project メニューから、View/Print Error Report を選択する。
2. エラーレポートを印刷するには、**File**、**Print** の順にクリックする。
3. 画面を終了するには、**File**、**Exit** の順にクリックする。

3.10 配列の名前変更

PatentInの新機能として、図 3-9に示されるような配列の名前を変更する機能がある。

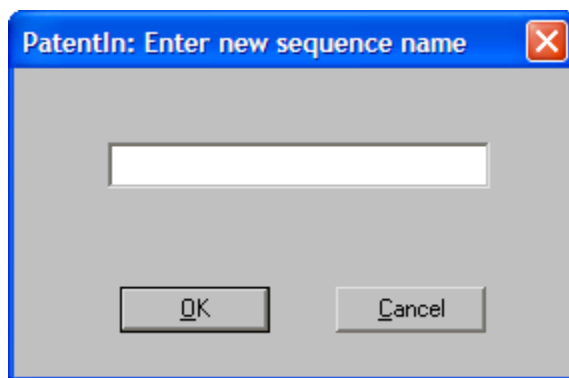


図 3-9 : Rename Sequence 画面

1. **Rename Sequence** 画面を開くには、Sequence Name をクリックする。

2. Project メニューから、**Rename Sequence** を選択する。
3. **Rename Sequence** ダイアログボックスに新規の配列名を入力する。
4. **OK** ボタンをクリックする。

3.11 PatentInの終了

現在のプロジェクトを保存していない場合、図 3-10に示されるように、プロジェクトを保存するかどうか尋ねられる。

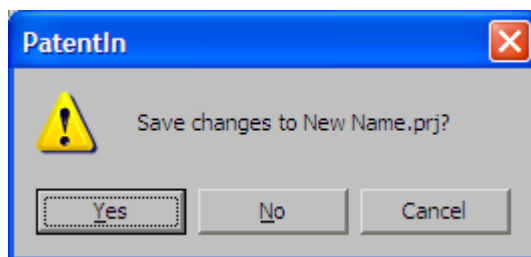


図 3-10 : PatentIn 終了画面

3.12 オンラインヘルプの使用方法

PatentInのほとんどの画面でオンラインヘルプを使用できる。図 3-11は、F1 またはヘルプボタンを押すと表示される標準的なヘルプ画面を示している。この例は、配列画面から表示できるヘルプ画面である。**Help**画面を終了するには、**OK**ボタンをクリックすると説明文が閉じられる。

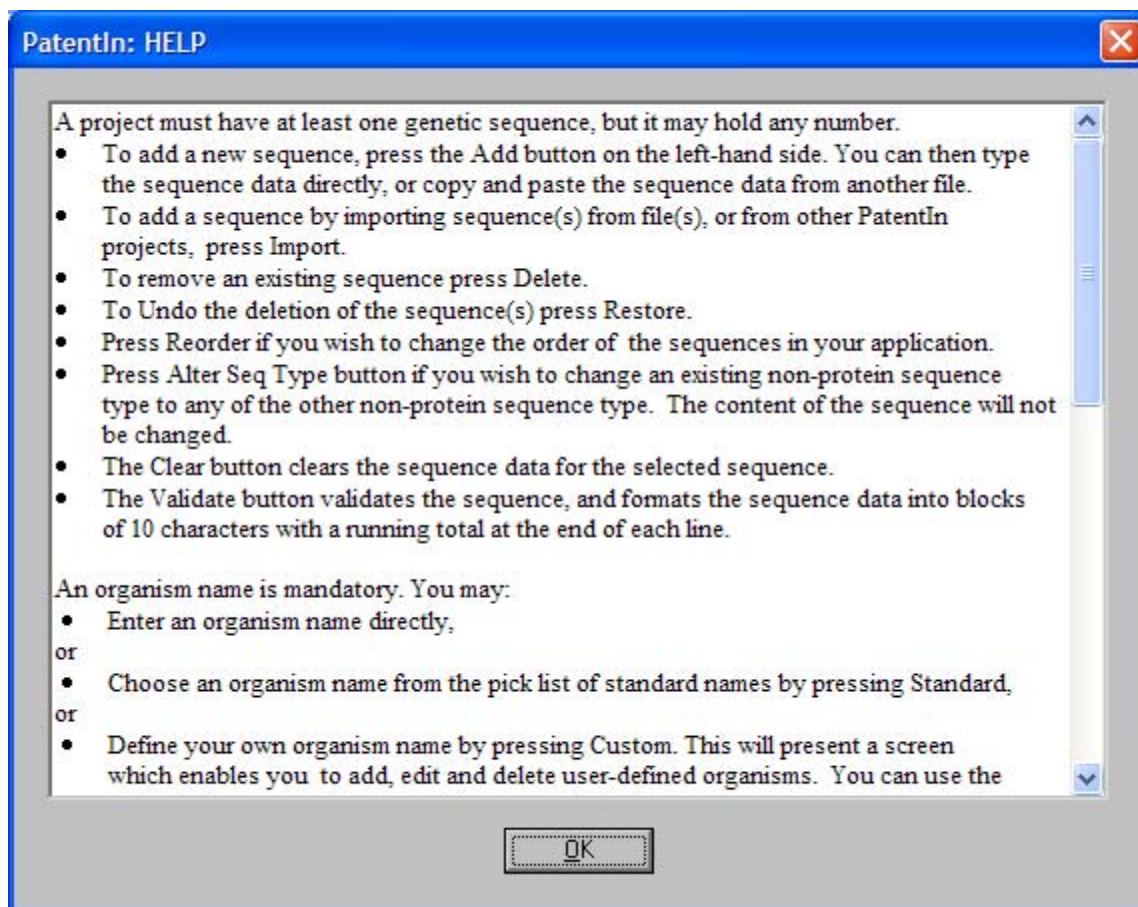


図 3-11 : Help 画面

3.13 メッセージダイアログ

図 3-12は、画面の入力領域に入力せずに動作ボタン（例えば、セクション4で説明されるAdd、Project、およびApplicant Data）のうちの1つを押すと表示される画面である。

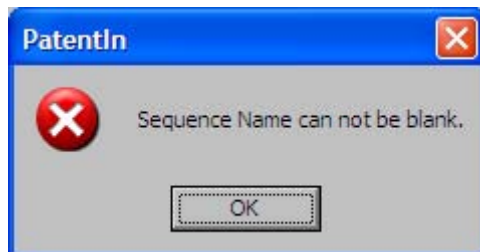


図 3-12 : メッセージダイアログ画面

セクション4 プロジェクトおよび出願データ

配列表データファイルを作成すると、出願書類にデータを追加できる。

4.1 Application Stepsメニュー

プロジェクトを開始すると、Application Stepsメニュー（図 4-1）の選択項目を使用できる。プロジェクト名は、画面の左上隅に表示される。次の例では、New Nameという既存のプロジェクトが開かれている。

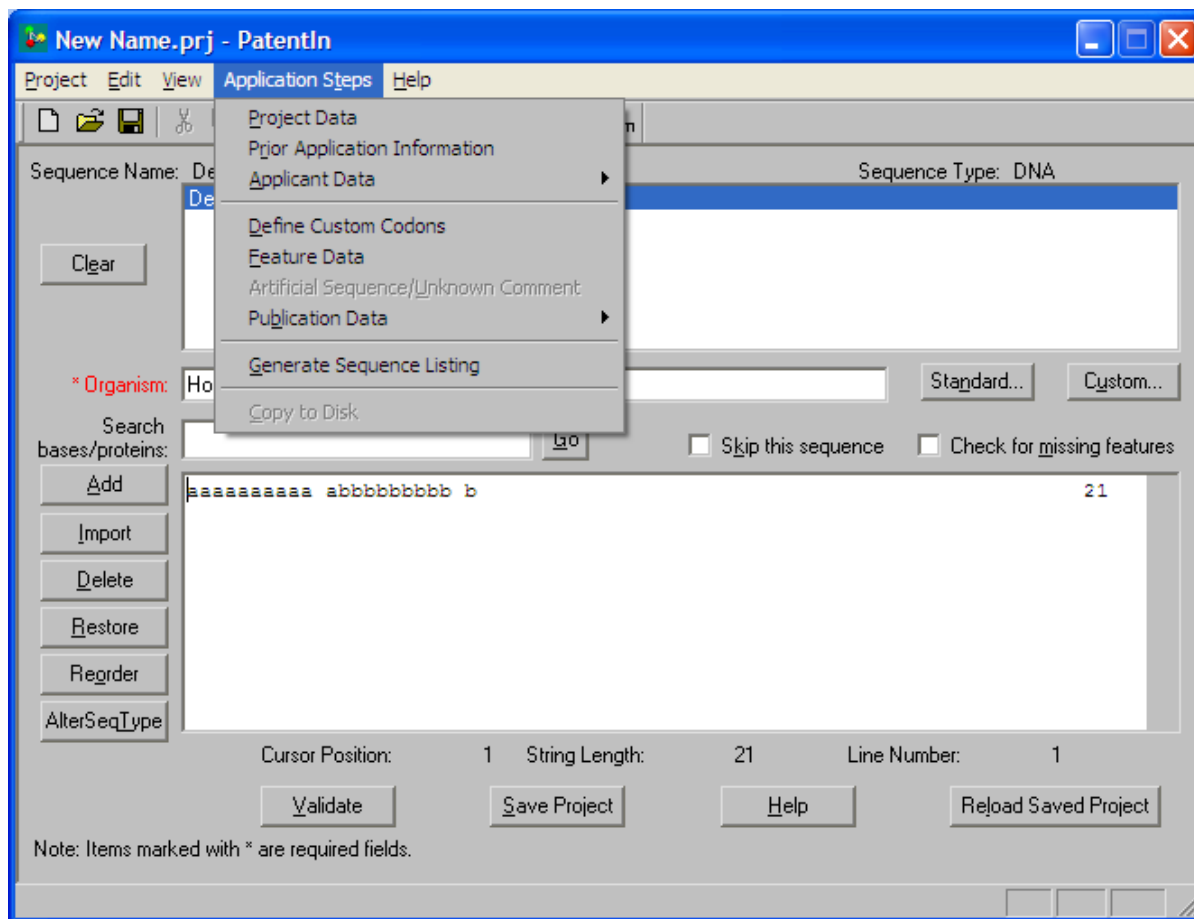


図 4-1 : Application Steps メニュー

4.2 プロジェクトデータ

Project Data画面（図 4-2）には、新規発明の識別情報を設定する入力フィールドが表示される。このデータは、発明の名称および出願日を設定するキーである。

注記： 必須情報フィールド（Title of Invention および Application File Reference）は、赤で表示されてアスタリスクが付いている。

PatentIn: Project Data - New Name.prj

Note: Items marked with * are required fields.

* Title Of Invention: Demo Title

Current Application Number: (US 07/999,999 or PCT/US 96/999999)

Current Filing Date: (YYYY-MM-DD)

* Application File Reference: Demo Reference Number

Validate Save Project OK Cancel Help

図 4-2 : Project Data 画面

プロジェクトデータの入力方法 :

1. **Title Of Invention** を入力する。このデータは必須である。
2. **Current Application Number** がある場合は入力する。Current Application Number を入力すると、Current Filing Date が必須になる。
3. **Current Filing Date** を入力する。日付は、YYYY-MM-DD の形式をとる数値である。
4. **Application File Reference** を入力する。このデータは必須である。
5. 入力したデータを有効にするには、**Validate** をクリックする。
6. データを保存するには、**Save Project** ボタンをクリックする。

4.3 Prior Application Information

先願データは、出願ファイルラッパーのどこでも審査官が使用できるため、その入力は任意である。先願の番号は、Prior Application Information画面（図 4-3）に入力できる。先願の番号は入力した順番で表に示され、選択して編集または削除できる。

PatentIn: Prior Application Information - New Name.prj

Edit Prior Application

Prior Application Number: US 07/789,124
(US 07/999,999 or PCT / US96/99999)

Prior Application Filing Date: 2000-04-10
(YYYY-MM-DD)

Clear

Prior Application List:

Item	Application Number	Filing Date
1	US 07/789,124	2000-04-10

Insert

Replace

Delete

Validate Save Project OK Cancel Help

図 4-3 : Prior Application Information 画面

先願に関するデータの入力方法：

1. **Prior Application Number** を入力する。Prior Application Number を入力すると、Prior Application Date が必須になる。
2. **Prior Application Filing Date** を入力する。日付は、YYYY-MM-DD の形式をとる数値である。
3. **Edit Prior Application** エリアのデータをクリアするには、**Clear** をクリックする。
4. 表にデータを挿入するには、データを挿入する項目を選択し、**Prior Application Number** および **Prior Application Filing Date** を入力後、**Insert** ボタンをクリックする。
5. 表の入力データを置換するには、**Prior Application Number** および **Prior Application Filing Date** を入力後、**Replace** をクリックする。
6. 表から項目を削除するには、表から項目を選択後、**Delete** ボタンをクリックする。
7. 入力した情報を有効にするには、**Validate** をクリックする。その後、表に入力（挿入）したデータが有効になる。挿入されていない編集エリアのデータは有効にならない。
8. データを保存するには、**Save Project** ボタンをクリックする。

9. 有効にして閉じるには、**OK** ボタンをクリックする。

注記 : **OK** をクリックすると、編集フィールドのデータが選択した行と異なる場合は、そのデータが表に挿入される。

4.4 Applicant Data

Application Data画面（図 4-4）を使用すると、Individual（個人）またはOrganizational（組織）の出願人のデータを入力できる。Application StepsメニューからApplicant Dataを選択し、次のメニューからIndividualまたはOrganizationを選択する。Individualを選択すると、Individual Applicants画面（図 4-5）が表示される。Organizationを選択すると、Organization Applicants画面（図 4-6）が表示される。

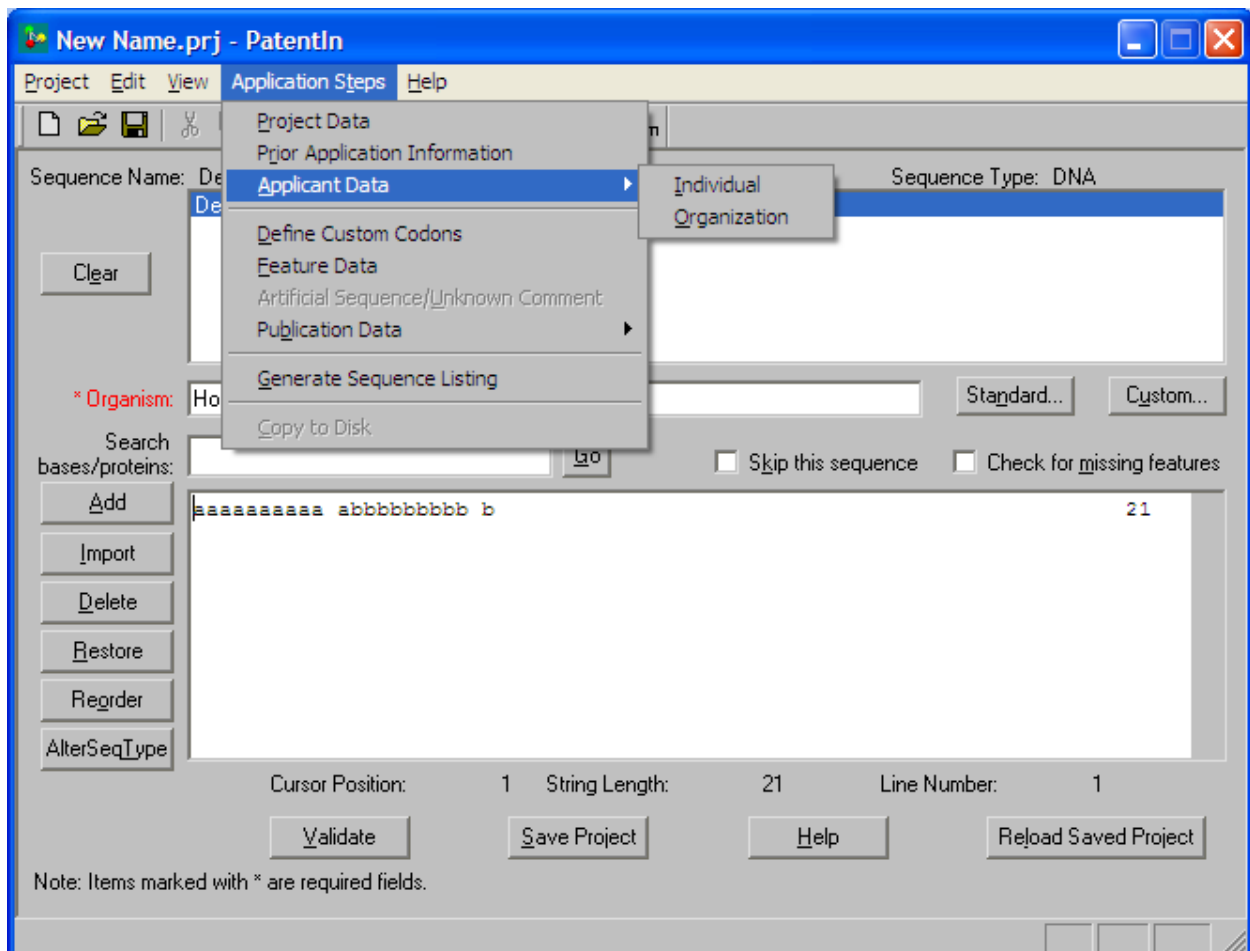


図 4-4 : Application Data 画面

4.4.1 Individual Applicants

Individual Applicants画面（図 4-5）では、個人出願人に関するデータを入力できる。配列表には出願人の名前だけが表示される。他のデータの入力欄は、ユーザーの利便性のためのものである。

注記：赤で表示されてアスタリスクが付いているフィールド名（Last Name および First Name）は、必須データである。

PatentIn: Individual Applicants - New Name.prj

Edit Individual Applicant
Note: Items marked with * are required fields.

* First Name: Suffix:
* Last Name: Middle Initial:
Street Address:
Clear City: State / Province:
Country: Zip Code:
Phone Number: Fax Number:
Electronic Mail Address:

Applicant List:

Item	Individual Name	Phone Number
------	-----------------	--------------

Insert
Replace
Delete

Validate Save Project OK Cancel Help

図 4-5 : Individual Applicants 画面

Individual Applicant に関するデータの入力方法：

1. Application Steps メニューから Applicant Data を選択後、Individual を選択する。
2. ユーザーの名字を入力する。
3. 名前に続く Suffix（例：Jr.、III）がある場合は入力する。
4. ユーザーの名前を入力する。
5. ユーザーの Middle Initial を入力する。
6. ユーザーの Street Address、City、State/Province、Country、Zip/Postal Code、Phone Number、Fax Number、Electronic Mail Address を入力する。
7. Individual Applicant に関するデータをクリアするには、**Clear** をクリックする。
8. 表にデータを挿入するには、データを挿入する項目を選択し、**Edit Individual Applicant** 情報を入力後、**Insert** ボタンをクリックする。

9. 表の入力データを置換するには、項目を選択して **Edit Individual Applicant** にデータを入力後、**Replace** をクリックする。
10. 表から入力データを削除するには、表から項目を選択後、**Delete** ボタンをクリックする。
11. 入力したデータを有効にするには、**Validate** をクリックする。その後、表に入力（挿入）したデータが有効になる。挿入されていない編集エリアのデータは有効にならない。
12. 有効にして閉じるには、**OK** ボタンをクリックする。
13. 別の出願人を表に追加するには、手順 2～12 を繰り返す。

注記：Phone Number、Fax Number、および Zip Code は必須項目ではない。また、OK をクリックすると、編集フィールドのデータが選択した行と異なる場合は、そのデータが表に挿入される。

4.4.2 Organization Applicants

Organization Applicants画面（図 4-6）では、組織出願人に関するデータを入力できる。個人出願人と同様に、組織名だけが配列表に表示される。他のデータの入力欄は、ユーザーの利便性のためのものである。

注記：赤で表示されてアスタリスクが付いているフィールド名（Organization）は、必須データである。

PatentIn: Organization Applicants - New Name.prj

Edit Organization Applicant
Note: Items marked with * are required fields.

* Organization:

Street Address:

Clear City: State / Province:

Country: Zip Code:

Phone Number: Fax Number:

Electronic Mail Address:

Applicant List:

Item	Organization Name	Phone Number
------	-------------------	--------------

Insert
Replace
Delete

Validate Save Project OK Cancel Help

図 4-6 : Organization Applicants 画面

組織出願人に関するデータの入力方法：

1. **Application Steps** メニューから、**Applicant Data** を選択後、**Organization** を選択する。
2. **Organization** の名前を入力する。
3. **Organization** の **Street Address**、**City**、**State/Province**、**Country**、**Zip/Postal Code**、**Phone Number**、**Fax Number**、**Electronic Mail Address** を入力する。
4. 画面の **Edit Organization Applicant** 部分に関するデータをクリアするには、**Clear** をクリックする。
5. 表にデータを挿入するには、挿入するデータの項目を選択し、**Edit Organization Applicant** 情報を入力後、**Insert** ボタンをクリックする。
6. 表の入力データを置換するには、項目を選択して **Edit Organization Applicant** 情報を入力後、**Replace** をクリックする。
7. 表から入力データを削除するには、表から項目を選択後、**Delete** ボタンをクリックする。
8. 入力したデータを有効にするには、**Validate** をクリックする。その後、表に入力（挿入）したデータが有効になる。挿入されていない編集エリアのデータは有効にならない。
9. すべての出願人データが入力されるまで、手順 2～8 を繰り返す。
10. 有効にして閉じるには、**OK** ボタンをクリックする。

注記 : Phone Number、Fax Number、および Zip Code は必須項目ではない。また、OK をクリックすると、編集フィールドのデータが選択した行と異なる場合は、そのデータが表に挿入される。

セクション 5 配列データ

5.1 配列

配列画面（図 5-1）は、配列を作成および変更する画面である。この画面で、カスタムコドンやカスタム生物の名前を作成および編集できる。また、検索機能も用意されており、遺伝子配列を入力してこのプロジェクトのファイルを検索できる。この画面は、PatentIn を起動すると最初に表示される。

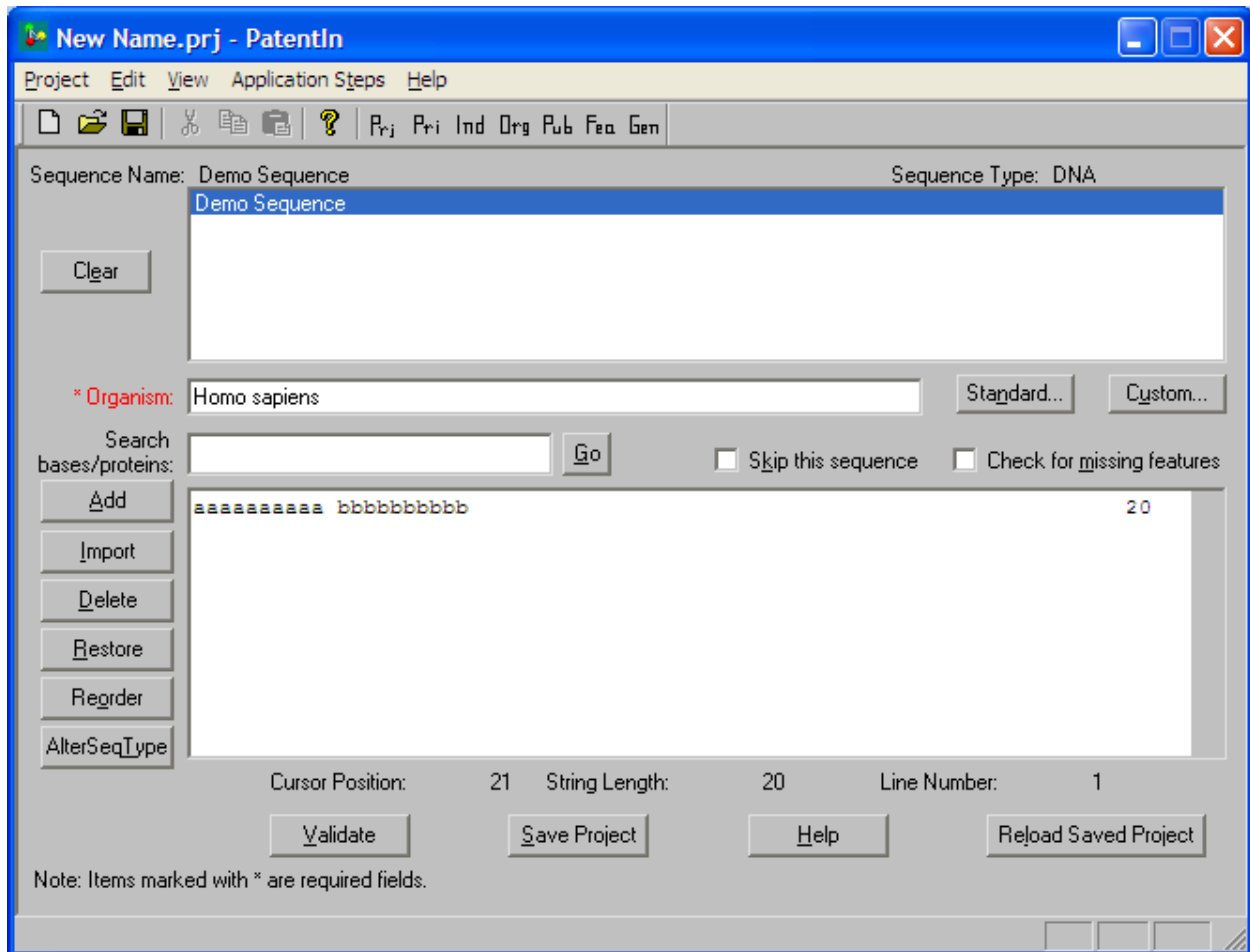


図 5-1 : 配列画面

注記：新規配列を入力する前に、配列名を入手する必要がある。セクション 5.2 を参照のこと。

編集する配列の選択方法：

1. 配列のリストから 1 つの配列名を選択する。

次の配列の特性が表示される。

- **Cursor Position** - カーソルの現在位置を示す。配列がない場合、このフィールドは空欄になる。

- **String Length** - 行上の配列文字列の数を示す。
- **Line Number**- カーソル位置の、文字列の先頭を基準とする行番号を示す。

5.1.1 標準生物の選択

図 5-2では、共通の生物から生物名を選択できる。名前の一部を入力して検索することもできる。

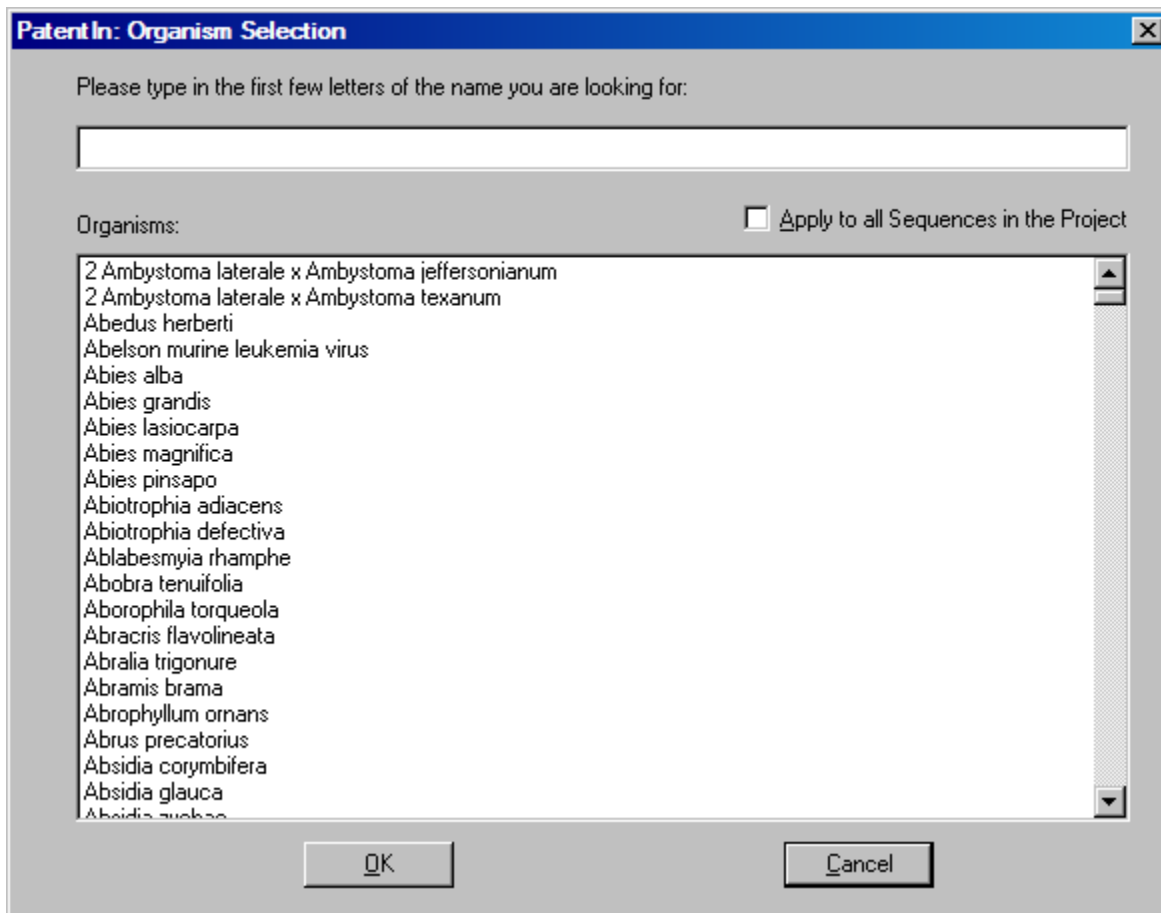


図 5-2 : Organism Selection 画面

生物名の選択方法：

1. **Standard** ボタン（配列画面）をクリックする。
2. 検索する生物名の文字の入力を開始する。
3. **Apply to all Sequences in the Project** チェックボックスをクリックすると、プロジェクトに現在表示されているすべての配列にこの生物名を割り当てることを有効または無効にできる。
4. **OK** ボタンをクリックすると、選択した生物名が入力される。

注記：赤で表示されてアスタリスクが付いている Organism は、必須情報である。

5.1.2 「n」および「Xaa」のデフォルト説明の作成

PatentIn 3.5.1 では、配列表内のユーザー指定の説明がない項目「n」および「Xaa」に対してデフォルト説明を作成できる。デフォルト説明は `misc_features` の形式をとり、可変文字の場所、メッセージ、核酸配列の「nは a、c、g、または tである。」、またはタンパク質配列の「Xaaは自然発生的な任意のアミノ酸とすることができる」を含んでいる。配列画面の **Check for missing features** ボックスを使用すると、この機能をオンまたはオフにできる。ユーザーによっては、ボックスをチェックした後に **Validate** を押して、`misc_feature` で定義されていない可変文字があるか確認する場合がある。ボックスのチェックを外すと、PatentIn 3.5.1 は欠落している `misc_features` を作成する。ユーザーは選択した定義と手動で作成でき、PatentIn 3.5.1 は残りのものを提供する。

5.1.3 配列の検索

配列の検索方法：

1. **Search bases/proteins**編集フィールドに、特定の部分文字列（特徴部分など）を入力する（図 5-1）。
2. **Go** ボタンをクリックする。現在のカーソル位置から見て、入力した部分配列が最初に現れる位置にカーソルが移動する。

注記：1回の検索は 60 文字に制限または切り捨てられる。

5.1.4 画面のクリア

1. 選択した特定の配列に関するすべての画面をクリアするには、図 5-1に示される **Clear** ボタンをクリックする。

5.2 配列の追加

配列画面の**Add**ボタンを使用すると、配列名を入力し、ラジオボタンのリストから配列の型を選択できる（図 5-3）。

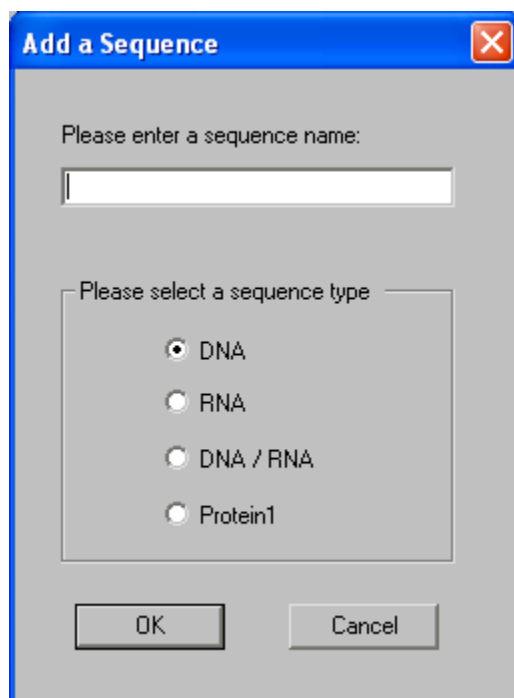


図 5-3 : Add a Sequence 画面

配列の追加方法：

1. 配列画面から、**Add**ボタンを選択する。図 5-3 is displayed.に示される画面が表示される。
2. ダイアログボックスに配列名を入力する。
3. 該当する配列の型の横にあるラジオボタンをクリックして、配列の型を選択する。
4. **OK** をクリックする。

これで、画面下の編集フィールドに配列の文字列を入力できるようになる。Windows XP または Windows Vista を使用している場合は、12,000,000 以上の配列文字を表示できる。

配列エディタではなく、インポートファイルを使用してこの制限付近で作業をし、配列を作成および編集できる。

5.3 配列のインポート

配列画面の**Import**ボタンを使用すると、図 5-4のラジオボタンのいずれかを選択することによって、ファイル、プロジェクト、またはPatentInで作成されたST.25 配列表ファイルから配列をインポートできる。

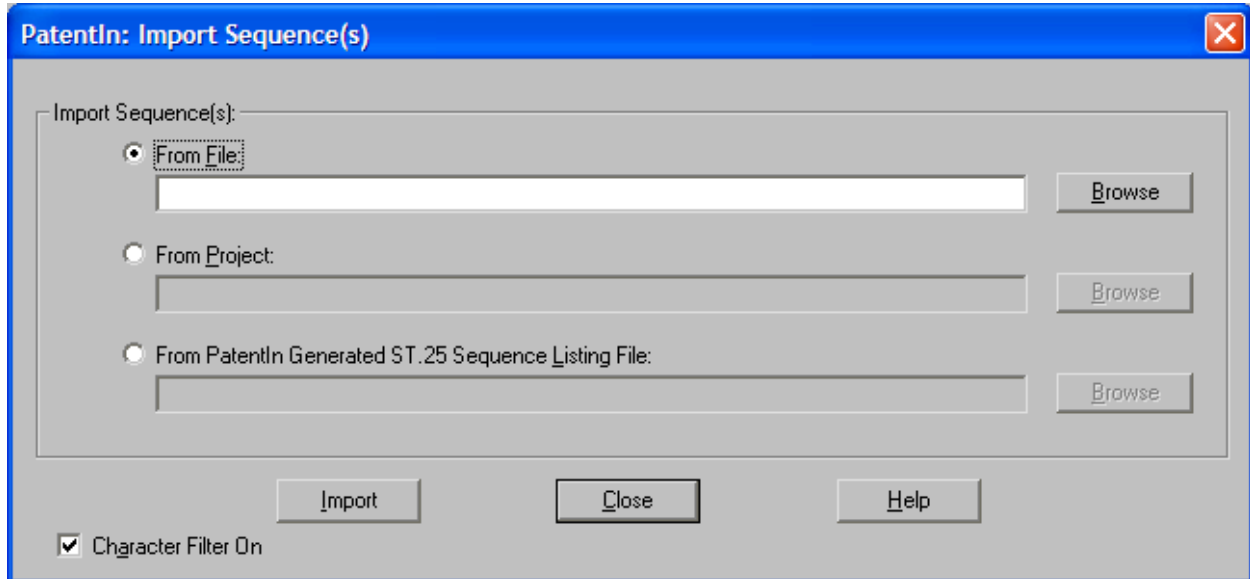


図 5-4 : Import Sequence(s)画面

1. ST.25 テキストファイルから配列をインポートするには、配列画面の **Import** ボタンをクリックしてから、**From File** ラジオボタンをクリックする（セクション 5.3.1 参照）。
2. 別のプロジェクトから配列をインポートするには、配列画面の **Import** ボタンをクリックしてから、**From Project** ラジオボタンをクリックする（セクション 5.3.3 参照）。
3. PatentIn で作成された ST.2 配列表ファイルから配列をインポートするには、配列画面の **Import** ボタンをクリックしてから、**From PatentIn Generated ST.25 Sequence Listing File** ラジオボタンをクリックする（5.3.4 参照）。
4. ファイルフォルダおよびファイル名を検索したり、複数のファイルを選択するために、各ラジオボタンに **Browse** ボタンが用意されている。スペースが含まれるフォルダ名やファイル名は認められる。
5. **Character Filter On** チェックボックスは、1 番目のラジオボタン「**From File**」と併用できる。このボックスのデフォルト状態はチェックされており、その機能がオンになっている。このボックスを非選択にすると、無関係のエラーを含まないファイルだけをインポートできる。このボックスをチェックされたままにすると、エラーであると判明した文字のリストが提供されるが、有効な文字がインポートされてプロジェクト内に配置される。PatentIn 3.5.1 では単一ファイルに複数の配列が可能であり「<」文字をヘッダーに使用するため、この文字は有効な文字であると認識されるが、「ヘッダーが欠落している」エラーメッセージを発生させる可能性が高く、

非 ST.25 テキストファイルから配列をインポートするときに無関係の文字として削除できない。最良の結果を出すには、インポートする前に、スペース配列および番号を持つ配列だけが含まれる非 ST.25 配列ファイル、ならびにタイトルまたは他のテキストを削除することが推奨される。例えば、配列のタイトルが **Genomic Deoxyribonucleic Acid (DNA)** である場合、PatentIn 3.5.1 は文字「e」、「o」および「i」を除去するため、配列の最初の 7 文字は「gnmcdna」になる。

注記： Protein/3 の選択の場合、付録 C：ヌクレオチドトリプレット（コドン）と 1 文字および 3 文字のアミノ酸コード、PRT/3 の列の変換テーブルに示されるようなアミノ酸の略称だけが含まれるテキストファイルからデータをインポートする必要がある。PRT/3 の文字列は、後で配列エディタで使用するために PRT/1 文字に変換される。ヘッダーのない Protein/3 ファイルもインポートできる。

5.3.1 PatentIn 3.5.1 でインポートするマルチ配列データファイル（非ST.25 配列表ファイル）の形式

配列ファイルは、1つ以上の配列を含む ASCII テキストファイルである。各マルチ配列データファイルは、セクション 5.3.1.1 に記述されている次の形式のヘッダーで開始する必要がある。ヘッダーは、その行の最初の非ブランクのテキストである必要がある。

5.3.1.1 配列ヘッダー

ヘッダー全体を一行にする必要がある（表 5-1）。

<配列名;配列の型;生物名>

表 5-1：配列のヘッダー

配列名	配列の名称
配列の型	次のいずれかである。 <ul style="list-style-type: none"> • DNA • RNA • DNA/RNA • Protein/1 • PRT • PRT/1 • PRT1 • Protein/3 • PRT/3 • PRT3
生物名	生物の名称は任意である。省略する場合、ヘッダーは次のようになる。 <配列名;配列の型;>

注記： セミコロンの区切り記号があることに注意すること。セミコロンは必須である。

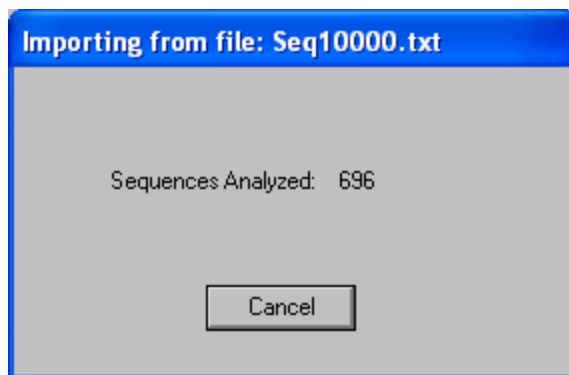


図 5-7 : Sequences Being Imported 画面

検証エラーが発生した場合、Validation Errors画面が表示される。次の例（図 5-8）では、「e」がDNAタイプのSequence 1の無効文字であり、Sequence 2が無効な配列の型を含んでいる。

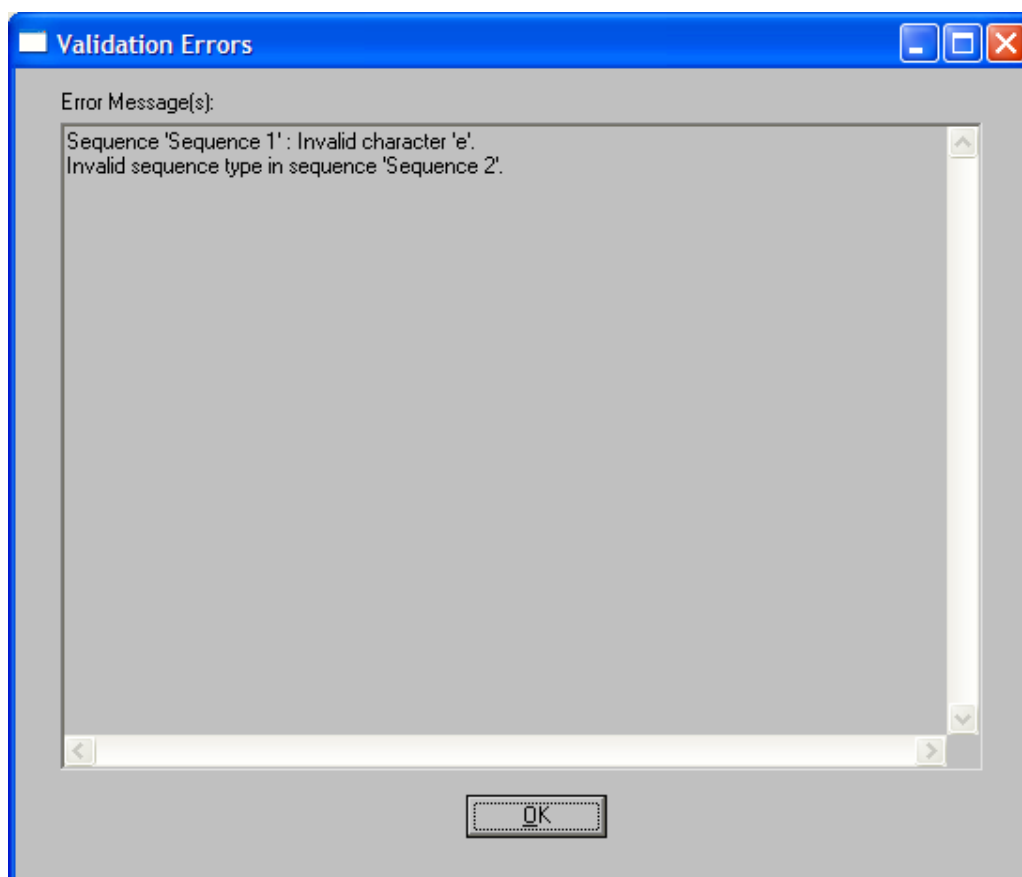


図 5-8 : Varidation Errors 画面

5.3.3 プロジェクトからの配列のインポート

PatentInは、PatentIn 3.5.1 のプロジェクトから配列をインポートする機能を備えている (図 5-4)。

1. プロジェクトファイルからの配列を使用するには、配列画面 (図 5-1) の **Import** ボタンをクリックした後、**From Project** ラジオボタンをクリックする。
2. ユーザーがファイルフォルダーとファイル名を検索できるように、**Browse** ボタンが表示される。
3. プロジェクトを選択すると、プロジェクトの配列表が表示される。
4. インポートする配列 (複数可) をクリックする。

注記 : Ctrl キーを押しながらクリックすると、複数の配列を選択できる。

5. すべての配列を選択する場合は、**Select All** ボタンを選択する (図 5-9)。

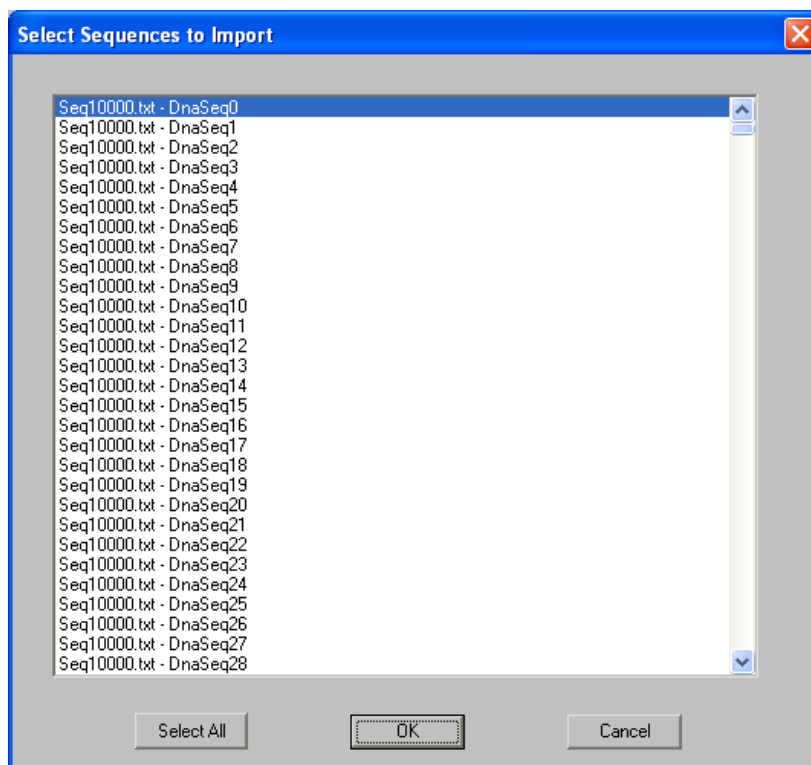


図 5-9 : Select Sequences to Import 画面

5.3.4 PatentInで作成されたST.25 配列表ファイルからの配列のインポート

PatentInは、PatentIn で作成された ST.25 配列表ファイルから配列情報をインポートする機能を備えている。PatentIn で作成された ST.25 配列表ファイルは、PatentIn で作成されて ST.25 でコンパイルされた配列表ファイルである。ファイルの名前は、PatentIn のプロジェクト名に「_ST25.txt」が続くものからなる。上記ファイルの例として、「PatentInProject_ST25.txt」がある。

1. PatentIn で作成されたST.25 配列表ファイルをインポートするには、配列画面（図 5-1）の**Import**ボタンをクリックした後、Import Sequence(s)画面（図 5-4）の**From PatentIn Generated ST.25 Sequence Listing File**ラジオボタンを選択する。
2. ファイル名の末尾が「_ST25.txt」である、PatentIn で作成された ST.25 配列表ファイルを選択する。ユーザーがファイルフォルダーとファイル名を選択できるように、**Browse** ボタンが表示される。
3. **Import**ボタンをクリックする。PatentInは、メッセージ「The sequence listing will be imported to a new PatentIn project」が表示されているメッセージボックス（図 5-10）によりユーザーに応答する。

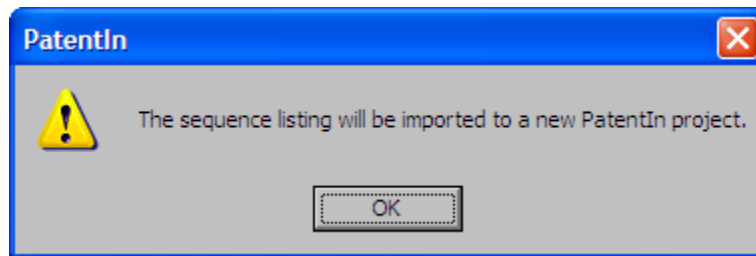


図 5-10 : 新規プロジェクトへのインポートのメッセージダイアログ画面

4. **OK**ボタンをクリックしてメッセージボックスを閉じる。既に開かれているPatentIn プロジェクトがあり、そのプロジェクトが保存されていない場合、PatentInはダイアログボックス（図 5-11）を表示し、変更内容を現在作業中のプロジェクトに保存するかどうかを尋ねる。変更内容を保存する場合は**Yes**ボタンを押し、変更内容を廃棄する場合は**No**ボタンを押し、インポート処理をキャンセルする場合は、**Cancel**ボタンを選択する。

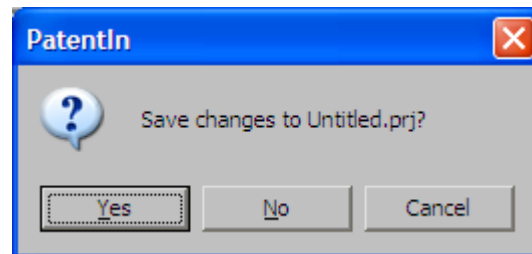


図 5-11 : プロジェクト保存画面

5. インポート処理が開始されると、**Parsing the Applicant Names**画面（図 5-12）が表示される。

PatentIn: Parsing Applicant Names

Parse Applicant Names
For each applicant name listed in the "Applicant Name from the Imported File" box, follow the steps below:

1. Identify the applicant type by selecting the Individual or Organization Applicant Name radio button. Names can be modified in the name edit boxes.

Applicant Name from the Imported File: lastname2, firstname2 MI suffix

Organization Applicant Name Individual Applicant Name

Organization Applicant Name: []

Last Name: lastname2
First Name: firstname2
Middle Initial: MI
Suffix: suffix

2. Press the Move button to move the applicant name above to the Applicant Name List below. [Add]

Applicant Name List:
ABC, Inc.
organization1
organization2
lastname1, firstname1 MI Suffix
lastname2, firstname2 MI suffix

3. To modify an applicant name, select the name from the Applicant Name List box and modify the names in the applicant name edit boxes. Press the Update button to save the change.

[Update] [Finish] [Cancel]

図 5-12 : Parsing Applicant Names 画面

ST.25 配列表ファイルにリストされている各出願人名は、PatentInでは**Parsing the Applicant Names**画面の**Applicant Name from the Imported File**ボックスに表示される。ユーザーは最初に、**Individual Applicant Name**または**Organization Applicant Name**（デフォルトでは**Organization Applicant Name**ラジオボタンが選択されている）のラジオボタンを選択して出願人名のタイプを確認する必要がある。出願人名は、**Organization Applicant Name**ボックス、または**Last Name**、**First Name**、**Middle Initial**、**Suffix**ボックスからなる**Individual Applicant Name**のテキストボックスで修正できる。出願人名のタイプを選択しおよび/または出願人名を修正したら、**Add**ボタンを押すと現在の出願人名が**Applicant Name List**ボックスに移動し、インポートしたファイルからの次の出願人名が取得されて**Applicant Name from the Imported File**ボックスに表示される。すべての名前が**Applicant Name List**ボックスに追加されるまで、この処理を繰り返す。その後、PatentInはメッセージ「All applicant names have been added」によりユーザーに応答する。**OK**ボタンをクリックしてメッセージボックスを閉じる（図 5-13）。

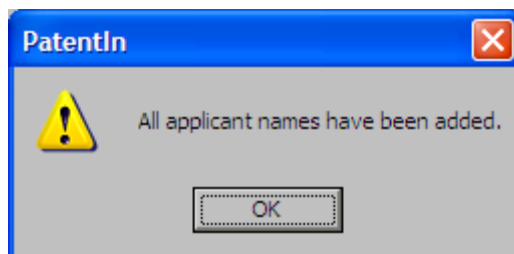


図 5-13 : すべての名前を追加したときのメッセージダイアログ画面

すべての名前を **Applicant Name List** ボックスに追加した後で出願人名を再び修正するには、**Applicant Name List** ボックスから名前を選択し、出願人名のテキストボックス内の名前を修正する。**Update** ボタンを押して変更内容を保存する。これ以上修正が必要でない場合は、**Finish** ボタンを押して **Parsing the Applicant Names** 画面を閉る。インポート処理が継続する。

注記 : データがインポートした ST.25 配列表に 100% 準拠するように変換される場合もあり、そうでない場合もあるため、インポート処理の後に予想通りにインポートした配列情報が解釈されて PatentIn システムに保存されたかどうかを PatentIn ユーザーが確認する必要がある。

PatentIn で作成された ST.25 配列表のインポートに関する追加情報

- **個人出願人名の構文解析** : 個人の出願人名を構文解析している間、PatentIn は、出願人名の左端コンマより前のすべてを名字として識別する。個人出願人名にコンマがない場合、PatentIn は出願人名のインポートされた行の最終語を名字として識別する。
- **主要配列と補足配列** : PatentIn システムにインポートされるのは、主要配列だけである。主要配列の直後の補足配列（コード配列）はすべて、配列表の生成時に作成されるためインポートされない。ただし、削除された配列の直後の補足配列（3つ以下のアミノ酸を含み、インポートされたファイル内にはない補足配列）はすべて、新しいタンパク質配列として PatentIn にインポートされる。
- **スキップされる配列** : スキップされる配列はすべて PatentIn にインポートされる。スキップされる配列は配列の型を持っていないため、PatentIn はユーザーに **Skipped Sequence Type Selection** 画面（図 5-14）を表示して型を選択するように促す。選択をした後、**OK** ボタンを押す。

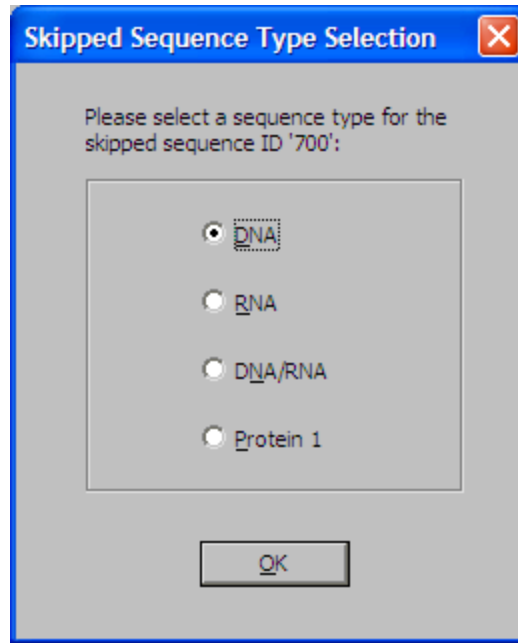


図 5-14 : Skipped Sequence Type Selection 画面

- 無効な型の配列：PatentInは、インポート中に無効な配列の型の配列に遭遇すると、配列ID、無効な型、および配列の先頭から 60 文字の情報が示される**Invalid Sequence Type Encountered**画面（図 5-15）を表示する。正しい型選択をした後、**OK**ボタンを押す。

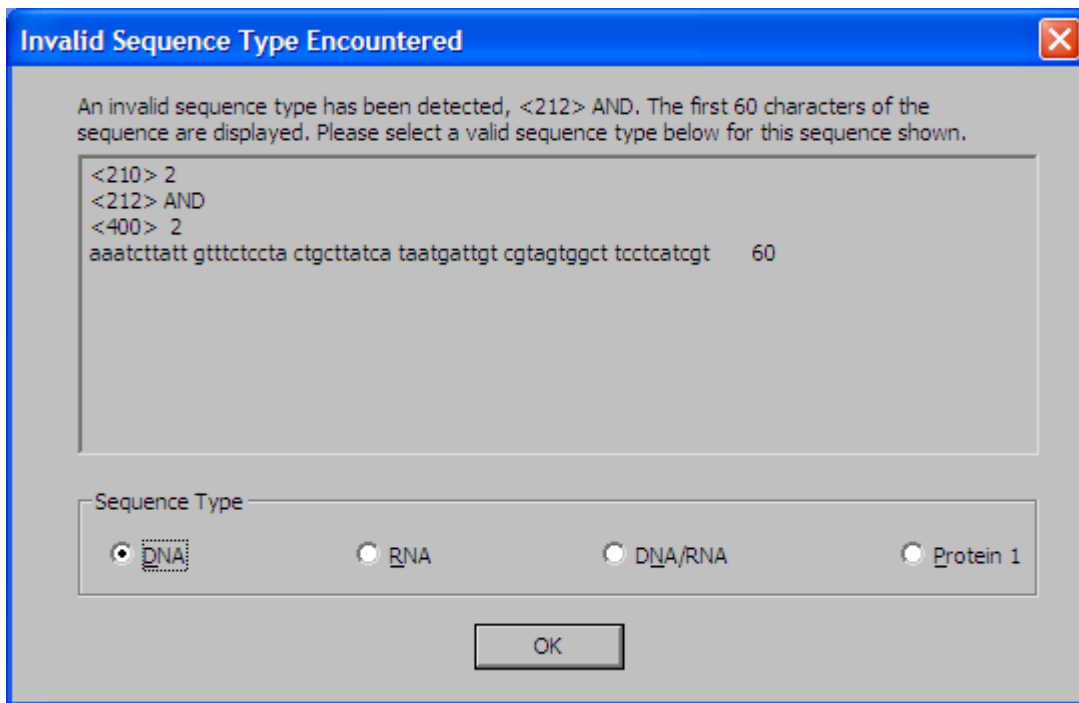


図 5-15 : Invalid Sequence Type Encountered 画面

- インポートする配列のリスト：すべての配列が構文解析されると、PatentInは **Select Sequences to Import**画面（図 5-16）に、PatentInにインポートする準備ができていた配列のリストを表示する。インポートする配列（複数可）を選択する（注記：Ctrlキーを押しながら選択すると複数の配列を選択できる）か、**Select All**ボタンを押してすべての配列を選択する（図 5-16）。**OK**ボタンを押すと、選択した配列がPatentInシステムにインポートされる。

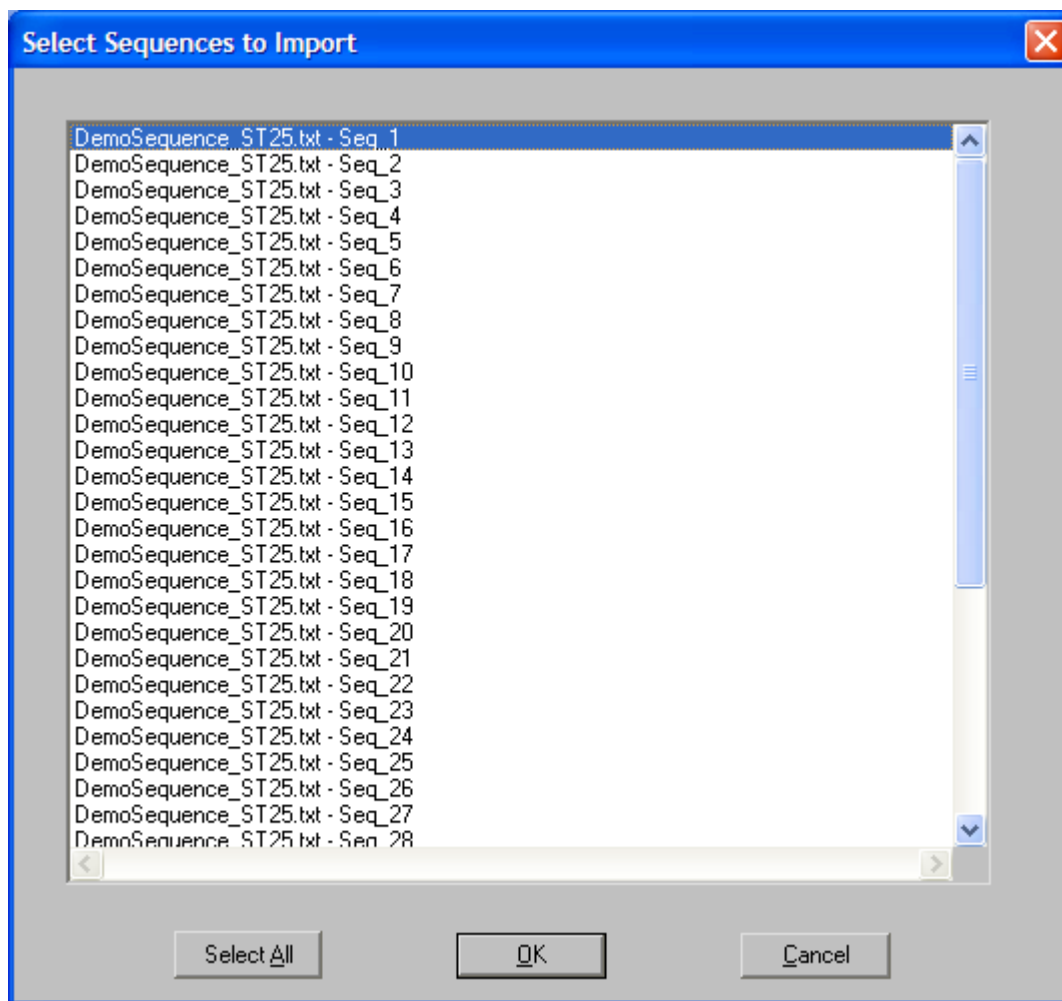


図 5-16 : Select Sequences to Import 画面

- ログファイル：インポート処理中に生成される構文解析メッセージ（存在する場合）は、<PatentInProjectName>_ParseFileErrorLog.txt という名前のログファイルに記録される。

5.4 配列のコピー

PatentIn では、Windows タイプの編集機能を使用する。

配列のコピー方法：

1. コピーする配列を強調表示する。
2. **Edit**メニューをクリックした後、**Copy**をクリックする（図 5-17）。

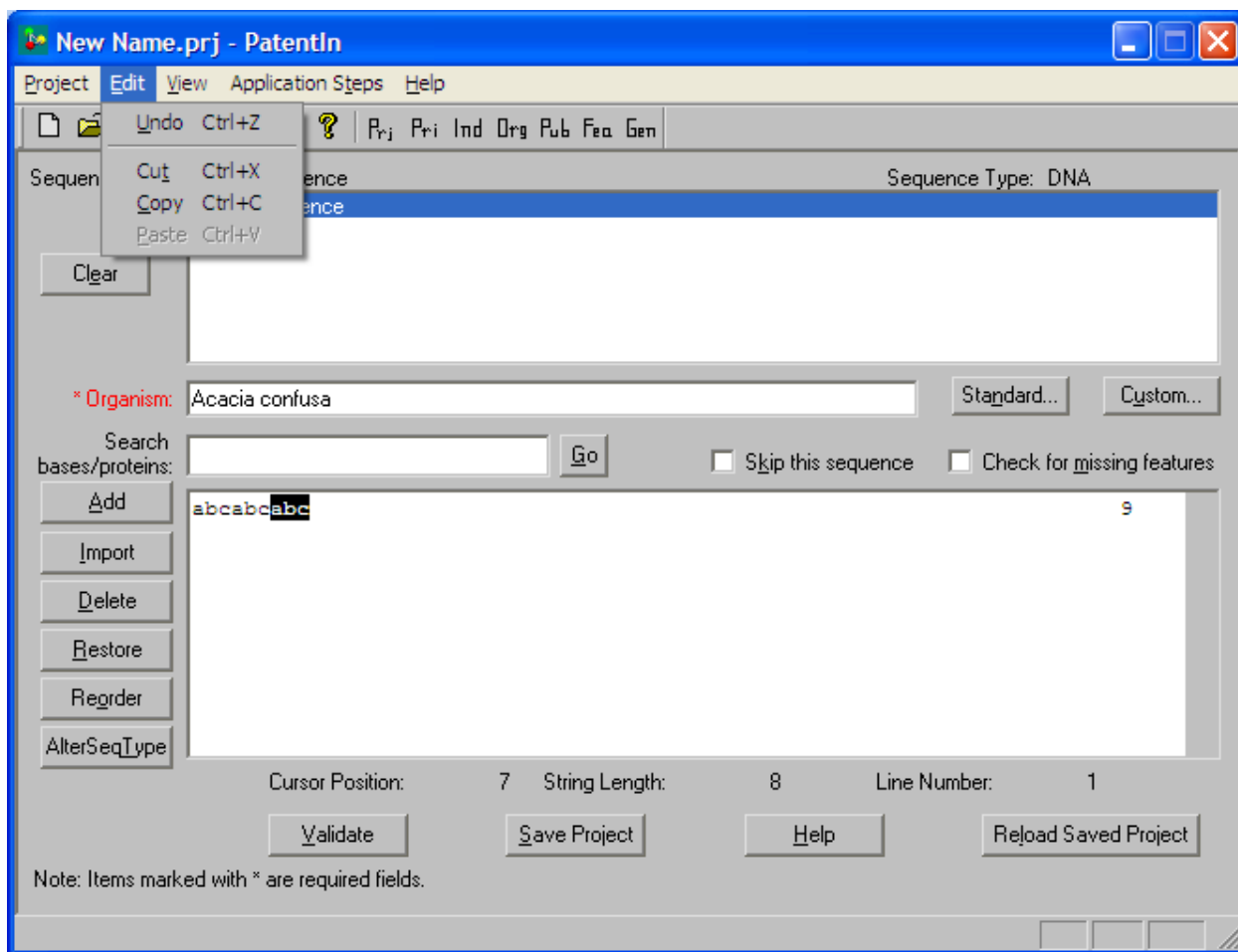


図 5-17 : Edit メニュー

5.5 配列の貼り付け

配列の貼り付け方法：

1. コピーした配列を挿入する位置にカーソルを移動する。
2. **Edit** をクリックした後、**Paste** をクリックする。

5.6 配列の削除

配列の削除方法：

1. 削除する配列にカーソルを移動する。
2. **Delete** ボタンをクリックする。

5.7 配列のスキップ

配列をスキップすると、PatentIn 3.5.1 は、この配列に対して<210>と<400>の間に何も作成しない。

配列のスキップ方法：

1. スキップする配列を選択する。
2. 配列画面（図 5-1）で、**Skip this sequence**チェックボックスをクリックしてスキップ配列フラグをオンにする。PatentIn 3.5.1 は自動的に、配列表の<400>に配列番号および「000」を作成する。

5.8 配列の復元

配列を削除しても、現在のプロジェクトの更新を終了するまでは復元できる。

配列の復元方法：

1. メイン画面の**Restore**ボタンをクリックする。**Sequence Recovery**画面（図 5-18）が表示される。
2. 復元する配列（複数可）を選択する。
3. **Restore** ボタンをクリックする。

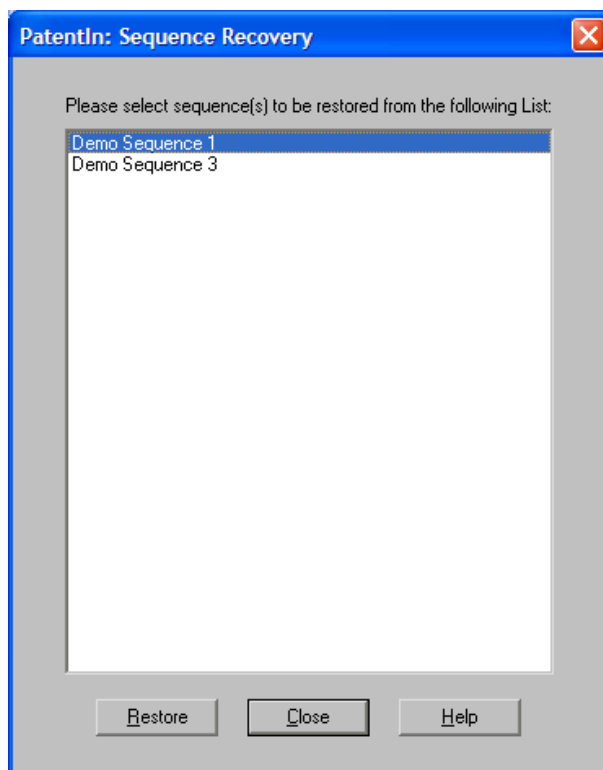


図 5-18 : Sequence Recovery 画面

5.9 配列の並べ替え

Recorder Sequence画面（図 5-19）では、現在の配列順序と新しい配列順序を比較できる。現在の配列順序は画面の左に表示される。これは、配列をアプリケーションに入力した順番で表示する。新しい配列順序は右に表示される。これは、ユーザーが連続した配列グループを左側から選択し、その配列グループが後に置かれる配列を1つ右側から選択することによって指定した順序で、配列を表示する。

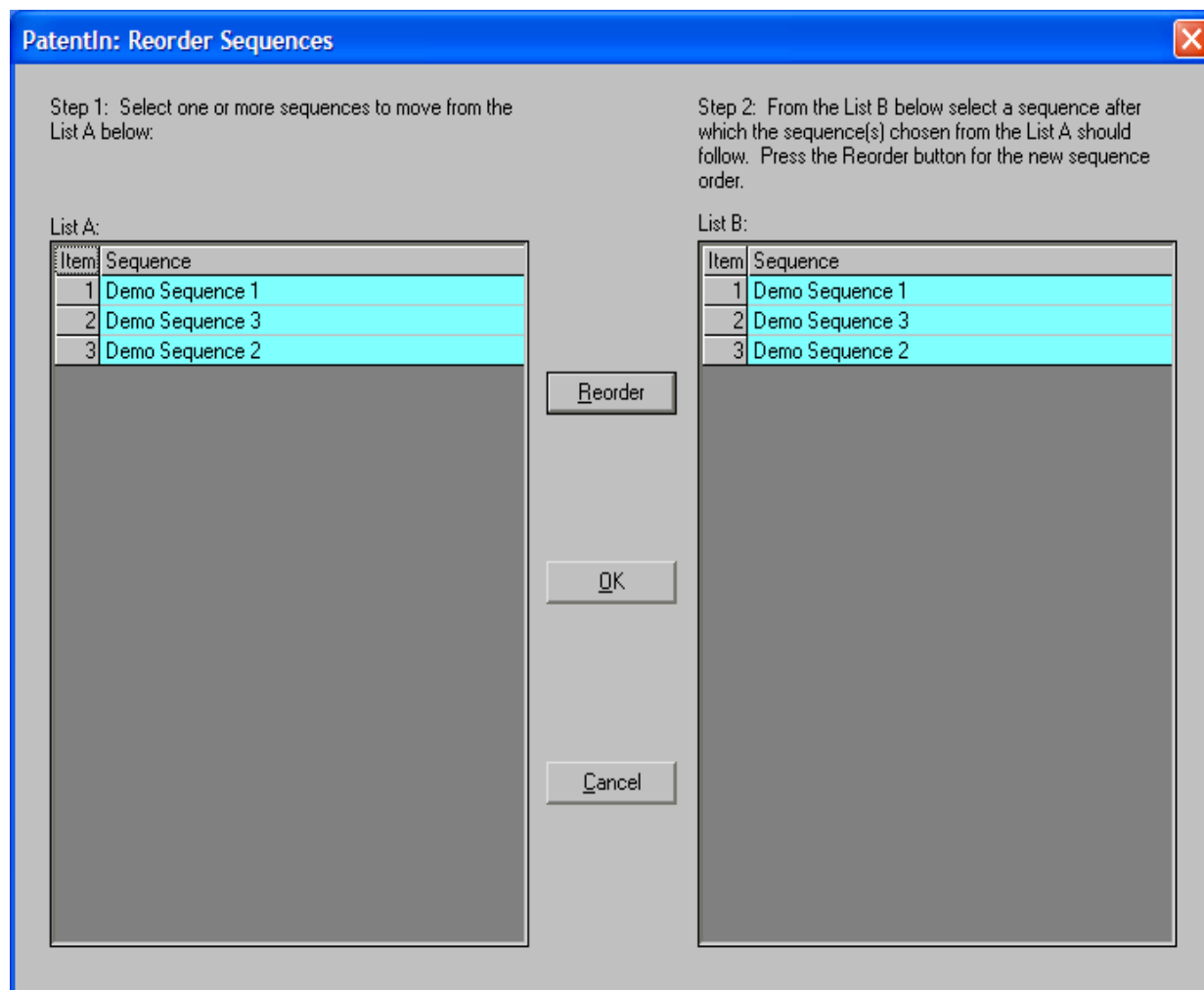


図 5-19 : Reorder Sequences 画面

配列の並べ替え方法 :

1. 配列 List A から移動する配列 (複数可) を選択する。
2. 配列 List B から、List A から選択した配列を挿入する配列を選択する。Recorder ボタンを押して新しい配列順序にする。
3. 所望の順序になるまで手順 1~2 を繰り返す。

5.10 配列の型の変更

配列画面の**AlterSeqType**ボタンを使用すると、図 5-20に示されるように、非タンパク質配列をChange Sequence Type画面にリストされている配列の型のいずれかに変更できる。

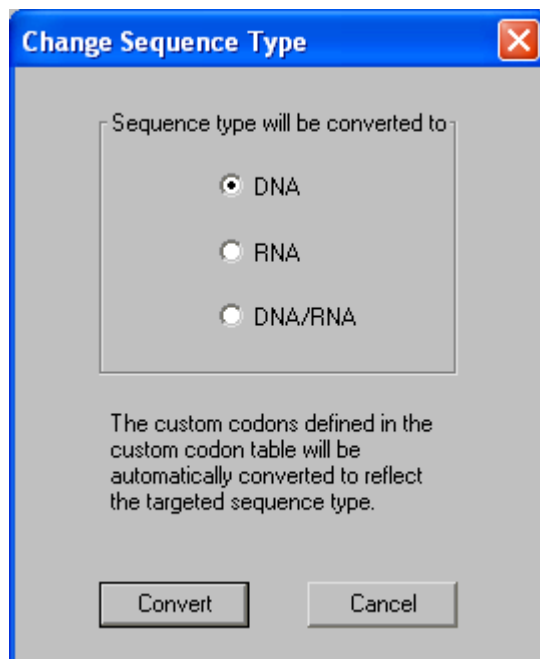


図 5-20 : Change Sequence Type 画面

既存の非タンパク質配列の型の変更方法：

1. 配列画面から変更する配列を選択する。
2. **AlterSeqType** ボタンをクリックする。Change Sequence Type 画面が表示される。
3. 該当する配列の型の横にあるラジオボタンをクリックして、異なる配列の型を選択する。
4. **Convert** ボタンをクリックする。

配列の型の変更後、カスタムコドンテーブルで定義されているカスタムコドンは対象の配列の型を反映するように自動的に変更される。結果として生じるカスタムコドンの複製（存在する場合は、カスタムコドンテーブルから削除される。

5.11 配列の確認

配列の確認方法：

1. 配列画面で、**Validate** ボタンをクリックする。エラーがある場合はメッセージ画面が表示され、エラーがない場合はステータスバーに「Validation is successful」と表示される。

注記：配列データの確認は、選択した配列名に対して実行される。

5.12 配列の保存

配列の保存方法：

1. 配列画面（図 5-1）で、**Save Project**ボタンをクリックする。配列は現在の状態で保存される。

注記：大きい複雑なプロジェクトで作業する場合は、特にシステム障害のときに何時間も再作業することにならないように頻繁に保存することが重要である。

5.13 保存したプロジェクトのリロード

一部のユーザーの要望により、現在のプロジェクトを最後に保存した状態から素早くロードするために**Reload Saved Project**ボタンが用意されている（図 5-1）。

5.14 Custom Codonsの追加

Custom Codons入力画面（図 5-21）では、ユーザーのワークステーションの標準コドンのリストにCustom Codonsを追加できる。この画面を表示するには、Application Stepsメニュー（図 4-1）からDefine Custom Codons項目を選択する。

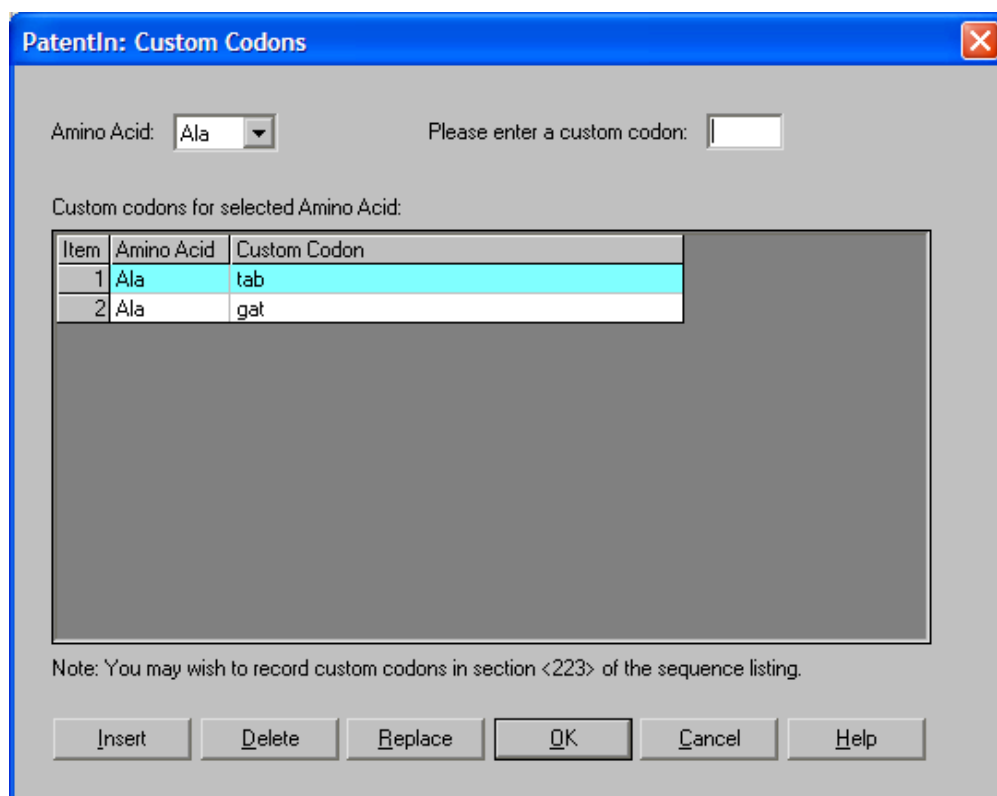


図 5-21 : Custom Codons 入力画面

Custom Codons の追加方法 :

1. Application Steps メニュー (図 4-1) から Define Custom Codons 項目を選択する。
2. ドロップダウンリスト (図 5-22) から **Amino Acid** を選択する。
3. **Custom Codon** を入力する。
4. **Insert** ボタンをクリックする。

注記 : この画面の形式は変更された。各アミノ酸を個別に選択する必要はなくなり、1つの画面で custom codons を見ることができるようになった。

Custom Codons の削除方法 :

1. リストの Custom Codons をクリックする。
2. **Delete** ボタンをクリックする。

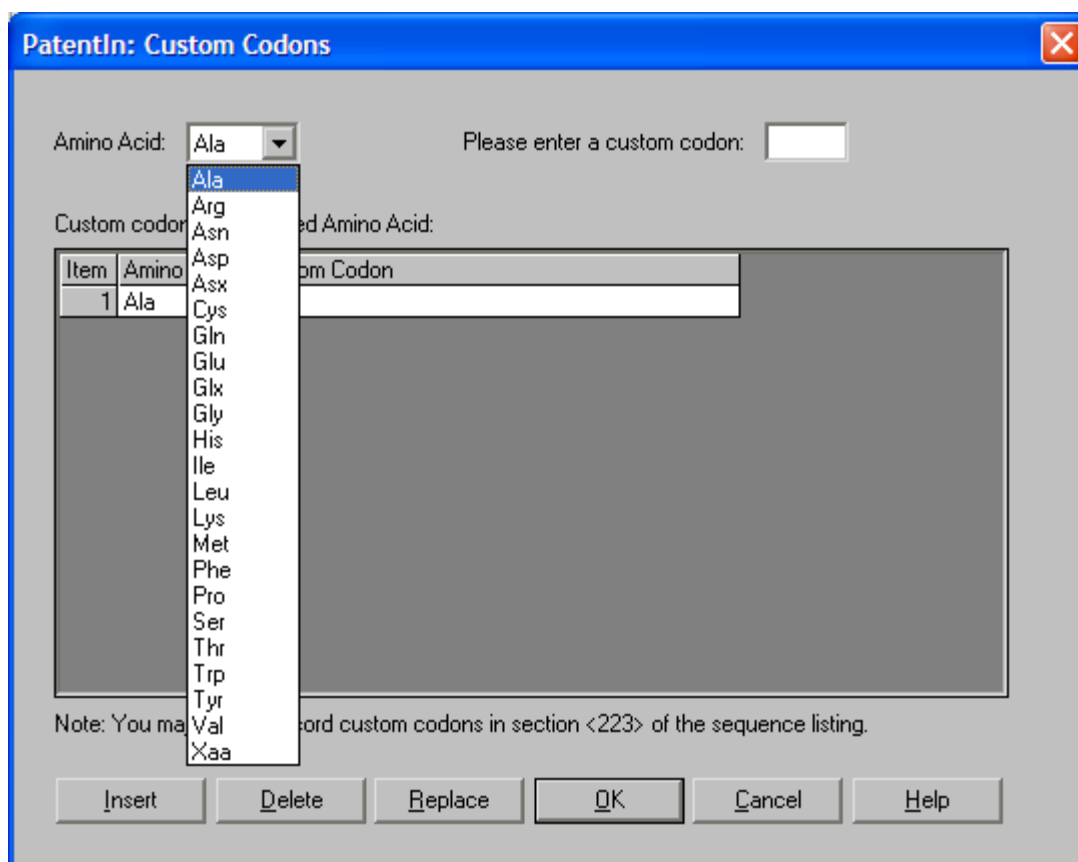


図 5-22 : Amino Acid ドロップダウンリストの画面

5.15 Custom Organismの追加

Custom Organism入力画面 (図 5-23) では、ユーザーの生物名リストにCustom Organismを追加できる。また、Custom Organismを選択して、配列画面 (図 5-1) に入力することもできる。この画面を表示するには、配列画面から**Custom**ボタンを選択する。画面にCustom Organismを入力すれば、生物名を追加または削除してリストを操作できる。

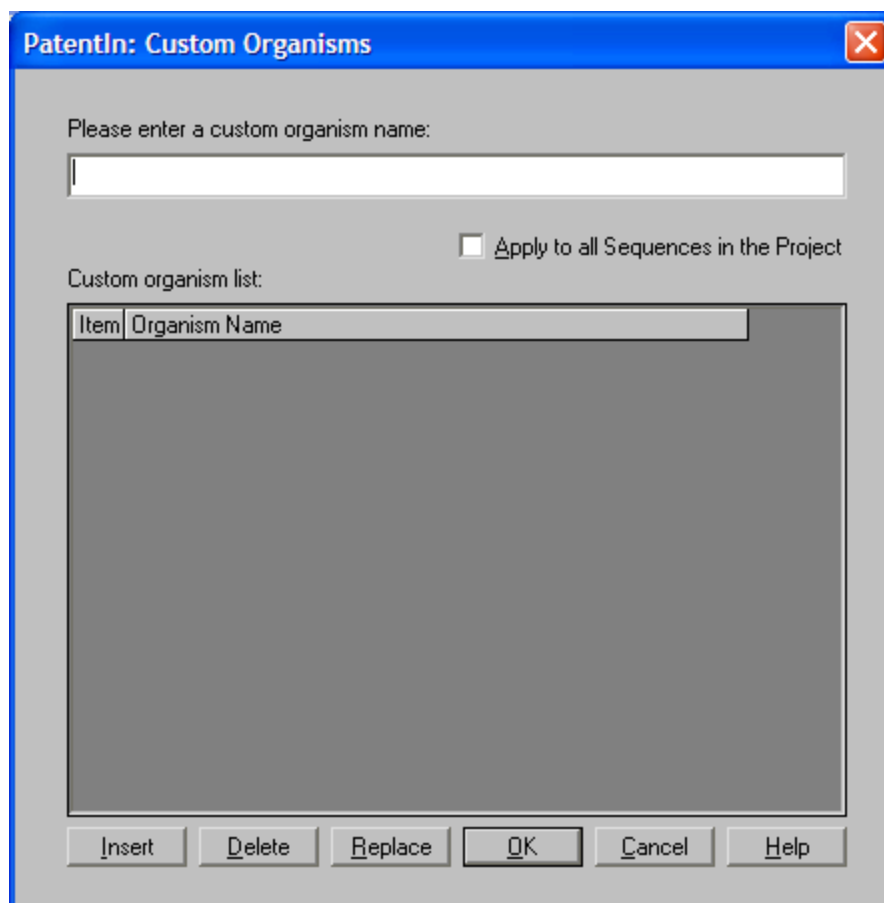


図 5-23 : Custom Organism 入力画面

Custom Organism の追加方法 :

1. 配列画面から **Custom** ボタンを選択する。
2. Custom Organism を入力する。
3. **Insert** ボタンをクリックする。

Custom Organism の削除方法 :

1. リストの Custom Organism をクリックする。
2. **Delete** ボタンをクリックする。

Custom Organism の置換方法 :

1. リストの Custom Organism をクリックする。
2. Custom Organism を入力する。
3. **Replace** ボタンをクリックする。

配列画面への **Custom Organism** の入力方法 :

1. **Organism** を選択して「Please enter a custom organism name」ボックスに生物名を表示させる。
2. **OK** ボタンをクリックする。

プロジェクトのすべての配列への **Custom Organism** の適用方法 :

1. **Apply to all Sequences in the Project** と表示されたチェックボックスをクリックする。
2. **OK** ボタンをクリックする。

5.16 人工的な配列または未知の生物

人工的な配列または未知の生物は、その生物に関しコメントを記入する必要がある。**Artificial Sequence** または **Unknown** のいずれかを **Organism Name** フィールドに入力し、別のフィールドに移動すると、図 5-24 に示されるように、自動的にポップアップボックスが表示される。

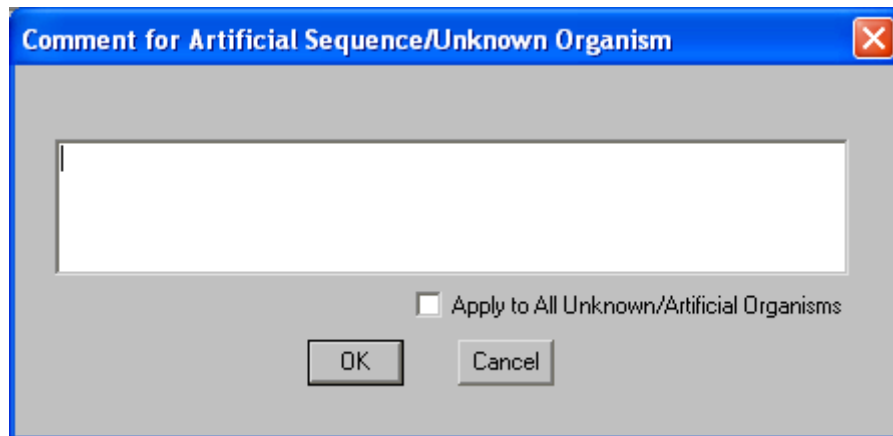


図 5-24 : **Artificial Sequence/Unknown Organism** コメント

1. 配列画面から **Standard** ボタンを選択する。
2. **Standard Organism** のリストから **Unknown** または **Artificial** のいずれかを選択する。
3. 別のセルを選択または別のセルに移動すると、生物の定義が必要である場合は自動的にコメントボックス (図 5-24) が現れる。
4. 生物に適したコメントを記入する。配列表が作成されると、この情報は <223> フィールドに置かれる。
5. 現在コメントが記入されていないすべての人工的な配列および/または未知の生物にコメントを適用する場合は、**Apply to All Unknown/Artificial Organisms** ボックスをチェックする。この機能の使用方法は、すべての配列を入力し、適切な人工的な配列および/または未知の生物にラベルを付けた後、ボックスをチェックしていずれかの配列にコメントを適用する。そうすると、プロジェクトのすべての人工的な配列に対して同じコメントが表示される。

注記： Application Steps/Artificial Sequence/Unknown Comment (図 4-1) を選択しても、このフィールドにアクセスできる。

注記： このボックスの内容は、できるだけ詳細に、かつできるだけ簡潔にすること。

注記： 配列表の<223>セクションは、Artificial Sequence/Unknown Organism または misc_feature のいずれかを使用して更新する。<223>セクションは、それぞれコメントまたは他の情報である。PatentIn 3.5.1 は、生物に Artificial または Unknown が使用されるヌクレチオド配列のコーディング領域から作成されたタンパク質入配列の<223>セクションに対して「Synthetic Construct」を作成する。

セクション 6 特徴データ

6.1 配列の特徴

Features画面（図 6-1）では、配列に関する特徴を作成および修正できる。この画面を表示するには、Application Stepsメニュー（図 4-1）から**Feature Data**を選択するか、PatentInツールバーの**Fea**ボタンを選択する。表示されている特徴は、配列画面で現在選択している配列に適用される。

PatentIn: Features - Demo Sequence 1

Sequence Type: DNA Sequence String Length: 9

Edit Feature

Note: Items marked with * are required fields.

Join All CDSs

* Feature Name / Key:

Relevant Residues From: To:

Other Information:

(If you have "n" or "X" in the sequence, please define them in the Other Info. field.)

Feature List:

Item	Feature Name	From Column	To Column
------	--------------	-------------	-----------

図 6-1 : Features 画面

特徴に関する情報の入力方法：

1. 配列に複数の CDS が含まれて、その複数の CDS を結合する場合、**Join All Code Sequence (CDS)** ボックスをチェックする。
2. **Names** ボタンをクリックすると、**Feature Name/Key** のヌクレチオド名のリストが表示される。
3. 「**Relevant Residue From**」と「**To**」に配列位置番号を入力する。

4. **Other Information** ボックス内でクリックすると、他の情報を入力できる。ここで、プロテイン配列の **x** や基本配列の **n** を記録する。Feature Name/Key を **misc_feature** にする必要がある。
5. 画面の **Edit Feature** 部分をクリアするには、**Clear** ボタンをクリックする。
6. **Feature List** のデータを挿入するには、**Insert** ボタンをクリックする。
7. **Feature List** のデータを置換するには、その項目を強調表示してから **Replace** ボタンをクリックする。
8. **Feature List** のデータを削除するには、その項目を強調表示してから **Delete** ボタンをクリックする。
9. 入力したデータを有効にするには、**Validate** をクリックする。その後、表に入力（挿入）したデータが有効になる。挿入されていない編集エリアのデータは有効にならない。
10. データを保存するには、**Save Project** ボタンをクリックする。
11. 有効にして閉じるには、**OK** ボタンをクリックする。
12. データをキャンセルするには、**Cancel** ボタンをクリックする。
13. ヘルプ情報を表示するには、**Help** ボタンをクリックする。

注記：Feature List に CDS が複数あるかどうかに応じて、**Join All CDSs** が表示されなかったり、表示されたりする。

注記：配列表の<223>セクションは、Artificial Sequence/Unknown Organism または **misc_feature** のいずれかを使用して更新する。<223>セクションは、それぞれコメントまたは他の情報である。また、「Xaa」に対して可能な解消を自動的に拡張する。

6.1.1 Feature Key 選択

Feature Names/Key 選択画面（図 6-2）では、ヌクレチオド名を選択できる。

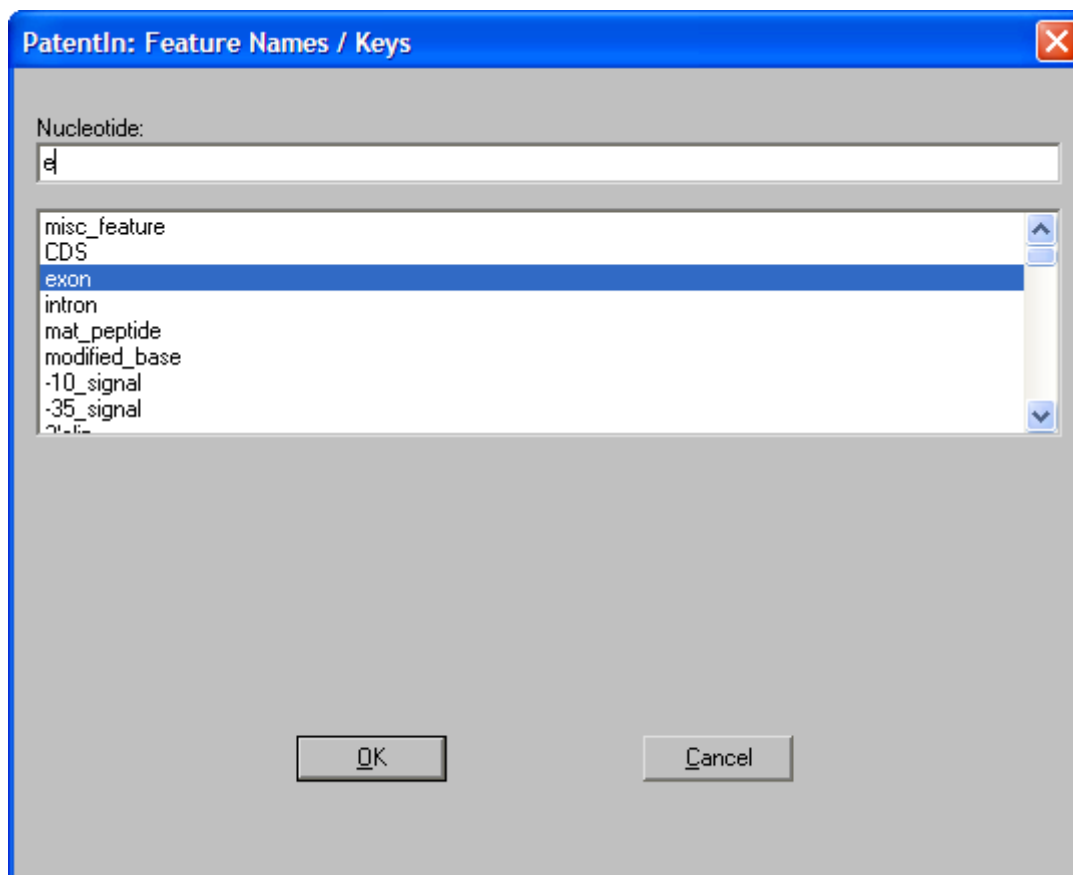


図 6-2 : Feature Names/Keys 選択画面

ヌクレチオド名の選択方法 :

1. Features画面 (図 6-1) の**Names**ボタンを選択する。
2. **Nucleotide** フィールドに入力を開始する。
3. または、特徴名をクリックするか、上下矢印キーを使用することによって、リストから特徴名を選択する。
4. **OK**をクリックすると、その選択が受け付けられ、Features画面 (図 6-1) に戻る。

6.1.2 Modified_Baseに必要な追加情報

Feature Names/Key Selection 画面 (図 6-3) では、modified_baseを選択すると自動的に別のウィンドウが開く。

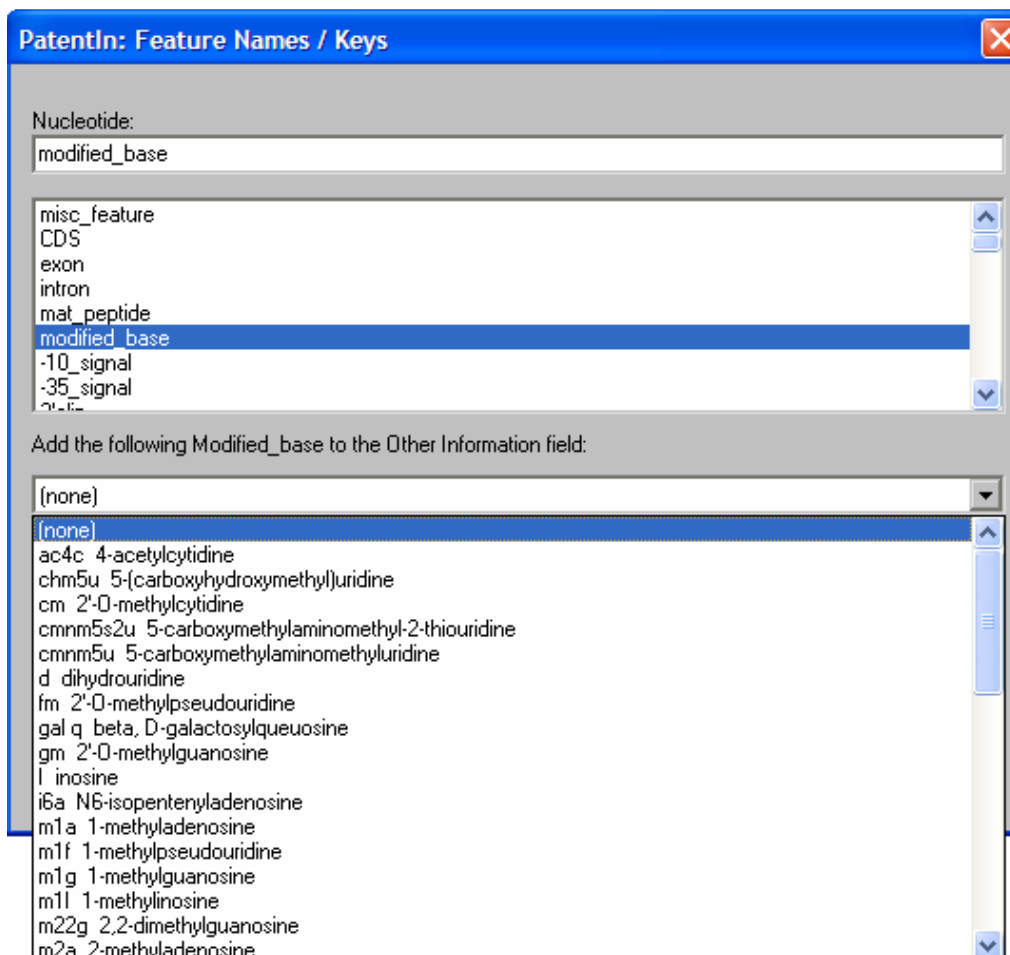


図 6-3 : Modified Base を表示した Feature Names/Key Selection 画面

Modified_base に関する情報の追加方法 :

1. 「Add the following modified_base to the Other Information」と示されているボックスのプルダウン矢印を選択する。
2. リストからmodified_baseを選択する (図 6-3)。
3. **OK**をクリックする (図 6-3)。

6.1.3 CDS (コード配列) に関する追加情報

ポリヌクレチド配列の CDS を指定している場合、DNA 配列は、コドンに分割された DNA と、各コドン下にある適切なアミノ酸が「混合した」形式で表示される。これは、まさに「エキソン」に特徴のある明細書に記載されることである。しかし、CDS を選択すると、PatentIn 3.5.1 では、ポリペプチド配列が「補足 (supplemental)」配列として自動的に生成される。

6.1.4 「N」または「Xaa」の詳細定義

変数の文字「n」がポリヌクレオチド配列に表示されている場合、または変数「Xaa」がポリペプチド配列に表示されている場合、ST.25には詳細定義が必要である。これは、misc_featureを使用した Other Information フィールドで示される。PatentInでは、「n」の定義を補足的なポリペプチド配列へコピーし、「Xaa」に翻訳する。

6.1.5 アミノ酸の選択

Feature Name/Key Selection画面（図 6-4）では、LIPIDを選択すると自動的に別のウィンドウが開く。

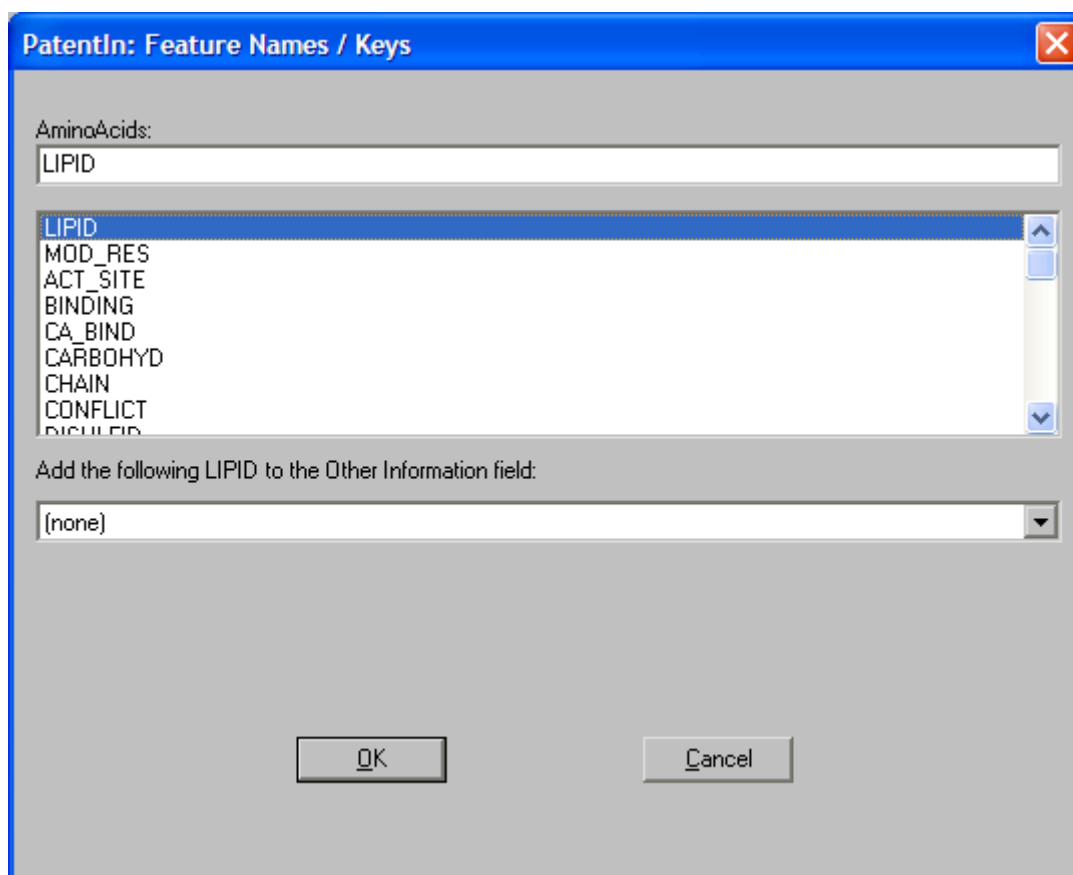


図 6-4 : LIPID を表示した Feature Names/Key Selection 画面

アミノ酸名の選択方法：

1. Features画面（図 6-1）の**Names**ボタンを選択する。
2. **Amino Acid** フィールドに入力を開始する。
3. 下向き矢印をクリックすると、ドロップダウンリスト（図 6-5）が表示されるので、そのリストから名前を選択する。
4. **OK**をクリックすると、その選択が受け付けられ、Feature画面（図 6-4）に戻る。

LIPIDに関する情報の追加方法：

1. 「Add the following LIPID to the Other Information field」と示されているボックスのプルダウン矢印を選択する。
2. リストから LIPID 情報を選択する。
3. **OK** ボタンをクリックする (図 6-4)。

6.1.6 MOD_RESに関する追加情報

Feature Names/Key Selection画面 (図 6-5) では、MOD_RESを選択すると自動的に別のウィンドウが2つ開く。

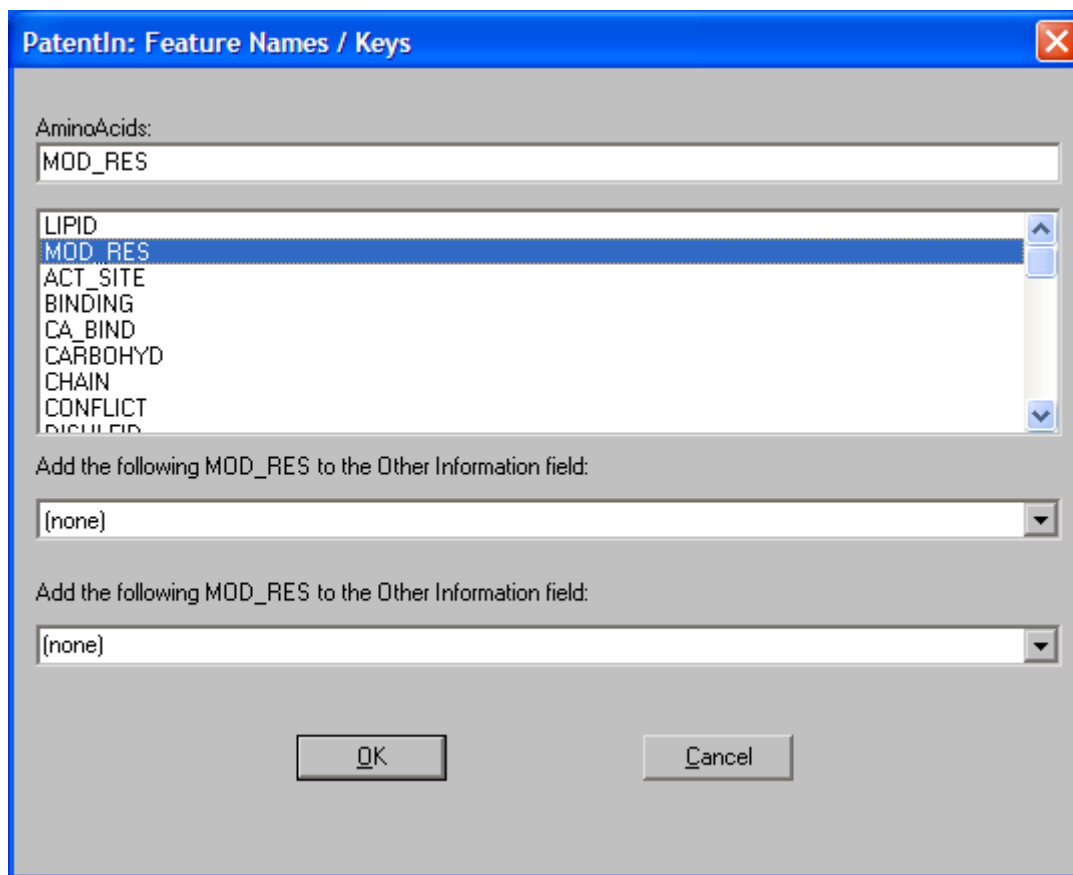


図 6-5 : MOD_RES が選択された Feature Names/Key Selection 画面

アミノ酸名の選択方法 :

1. Feature画面 (図 6-1) の**Names**ボタンを選択する。
2. **Amino Acid** フィールドに入力を開始する。
3. 下向き矢印をクリックすると、ドロップダウンリスト (図 6-2) が表示されるので、そのリストから名前を選択する。
4. **OK** をクリックすると、その選択が受け付けられ、Features 画面に戻る。

MOD_RES に関する情報の追加方法：

1. 「Add the following MOD_RES to the Other Information field」の1番目のボックスのプルダウン矢印を選択する。
2. リストから適切な情報を選択する（図 6-6）。
3. **OK**ボタンをクリックする（図 6-5）。

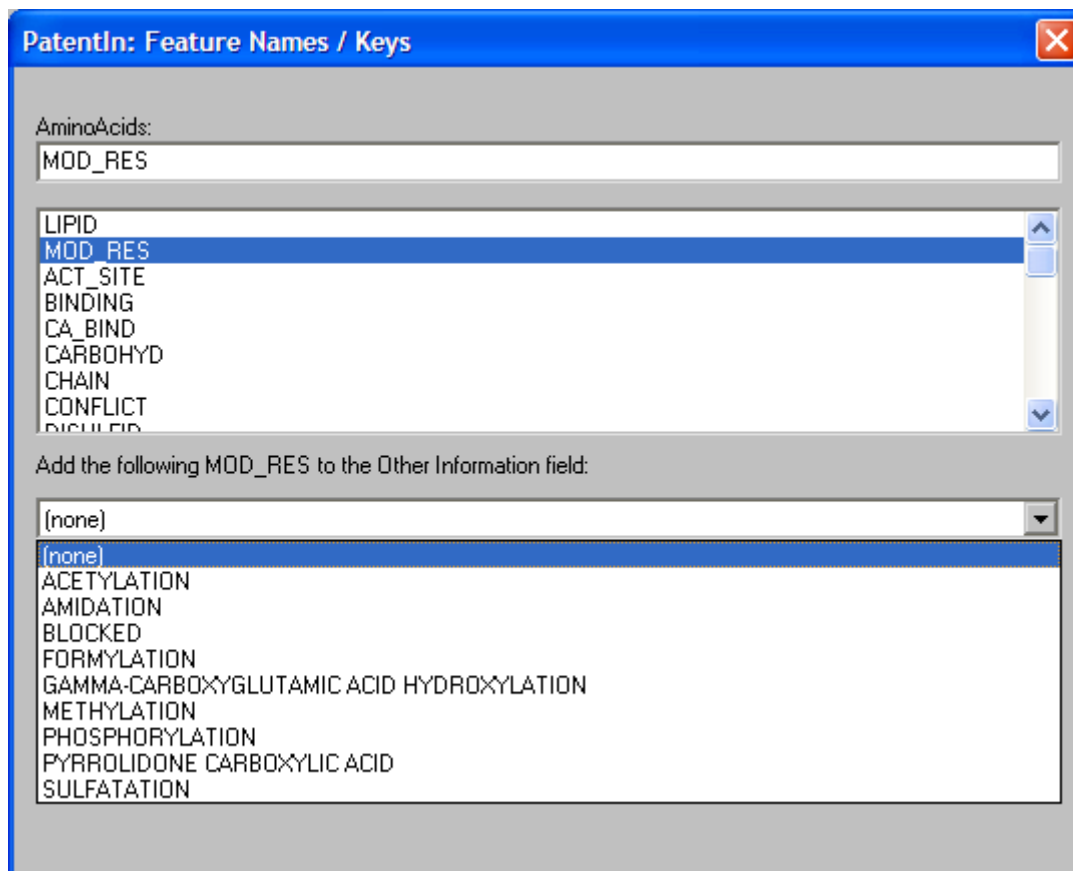


図 6-6 : 1 番目の MOD_RES プルダウンリスト

4. 「Add the following MOD_RES to the Other Information field」の2番目のボックスのプルダウン矢印を選択する。
5. リストから適切な情報を選択する（図 6-7）。
6. **OK**ボタンをクリックする（図 6-5）。

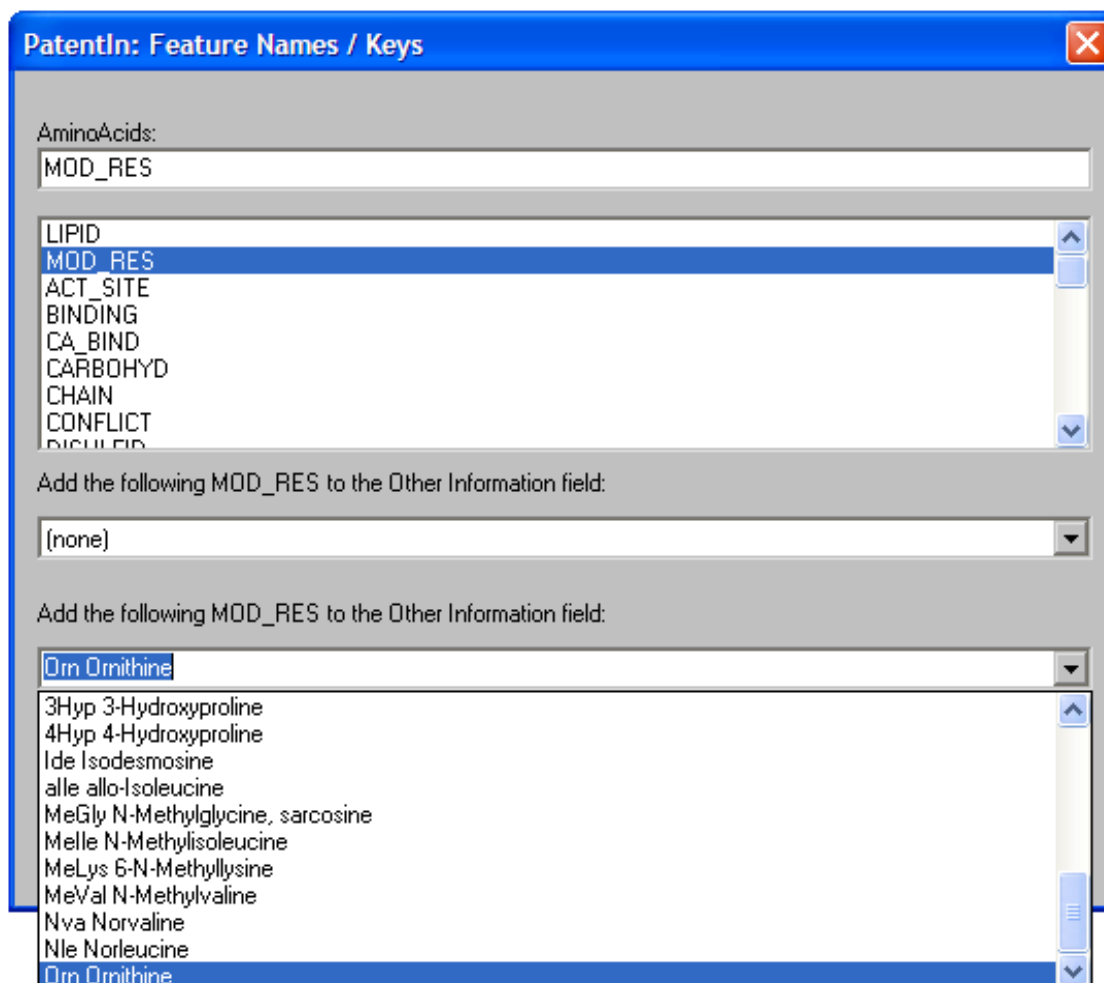


図 6-7 : 2 番目の MOD_RES プルダウンリスト

セクション 7 文献データ

7.1 文献種類の画面

文献種類の画面（図 7-1）では、文献情報を入力するための 4 種類の画面を表示できる。表示できる画面は、Journal、Database、Patent、Thesisである。この画面を表示するには、Application StepsメニューからPublication Dataを選択する。

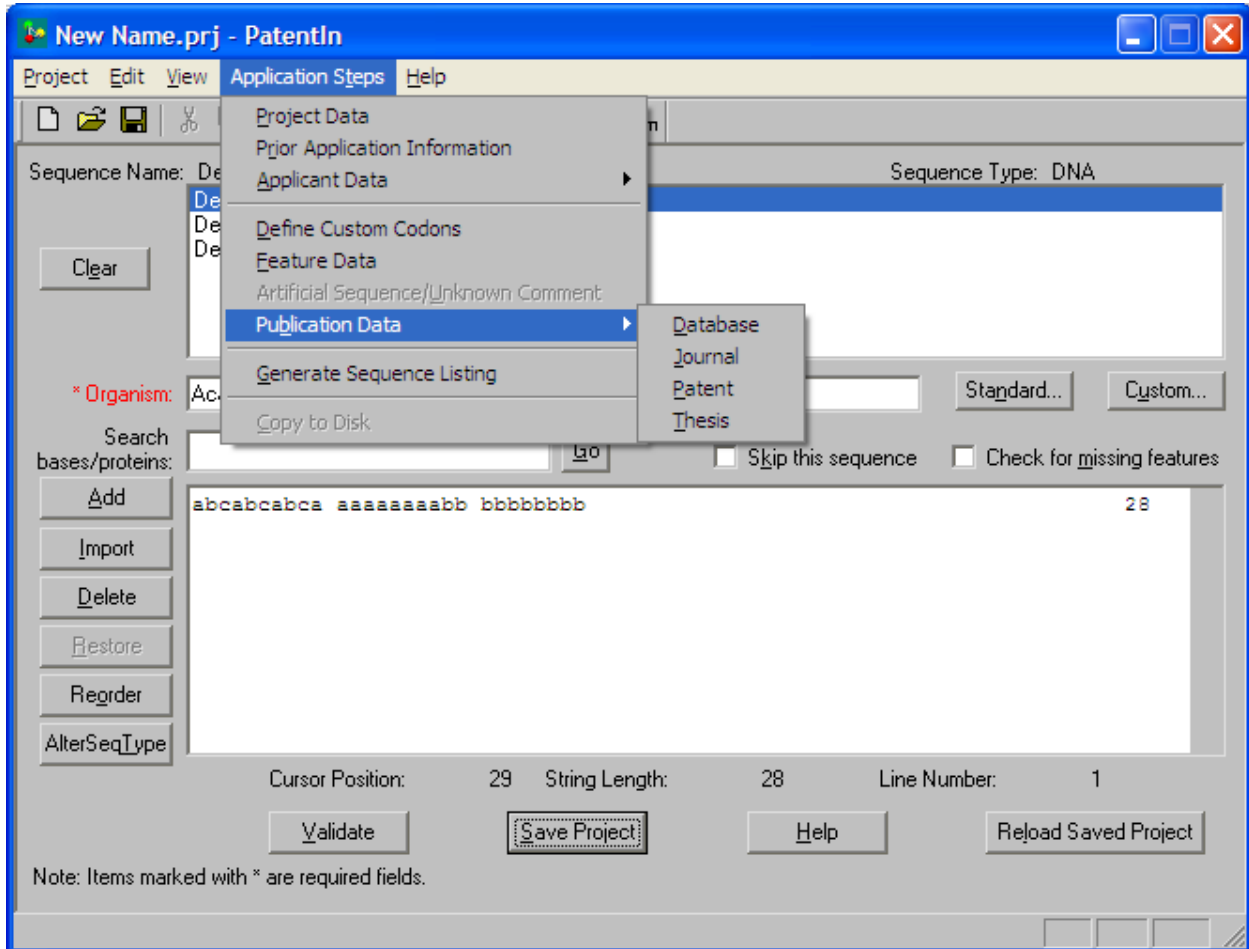


図 7-1 : 文献種類の画面

文献種類の選択方法 :

1. **Application Steps** のプルダウンメニューから、**Publication Data** をクリックする。

7.2 Journal文献情報

Journals文献情報画面（図 7-2）では、特許出願に対して、参考にした公開の科学文献を入力できる。

Item	Publication Title	Accession No.	From	To
------	-------------------	---------------	------	----

図 7-2 : Journals 文献情報画面

Journal 文献に関する情報の入力方法：

1. Application Steps メニューから、**Publication Data** を選択し、**Journal** を選択する。
2. **Database Name/Accession Number** を入力する。
3. **Database Entry Date** を入力する。
4. **Author(s)**に名前を入力する。
5. **Publication Title** を入力する。
6. ドロップダウン選択リストから **Journal** 名を選択する。リストに名前がない場合は、その名前を入力できる。

7. **Volume** を入力する。
8. **Issue** を入力する。
9. **Publication Date** を入力する。
10. **Page Ranges** を入力する。
11. **Relevant Residue From** と **To** に配列位置番号を入力する。
12. **Clear** ボタンをクリックすると、画面の **Journal Publications** 部分がクリアされる。
13. **Journal List** のデータを挿入するには、**Insert** ボタンをクリックする。
14. **Journal List** のデータを置換するには、その項目を強調表示し、画面最上部の項目を変更してから **Replace** ボタンをクリックする。
15. **Journal List** のデータを削除するには、その項目を強調表示してから **Delete** ボタンをクリックする。
16. 入力したデータを有効にするには、**Validate** をクリックする。その後、表に入力（挿入）したデータが有効になる。挿入されていない **Journal Publications** 編集エリアの情報は有効にならない。
17. データを保存するには、**Save Project** ボタンをクリックする。
18. 有効にして閉じるには、**OK** ボタンをクリックする。
19. 他の **Publication Data** に進むには、**To Databases**、**To Patents**、または **To Theses** ボタンをクリックする。

7.3 Databases文献情報

Database文献情報画面（図 7-3）では、特許出願に対して、参考にした公開の科学データベースを入力できる。

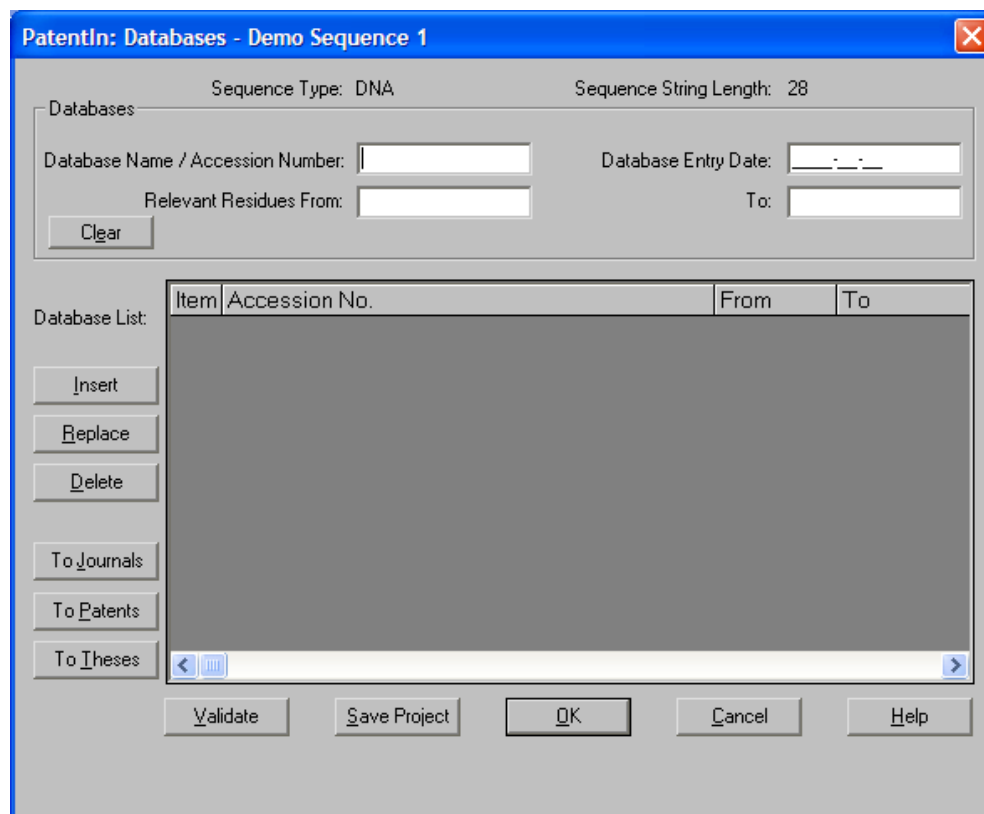


図 7-3 : Database 文献情報画面

データベース文献に関する情報の入力方法：

1. Application Steps から、Publications Data を選択した後、Database を選択する。
2. **Database Name/Accession Number** を入力する。
3. **Database Entry Date** を入力する。
4. **Relevant Residues From** と **To** に配列位置番号を入力する。
5. **Clear** ボタンをクリックすると、画面の **Database** 部分がクリアされる。
6. **Database List** にデータを挿入するには、**Insert** ボタンをクリックする。
7. **Database List** のデータを置換するには、その項目を強調表示し、画面最上部の項目を変更してから **Replace** ボタンをクリックする。
8. **Database List** のデータを削除するには、その項目を強調表示してから **Delete** ボタンをクリックする。
9. 入力したデータを有効にするには、**Validate** をクリックする。その後、表に入力（挿入）したデータが有効になる。挿入されていない編集エリアのデータは有効にならない。
10. データを保存するには、**Save Project** ボタンをクリックする。
11. 有効にして閉じるには、**OK** ボタンをクリックする。
12. 他の Publication Data に進むには、**To Journals**、**To Patents**、または **To Theses** ボタンをクリックする。

7.4 Patent文献情報

Patent文献情報画面（図 7-4）では、特許出願に対して、参考にした公開の特許文献情報を入力できる。

Item	Document No.	Accession No.	From	To
------	--------------	---------------	------	----

図 7-4 : Patents 文献情報画面

Patent 文献に関する情報の入力方法：

1. Application Steps から、Publications Data を選択した後、Patent を選択する。
2. **Database Name/Accession Number** を入力する。
3. **Database Entry Date** を入力する。
4. **Document Number** を入力する。
5. **Filing Date** を入力する。
6. **Publication Date** を入力する。
7. **Title** を入力する。
8. **Relevant Residues From** と **To** に配列位置番号を入力する。
9. Clear ボタンをクリックすると、画面の **Patents** 部分がクリアされる。
10. **Patent List** にデータを挿入するには、**Insert** ボタンをクリックする。
11. **Patent List** のデータを置換するには、その項目を強調表示し、画面最上部の項目を変更してから **Replace** ボタンをクリックする。
12. **Patent List** のデータを削除するには、その項目を強調表示してから **Delete** ボタンをクリックする。

13. 入力した情報を有効にするには、**Validate** をクリックする。その後、表に入力（挿入）したデータが有効になる。挿入されていない編集エリアのデータは有効にならない。
14. 情報を保存するには、**Save Project** ボタンをクリックする。
15. 有効にして閉じるには、**OK** ボタンをクリックする。
16. 他の **Publication Data** に進むには、**To Databases**、**To Journals**、または **To Theses** ボタンをクリックする。

7.5 Theses 文献情報

These 文献情報画面（図 7-5）では、特許出願に対して、参考にした公開の論文文献情報を入力できる。

Item	Title	Accession No.	From	To
------	-------	---------------	------	----

図 7-5 : Theses 文献情報画面

Thesis 文献に関する情報の入力方法：

1. Application Steps から、Publications Data を選択した後、Thesis を選択する。
2. **Database Name/Accession Number** を入力する。
3. **Database Entry Date** を入力する。
4. **Author(s)**に名前を入力する。
5. **Title** を入力する。
6. **Publication Date** を入力する。
7. **Page Ranges** を入力する。
8. **Relevant Residues From** と **To** に配列位置番号を入力する。

9. **Clear** ボタンをクリックすると、画面の **Theses** 部分がクリアされる。
10. **Thesis List** にデータを挿入するには、**Insert** ボタンをクリックする。
11. **Thesis List** のデータを置換するには、その項目を強調表示し、画面最上部の項目を変更してから **Replace** ボタンをクリックする。
12. **Thesis List** のデータを削除するには、その項目を強調表示してから **Delete** ボタンをクリックする。
13. 入力したデータを有効にするには、**Validate** をクリックする。その後、表に入力（挿入）したデータが有効になる。挿入されていない編集エリアのデータは有効にならない。
14. データを保存するには、**Save Project** ボタンをクリックする。
15. 有効にして閉じるには、**OK** ボタンをクリックする。
16. 他の **Publication Data** に進むには、**To Databases**、**To Journals**、または **To Patents** ボタンをクリックする。

セクション 8 配列表プロジェクトファイルの作成

8.1 配列表ファイル

配列表ファイルには、ST.25 が要求するすべての情報が含まれている。PatentIn 3.5.1 は、テキスト形式の配列表を生成する。配列表の名前は、現在の PatentIn プロジェクト名に「_ST25.txt」が追加されたものからなる。この ST25 ファイルは、プロジェクトを含むディレクトリに置かれる。

8.2 配列表ファイルの作成

Sequence Generation Screen (図 8-1) は、作成処理が行われることをユーザーに通知し、また、処理中にエラーが発生すると通知用のオプションを出力する。

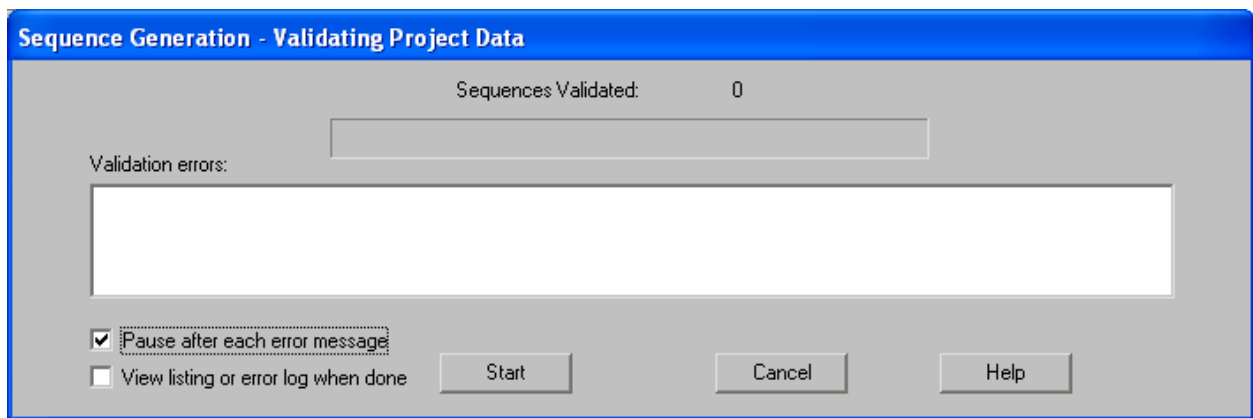


図 8-1 : Sequence Generation 画面

配列表の作成方法：

1. **Application Steps**メニュー (図 4-1) から**Generate Sequence Listing**を選択するか、PatentIn ツールバーの**Gen**ボタンを選択する。
2. 配列データのエラーが発生したときに通知を受けようとする場合は、「Pause after each error」の横のボックスをクリックする。
3. 作成後すぐに配列表またはエラーログを表示する場合は、「View listing or error log when done」の横のボックスをクリックする。作成が終了すると、配列表/ログが自動的に作成される。
4. 配列作成の **Start** をクリックする。
5. **Continue** ボタンをクリックすると、確認が継続される (図 8-2)。
6. **Cancel** ボタンをクリックすると、確認がキャンセルされる。
7. 「Pause after each error message」を選択している場合にエラーメッセージが表示されると、確認が中断する。

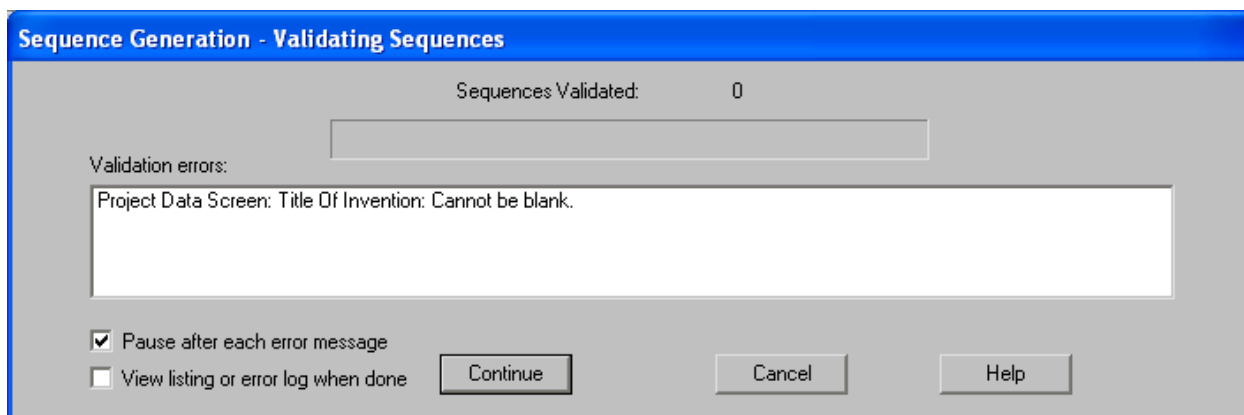


図 8-2 : 2 番目の Sequence Generation 画面

8.3 配列表ファイルの表示

配列表プロジェクトファイルの表示方法：

1. **View listing or error log when done**を選択している場合に配列作成が成功すると、表示結果ウィンドウに自動的に配列表が表示される（図 8-3）。**View listing or error log when done**を選択していない場合は、**Project**メニューから**View/Print Sequence Listing**または**View/Print Error Report**を選択することによって、同じ結果を表示できる。

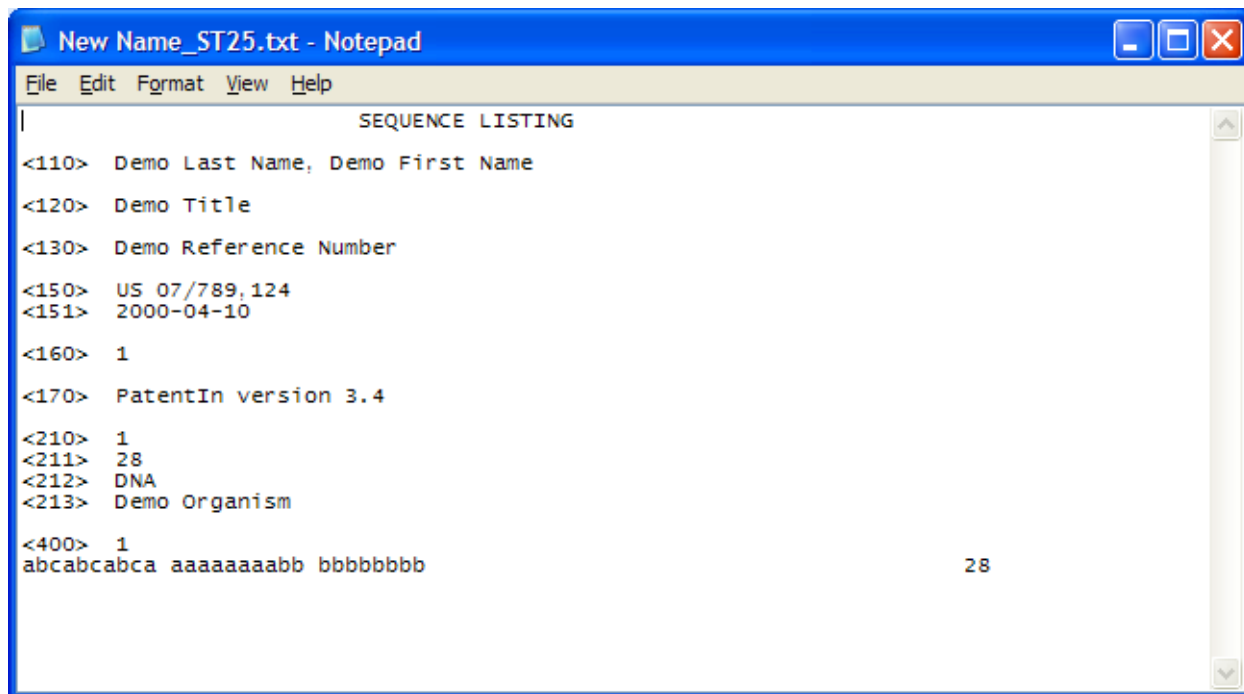


図 8-3 : 表示結果ウィンドウ

非常に大きな配列や多数の配列を処理する場合の特別注記：USPTOは、非常に大きなテキストファイルを適切に処理するビューアをウェブサイトに置いている。60日限定評価版が<http://www.fileviewer.com>からダウンロードできる。ビューアの名前は「V」、

バージョンは 7.2 SR-2 である。USPTOは、Vソフトウェアの初期バージョンを使用して 60 MBおよび 120 MBのファイルを正常に開けることができた。ビューアはWindows 98 搭載のラップトップ型PCで試験された。（インストールにはLocalAdminが必要な場合がある。）USPTOは本製品を推奨していないが、このような用途に使用できる製品の例として挙げている。

8.4 配列表をディスクにコピーする

ディスクへのコピー画面（図 8-4）では、ファイルのコピー先のドライブ名、コピーしたファイルのファイル名、およびコピーしたファイルの形式を指定できる。

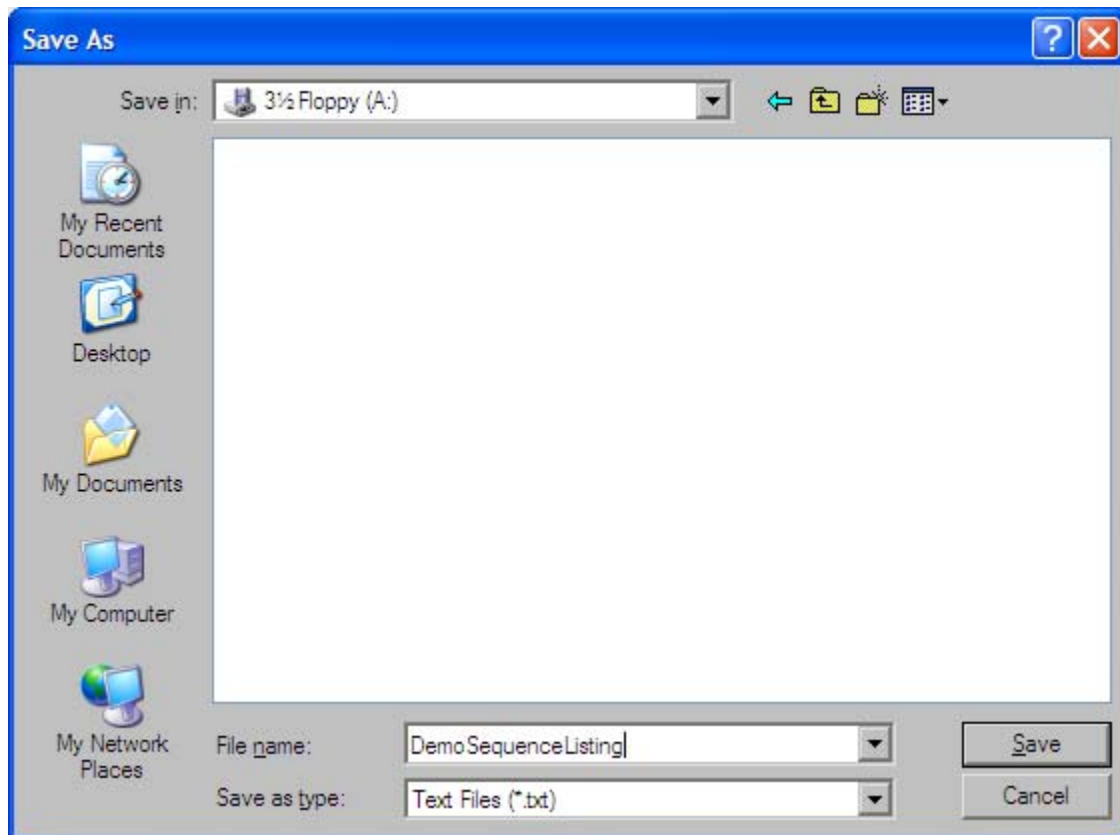


図 8-4 : ディスクへのコピー画面

配列表のコピー方法：

1. **A**pplication Stepsメニュー（図 4-1）から**C**opy to Diskを選択する。
2. Save inフィールドでドライブ名（図 8-4）を選択する。
3. Save as type フィールドで.txt または.zip の形式を選択する。
4. File name フィールドにファイル名を入力する。
5. Save をクリックすると、出願書類が送信される。

.txt を選択すると、PatentIn は、ディスクに配列ファイルを保存する十分な空き容量があるかどうかを確認する。空き容量が十分である場合、選択した場所にファイルがコピー

一される。空き容量が十分でない場合、PatentIn では、**.zip** 形式で保存することが提案される。

注記： .zip ファイルは、フロッピーディスク（複数可）、ハードディスクドライブ、およびネットワークドライブでのみ使用できる。

注記： 通常、ハードディスクドライブを選択すると、ユーザーはこのコピー先として取り外し可能なメディアを選択するように促される。

注記： コンパクトディスク（CD）に保存するには、他のドライブと同様の機能を持つ CD が必要である。つまり、CD がディスクドライブ（例：F ドライブ）であるかのように、ユーザーがエクスプローラタイプのコマンドを実行できるということである。ご使用の CD にそのようなドライバーがなくても、ファイルを、ハードディスクドライブのそのファイルが作成された場所にそのまま置くことができる。ファイル名は、プロジェクト名に「_ST25.txt」が追加されたものになる。

セクション 9 略語一覧

表 9-1は、本文書で使用される固有の略語を示す。

表 9-1 : 略語

略語	説明
AN	出願人名
ASCII	米国情報交換用標準コード
CDS	コード配列
DID	データ品目明細書
DLL	ダイナミックリンクライブラリ
DNA	デオキシリボ核酸
DOS	ディスクオペレーティングシステム
EPO	欧州特許庁
ET	同型核分裂の
FQT	機能品質テスト
LTR	末端反復配列
MB	メガバイト
MS	マイクロソフト
PC	パーソナルコンピュータ
RBS	リボソーム結合部位
STS	配列標識部位
UM	ユーザーズマニュアル
US	米国
USPTO	米国特許商標庁
WIPO	世界知的所有権機関
WPI	Web PatentIn
XP	Microsoft eXPerience

Appendix A フィールドの識別名、長さ、タイプ

表 A-1 は、データ入力画面に表示される全フィールドの名前、その対応するフィールド識別子、フィールド長、およびフィールドとタイプの一覧を示す。フィールド識別子は、未処理のデータファイルと配列表プロジェクトファイルの PatentIn データを区別するために使用する。

表 A-1：フィールド名、識別子、長さ、タイプ

フィールド 識別子	フィールド名	フィールド長	フィールドタイプ A-アルファベット N-数字
N/A	プロジェクト名	8	AN
<110>	出願人名	1200	AN
<120>	発明の名称	240	AN
<130>	ファイル参照	60	AN
<140>	最新出願番号	23	AN
<141>	最新出願日	8	N
<150>	先願番号	23	AN
<151>	先願提出日	8	N
N/A	配列ファイル名	8	AN
<160>	配列数	5	N
<170>	ソフトウェア	60	AN
<210>	SEQ ID No.の情報	5	N
<211>	長さ	6	N
<212>	型	3	A
<213>	生物	60	AN
<220>	特徴	0	B
<221>	Name/key	20	AN
<222>	位置	12	N
<223>	他の情報	260	AN
<300>	文献情報	0	B
<301>	著書	120	AN
<302>	(文献) 名	120	AN
<303>	刊行物 (名)	40	AN
<304>	巻数	5	AN
<305>	号数	5	AN
<306>	ページ	20	AN
<307>	日付	30	AN
<308>	データベース登録番号	45	AN
<309>	データベース入力日	8	N
<310>	文献番号	18	AN

フィールド 識別子	フィールド名	フィールド長	フィールドタイプ A-アルファベット N-数字
<311>	出願日	8	N
<312>	公開日	8	N
<313>	関連する残基	20	N
<400>	配列明細	100,000	AN

Appendix B 国コード

表B-1は、Project Data画面（図 4-2）のCurrent Application Number、および**Prior Application Information**画面（図 4-3）の**Prior Application Number**フィールドに入力する場合に使用する国コードの一覧を示す。

表 B-1：国コード

コード	国名
AF	アフガニスタン
OA	アフリカ知的所有権機関（OAPI）
AP	アフリカ地域産業所有権機関（ARIPO）
AL	アルバニア
DZ	アルジェリア
AO	アンゴラ
AI	アンギラ
AG	アンティグア・バーブダ
AR	アルゼンチン
AU	オーストラリア
AT	オーストリア
BS	バハマ
BH	バーレーン
BD	バングラディッシュ
BB	バルバドス
BE	ベルギー
BZ	ベリーズ
BX	ベネルクス商標意匠庁
BJ	ベニン
BM	バミューダ
BT	ブータン
BO	ボルビア
BW	ボツワナ
BR	ブラジル
VG	英領バージン諸島
BN	ブルネイダルサラーム
BG	ブルガリア
BF	ブルキナファソ
BU	ビルマ
BI	ブルンディ
CM	カメルーン
CA	カナダ

コード	国名
CV	カーボベルデ
KY	ケイマン諸島
CF	中央アフリカ共和国
TD	チャド
CL	チリ
CN	中国
CO	コロンビア
KM	コモロ
CG	コンゴ
CR	コスタリカ
CI	コートディヴォワール
CU	キューバ
CY	キプロス
CS	チェコスロバキア
KH	民主カンボジア
KP	朝鮮民主主義共和国
YD	イエメン
DK	デンマーク
DJ	ジブティ
DM	ドミニカ
DO	ドミニカ共和国
EC	エクアドル
EG	エジプト
SV	エルサドバドル
GQ	赤道ギニア
ET	エチオピア
EP	欧州特許庁 (EPO)
FK	フォークランド諸島 (マルビナス)
FJ	フィジー
FI	フィンランド
FR	フランス
GA	ガボン
GM	ガンビア
DD	ドイツ民主共和国
DE	ドイツ連邦共和国
GH	ガーナ
GI	ジブラルタル
GR	ギリシャ

コード	国名
GD	グレナダ
GT	グアテマラ
GN	ギニア
GW	ギニアビサウ
GY	ガイアナ
HT	ハイチ
VA	教皇庁
HN	ホンデュラス
HK	香港
HU	ハンガリー
IS	アイスランド
IN	インド
ID	インドネシア
IR	イラン (イスラム共和国)
IQ	イラク
IE	アイルランド
IL	イスラエル
IT	イタリア
JM	ジャマイカ
JP	日本
JO	ヨルダン
KE	ケニア
KI	キラバチ
KW	クウェート
LA	ラオス
LB	レバノン
LS	レソト
LR	リベリア
LY	リビア
LI	リヒテンシュタイン
LU	ルクセンブルグ
MG	マダガスカル
MW	マラウイ
MY	マレーシア
MV	モルディブ
ML	マリ
MT	マルタ
MR	モーリタニア

コード	国名
MU	モーリシャス
MX	メキシコ
MC	モナコ
MN	モンゴル
MS	モントセラト
MA	モロッコ
MZ	モザンビーク
NR	ナウル
NP	ネパール
NL	オランダ
AN	オランダ領アンティル
NZ	ニュージーランド
NI	ニカラグア
NE	ニジェール
NG	ナイジェリア
NO	ノルウェイ
OM	オマーン
PK	パキスタン
PA	パナマ
PG	パプアニューギニア
PY	パラグアイ
PE	ペルー
PH	フィリピン
PL	ポーランド
PT	ポルトガル
QA	カタール
KR	韓国
RO	ルーマニア
RW	ルワンダ
KN	セントクリストファー・ネヴィス
SH	セントヘレナ
LC	セントルシア
VC	セントヴィンセント・グレナディン
WS	サモワ
SM	サンマリノ
ST	サントメ・プリンシペ
SA	サウジアラビア
SN	セネガル

コード	国名
SC	セーシェル
SL	シエラレオネ
SG	シンガポール
SB	ソロモン諸島
SO	ソマリア
ZA	南アフリカ
SU	ソ連
ES	スペイン
LK	スリランカ
SD	スーダン
SR	スリナム
SZ	スワジランド
SE	スウェーデン
CH	スイス
SY	シリア
TW	台湾、中国領
TH	タイ
TG	トーゴ
TO	トンガ
TT	トリニダード・トバゴ
TN	チュニジア
TR	トルコ
TV	トゥヴァル
UG	ウガンダ
AE	アラブ首長国連邦
GB	イギリス
TZ	タンザニア連合共和国
US	アメリカ合衆国
UY	ウルグアイ
VU	ヴァヌアトゥ
VE	ベネズエラ
VN	ベトナム
WO	世界知的所有権機関 (WIPO)
YE	イエメン
YU	ユーゴスラビア
ZR	ザイール
ZM	ザンビア
ZW	ジンバブウェ

Appendix C ヌクレオチドトリプレット (コドン) と 1 文字および 3 文字のアミノ酸コードの変換表

表C-1は、PRT/1 データを配列明細フィールドにキー入力したり、PRT/3 データをインポートしたり、配列明細フィールドのPRT/1 データを変換したりするために使用できる文字の一覧を示す。対応するヌクレオチドトリプレットデータは、配列表プロジェクトファイルの生成中に、CDSの特徴を持つコドン (ヌクレオチドトリプレット) がすべてアミノ略称 (PRT/3) に変換されるときに用いられる。

表 C-1 : ヌクレオチド文字とアミノ文字の変換

PRT/1	PRT/3	対応するヌクレオチド
A	Ala	gcu, gcc, gca, gcg, gct
R	Arg	cgu, cgc, cga, cgg, cgt, aga, agg
N	Asn	aau, aac, aat
D	Asp	gau, gac, gat
B	Asx	
C	Cys	ugu, ugc, tgt, tgc
Q	Gln	caa, cag
E	Glu	gaa, gag
Z	Glx	
G	Gly	ggu, ggc, gga, ggg, ggt
H	His	cau, cac, cat
I	Ile	auu, auc, aua, att, atc, ata
L	Leu	uua, uug, cuu, cuc, cua, cug, tta, ttg, ctt, ctc, cta, ctg
K	Lys	aaa, aag
M	Met	aug, atg
F	Phe	uuu, uuc, ttt, ttc
P	Pro	ccu, ccc, cca, ccg, cct
S	Ser	ucu, ucc, uca, ucg, tct, tcc, tca, tcg, agu, agc, agt
T	Thr	acu, acc, aca, acg, act
W	Trp	ugg, tgg
Y	Tyr	uau, uac, tat, tac
V	Val	guu, guc, gua, gug, gtt, gtc, gta, gtg
X	Xaa	any set containing "n"

Appendix D ヌクレオチド配列の特徴

表D-1は、**Sequence Type**としてDNAまたはRNAを事前に選択して**Names**ボタンを選択したときに配列画面に表示される、**Nucleotide**配列の特徴の（英数字順での）一覧を示す。ヌクレオチドのリストは、**Nucleotide**ボックスの端の下向き矢印をクリックすると選択リストに表示される。選択リストの配列の特徴をクリックすると、**Feature/Name/Key**フィールド（<221>）に配列の特徴名が表示される。

表 D-1：ヌクレオチド配列の特徴

キー	説明
allele	関連する個体または系統が、この存在位置（および他の位置の場合もある）に存在する配列と異なる同一の遺伝子の安定した代替の形態を示している。
attenuator	(1) 転写終了の調整が行われる DNA 領域であり、いくつかの最近オペロンの発現を制御する。 (2) プロモーターと、転写の部分的な終了を引き起こす最初の構造遺伝子の間にある配列部位。
C_region	免疫グロブリンの軽鎖および重鎖、T 細胞レセプターのアルファ鎖、ベータ鎖、ガンマ鎖の定常領域。
CAAT_signal	CAAT ボックス：RNA ポリメラーゼ結合に関与できる真核生物の転写単位の開始点から約 75bp 上流に位置する保存配列の一部。共通配列 =GG(C または T)CAATCT
CDS	コーディング配列：タンパク質中のアミノ酸配列に一致するヌクレオチドの配列（位置は終始コドンを含む）。特徴として、アミノ酸の概念翻訳がある。
conflict	「同一」配列の独自の決定がこの場所または領域で異なる。
D-loop	置換ループ：RNA の短い部分が DNA 鎖と対をつくるミトコンドリア DNA 内の領域であり、この領域で元のパートナーの DNA 鎖と置き換わる。RecA タンパク質による触媒反応において単鎖インベーターによる 2 本鎖 DNA の 1 本の鎖の領域の置換を説明するためにも使用される。
D-segment	免疫グロブリンの重鎖および T 細胞レセプター鎖の多様性部位
enhancer	(いくつかの) 真核性プロモーターの利用を増大するシス作用配列であり、プロモーターを基準として、いずれの方向および存在位置（上流または下流）にも機能できる。
exon	スプライスされた mRNA の一部に対してコーディングするゲノム領域。5'UTR、すべての CDS、3'UTR を含むことができる。
GC_signal	GC ボックス：複数コピー、またはいずれかの方向で可能な真核生物の転写単位の開始点の上流に位置する保存 GC に富む領域。共通配列 =gggcgg

キー	説明
gene	遺伝子として特定され、名称が割り当てられている生物学的に重要な領域。
iDNA	介在 DNA：複数の種類の組み換えによって排除される DNA。
intron	転写される DNA の部位であるが、いずれかの側の配列 (exons) と共にスプライスすることによって転写物の範囲から除去される。
J_segment	免疫グロブリンの軽鎖と重鎖および T 細胞レセプターのアルファ鎖、ベータ鎖、ガンマ鎖の結合部位。
LTR	長い末端リピートであり、通常レトロウィルスに検出される種類の、定義された配列の両端で直接繰り返される配列
mat_peptide	成熟ペプチドまたは成熟タンパク質のコード配列で、翻訳後の修飾体へ続く成熟または最終ペプチドまたはタンパク質に関するコード配列。存在位置は終止コドンを含まない (対応する CDS と異なる)。
misc_binding	他の結合記号 (primer_bind または protein_bind) で記述できない別の部分を共有結合または非共有結合する核酸の場所。
misc_difference	特徴の配列が、記載時に示されたものと異なり、他の相違キー (conflict、unsure、old_sequence、mutation、variation、allele または modified_base) で記述できない。
misc_feature	他の特徴のキーで記述できない生物学的に重要な領域。新しい、またはまれな特徴。
misc_recomb	他の組み換えキー (iDNA および virion) またはソースキー (/insertion_seq、/transposon、/proviral) で記述できない 2 本鎖 DNA の切断および再結合がある場合、一般化された、その場所固有のまたは複製の組み換え部位。
misc_RNA	他の RNA キー (prim_transcript、precursor_RNA、mRNA、5' clip、3' clip、5' UTR、3' UTR、exon、CDS、sig_peptide、transit_peptide、mat_peptide、intron、polyA_site、rRNA、tRNA、scRNA、snRNA) で定義できない転写物または RNA 生成物。
misc_signal	他のシグナルキー (promoter、CAAT_signal、TATA_signal、-35_signal、-10_signal、GC_signal、RBS、polyA_signal、enhancer、attenuator、terminator、rep_origin) で記述できない遺伝子機能または発現を制御または変更するシグナルを含む領域。
misc_structure	他の構造記号 (stem_loop および D-loop) で記述できない 2 次構造、3 次構造、または配座。
modified_base	指定されたヌクレチオドが修飾ヌクレチオドであり、指定された分子 (mod_base 修飾子の値で示される) と置換する必要がある。
mRNA	メッセンジャー RNA。5' の未翻訳領域 (5'UTR)、コード配列 (CDS、exon) および 3' の未翻訳領域 (3'UTR)
mutation	関連系統が、この存在位置の配列に遺伝する突然変異を有する。
N_region	再配置された免疫グロブリン部位の間に挿入される余剰ヌクレチオド

キー	説明
old_sequence	示された配列が、この存在位置の配列の旧バージョンを改訂する。
polyA_signal	ポリAで二レーションの前に生じる RNA 転写物のエンドヌクレアーゼによる切断に必要な認識領域。
polyA_site	転写後のポリAデニレーションによりアデニン残基が追加される RNA 転写物の場所。
precursor_RNA	まだ成熟 RNA になっておらず、5'のクリップされた領域 (5'clip)、5'の未翻訳領域 (5'UTR)、コード配列 (CDS、exon)、介在配列 (intron)、3'の未翻訳領域 (3'UTR) 3'のクリップされた領域 (3'clip) を含めることができる RNA 種。
prim_transcript	第 1 (最初で未処理の) の転写物で、5'のクリップされた領域 (5'clip)、5'の未翻訳領域 (5'UTR)、コード配列 (CDS、exon)、介在配列 (intron)、3'の未翻訳領域 (3'UTR)、3'のクリップされた領域 (3'clip) を含めることができる RNA 種。
primer_bind	複製、転写、または逆転写を開始するための非共有プライマー結合の場所であり、例えば、PCR プライマー要素などの合成場所を含む。
promoter	転写を開始するために RNA ポリメラーゼの結合に関与する DNA 分子上の領域。
protein_bind	核酸の非共有タンパク質の結合場所
RBS	リボソームの結合場所
repeat_region	リピート単位を含むゲノムの領域
repeat_unit	単一のリピート要素
rep_origin	複製の基点であり、2つの同一コピーを与えるために核酸の複製を開始する場所
rRNA	成熟リボソーム RNA であり、アミノ酸を組み合わせてタンパク質を作るリボ核蛋白質 (リボソーム) の RNA 構成要素。
S_region	免疫グロブリンの重鎖の切り替え領域であり、同じ B 細胞から異なる免疫グロブリン等級の発現を起こす重鎖 DNA の再配置に関与する。
satellite	(同一のまたは関連する) 短い基本のリピート単位を縦に大量に繰り返したものであり、バルク (主要バンド) ゲノム DNA から分離できるゲノム平均と異なる塩基組成または他の性質を有するものが多い。
scRNA	小さい細胞質 RNA。細胞質および (時々) 真核生物の核に存在する複数の小さい細胞質 RNA 分子の 1 つである。
sig_peptide	シグナルペプチドコード配列。分泌されるタンパク質の N 末端領域のコード配列であり、この領域は発生期のポリペプチドを膜に付着させることに関与する。リーダー配列。
snRNA	小さい核 RNA。細胞核に閉じ込められている大量の小さい RNA 種の 1 つであり、snRNA のいくつかは、スプライシングまたは他の RNA 処理反応に関与する。

キー	説明
source	配列の指定範囲の生物学的ソースを特定する。このキーは必須である。あらゆる記載事項は最低でも配列全体におよぶ単一のソースキーを有する。1配列に複数のキーが許可される。
stem_loop	ヘアピン。RNA または DNA の 1 本鎖の隣接する（逆の）相補的配列の間の塩基対合によって形成される二重らせん領域。
STS	配列標識サイト。ゲノム上のマッピングの目印としての特徴を形成する短い単一コピー DNA 配列であり、PCR によって検出できる。ゲノムの領域は、連続する STS の順序を決定することによってマッピングできる。
TATA_signal	TATA ボックス。Goldberg-Hogness ボックス。真核生物 RNA ポリメラーゼ II の各転写単位の開始点より約 25bp 前にある保存 AT に富む septamer。その転写物単位は正しく転写を開始するための酵素を位置合わせすることに関与する。共通配列=tata(a または t)a(a または t)
terminator	転写物の末端、または RNA ポリメラーゼに転写を終了させるプロモーター領域に隣接部に配置する DNA 配列。リプレッサータンパク質の結合場所でもある。
transit_peptide	転移ペプチドコード配列。核符号化された細胞小器官のタンパク質の N 末端領域に対するコード配列。この領域は、タンパク質を細胞小器官に翻訳後に導入することに関与する。
tRNA	成熟トランスファー RNA。核酸配列のアミノ酸配列への翻訳を媒介する小さい RNA 分子（75-85 塩基）。
unsure	著者がこの領域の実際の配列について確信がないこと。
V_region	免疫グロブリンの軽鎖と重鎖、および T 細胞レセプターのアルファ鎖、ベータ鎖、ガンマ鎖の可変領域。可変アミノ末端部分のコード。V_segments、D_segments、N_regions、J_segments から構成できる。
V_segment	免疫グロブリンの軽鎖と重鎖、および T 細胞レセプターのアルファ鎖、ベータ鎖、ガンマ鎖の可変部位。ほとんどの可変領域（V_region）およびリーダーペプチドの最後のわずかなアミノ酸のコード。
variation	関連系統が、この存在位置（および他の場所の場合もある）に示されている配列と異なる同じ遺伝子（例えば、RFLP、多形など）からの安定した突然変異を含む。
3'clip	処理中にクリップされる先駆物質の転写物の 3'のほとんどの領域。
3'UTR	タンパク質に翻訳されない（終止コドンの後の）成熟した転写物の 3'末端の領域。
5'UTR	タンパク質に翻訳されない（開始コドンの前の）成熟した転写物の 5'末端の領域。
-10_signal	プリブナウボックス。RNA ポリメラーゼの結合に関与する細菌性転写

キー	説明
	単位の開始点から上流に約 10 bp の保存領域。共通配列=tataat
-35_signal	細菌性転写単位の開始点から上流に約 35bp の保存される 6 量体。共通配列=ttgaca []または tgttgaca []

Appendix E アミノ酸配列の特徴

表E-1は、**Sequence Type**としてPRTを事前を選択して**Names**ボタンを選択したときに配列画面に表示される、**AminoAcids**配列の特徴の（アルファベット順での）一覧を示す。配列の特徴のリストは、**AminoAcids**ボックスの端の下向き矢印をクリックすると選択リストに表示される。選択リストの配列の特徴をクリックすると、**Feature/Name/Key**フィールドに配列の特徴名が表示される。

表 E-1 : Amino Acid Sequence Features

キー	説明
ACT_SITE	酵素の活性に関与するアミノ酸
BINDING	化学基の結合部位（補酵素、補欠分子族など）。基の化学的性質は、明細書の本文に記載される。
CA_BIND	カルシウム結合領域の範囲
CARBOHYD	グリコシレーションの場所。糖質の性質は（既知である場合）、明細書の本文に記載される。
CHAIN	成熟タンパク質のポリペプチド鎖の範囲
CONFLICT	他の論文が異なる配列を報告している。
DISULFID	ジスフィド結合。開始点と終止点が鎖内のジスフィド結合で連結した2個の残基を示している。開始点と終止点が同一である場合、ジスフィド結合は鎖間のジスフィド結合を表し、架橋の性質は明細書の本文に記載される。
DNA_BIND	DNA 結合領域の範囲
DOMAIN	配列の重要領域の範囲。この領域の性質は明細書の本文に記載される。
HELIX	二次構造。ヘリックス。例) α ヘリックス、3(10)ヘリックス、 π ヘリックス
INIT_MET	配列がイニシエータメチオニンで開始されることで知られている。
LIPID	脂質部分の共有結合
MAT_PEPTIDE	成熟ペプチド。成熟ペプチドや最終ペプチド、または翻訳後修飾に続くタンパク質生成物の配列
METAL	金属イオンの結合部位。この金属の性質は、明細書の本文に記載される。
MISC_FEATURE	他の特徴のキーで記述できない生物学的に重要な領域。新しい、またはまれな特徴。
MOD_RES	翻訳後の残基修飾
MUTAGEN	実験的に変更した場所
NON_CONS	非連続残基。配列の2個の残基は連続でなく、配列されていない多くの残基がその間にあることを示す。

キー	説明
NON_TER	配列の末端にある残基が、末端の残基でない。位置 1 に適用すると、最初の位置は完全分子の N 末端でないことを意味する。最後の位置に適用すると、この位置は完全分子の C 末端でないことを意味する。このキーは明細書の本文に記載されない。
NP_BIND	ヌクレチオドリン酸結合領域の範囲。ヌクレチオドリン酸の性質は、明細書の本文に記載される。
PEPTIDE	放出活性ペプチドの範囲
PROPEP	プロペプチドの範囲
REPEAT	内部配列の反復の範囲
SIGNAL	シグナル配列（プレペプチド）の範囲
SIMILAR	他のタンパク質配列との類似の範囲。配列に関連する正確な情報は、明細書の本文に記載される。
SITE	配列上のその他の重要場所
STRAND	二次構造。β鎖、例) 水素結合したβ鎖、または分離したβ架橋中の残基
THIOETH	チオエーテル結合。開始点と終止点がチオエーテル結合によって結合された2つの残基を表す。
THIOLEST	チオエステル結合。開始点と終止点がチオエステル結合によって結合された2つの残基を表す。
TRANSIT	輸送ペプチドの範囲（ミトコンドリア、クロロプラスチック、またはマイクロボディに関する）
TRANSMEM	膜内外領域の範囲
TURN	二次構造のターン。例) H結合ターン（3-ターン、4-ターン、または5-ターン）
UNSURE	配列が不明確である。著者が配列の指定に関して確信がない配列の領域を記述するために使用する。
VARIANT	著者が配列の変異体が存在することを報告している。
VARSPLIC	代替スプライシングにより作られる配列の変異体の記述
ZN_FING	ジンクフィンガー領域の範囲

Appendix F MOD_Res配列の特徴のデータ表

付録Fには、**Sequence Type**としてPRTを選択し、選択リスト中の配列の特徴からMOD_RESを事前に選択したときにFeatures画面に表示される、追加の変更残基 (MOD_RES) **Sequence Features**のリスト (アルファベット順) を記載する。選択リスト中の配列の特徴をクリックすると、**Feature Name/Key**フィールド (<221>) にMOD_RESが表示され、最初にMOD_RES (表F-1) に対する**Add the following MOD-RES to the Other Information field**が表示され、次にMOD_RES (表F-2) 配列の特徴に対する**Add the following MOD-RES to the Other Information field**が表示される。2つの**Add the following MOD-RES to the Other Information field**のいずれか、または両方から選択でき、データは**Other Information**フィールド (<223>) に表示される。

表 F-1 : MOD_RES 配列の特徴に対する最初のデータ表

キー	説明
(無し)	空白 (デフォルトのオプション)
ACETYLATION	N 末端またはその他
AMIDATION	成熟活性ペプチドの C 末端で一般的
BLOCKED	N 末端または C 末端の未確認ブロック基
FORMYLATION	N 末端のメチオニンに関する
GAMMA-CARBOXYGLUTAMIC ACID HYDROXYLATION	アスパラギン、アスパラギン酸、またはヒスチジンに関する
METHYLATION	一般的にリジンまたはアルギニンに関する
PHOSPHORYLATION	セリン、トレオニン、チロシン、アスパラギン酸、またはヒスチジンに関する
PYRROLIDONE CARBOXYLIC ACID	内部環式ラクタムを形成した N 末端グルタミン酸塩
SULFATATION	一般的にチロシンに関する

表 F-2 : MOD_RES 配列に対する第 2 のデータ表

記号	意味
(無し)	空白 (デフォルトのオプション)
Aad	2-アミノアジピン酸
bAad	3-アミノアジピン酸
bAla	ベータアラニン、ベータアミノプロピオン酸
Abu	2-アミノ酪酸
4Abu	4-アミノ酪酸、ペピリジン酸
Acp	6-アミノカプロン酸
Ahe	2-アミノヘプタノイル酸
Aib	2-アミノイソ酪酸

記号	意味
bAib	3-アミノイソ酪酸
Apm	2-アミノピメリン酸
Dbu	2、4 ジアミノ酪酸
Des	デスマシン
Dpm	2、2'-ジアミノピメリン酸
Dpr	2、3-ジアミノピメリン酸
EtGly	N-エチルグリシン
EtAsn	N-エチルアスパラギン
Hyl	ヒドロキシリジン
aHyl	アロ-ヒドロキシリジン
3Hyp	3-ヒドロキシプロリン
4Hyp	4-ヒドロキシプロリン
Ide	イソデスマシン
alle	アロ-イソロイシン
MeGly	N-メチルグリシン、サルコシン
Melle	N-メチルイソロイシン
MeLys	6-N-メチルリジン
MeVal	N-メチルバリン
Nva	ノルバリン
Nle	ノルロイシン
Orn	オルニチン

Appendix G 追加の脂質配列の特徴

表G-1には、**Sequence Type**としてPRTを選択し、選択リスト中の配列の特徴から**LIPID**を事前を選択したときにFeatures画面に表示される、追加の脂質配列の特徴リスト（アルファベット順）を記載する。**Sequence Feature Pick List**の**Sequence Feature**をクリックすると、**Feature Name/Key**フィールド（<221>）に脂質が表示され、さらに**Add the following LIPID to the Other Information field**が表示される。**Add the following LIPID to the Other Information field**からデータを選択すると、データは**Other Information**フィールド（<223>）に表示される。

表 G-1：追加の脂質配列の特徴

キー	説明
(無し)	空白（デフォルトのオプション）
MYRISTATE	成熟タンパク質のN末端グリシン残基または分子内リシン残基への、ミリスチン酸のアミド結合
PALMITATE	システイン残基へのパルミチン酸のチオエーテル結合、あるいはセリンまたはトレオニン残基へのパルミチン酸のエステル結合
FARNESYL	システイン残基への、ファルネシル基のチオエーテル結合
GERANYL-GERANYL	システイン残基への、ゲラニルゲラニオ基のチオエーテル結合
GPI-ANCHOR	成熟タンパク質のC末端残基の、 α カルボキシル基へのグリコシルホスファチジルイノシトール（GPI）基の結合
N-ACYL DIGLYCERIDE	アDMI結合した脂肪酸とエステル結合によって2つの脂肪酸が結合したグリセリル基を持つ原核生物の成熟したリポタンパク質のN末端システイン

Appendix H 配列明細フィールドの有効な文字

表H-1は、配列明細フィールドにキー入力したり、DNAまたはRNAデータをインポートする場合に、フィルタとして使用できる文字のリストを示す。PRT/1 およびPRT/3 のデータリストは、配列表プロジェクトファイル生成中に1文字のタンパク質データがすべてアミノ酸略称（PRT/3）データに変換される場合に使用する。

表 H-1 : 配列明細フィールドの有効な文字

DNA	RNA	DNA/RNA	Protein/1	Protein/3
a	a	a	A	Ala
g	g	g	C	Cys
c	c	c	D	Asp
t		t	E	Glu
	u	u	F	Phe
r	r	r	G	Gly
y	y	y	H	His
m	m	m	I	Ile
k	k	k	K	Lys
s	s	s	L	Leu
w	w	w	M	Met
b	b	b	N	Asn
d	d	d	P	Pro
h	h	h	Q	Gln
v	v	v	R	Arg
n	n	n	S	Ser
			T	Thr
			V	Val
			W	Trp
			Y	Tyr
			B	Asx
			Z	Glx
			X	Xaa

Appendix I 追加のModified_Base配列の特徴

表I-1は、**Sequence Type**としてDNAまたはRNAを事前を選択し、選択リスト中の配列の特徴から**modified_base**を事前を選択したときにFeatures画面に表示される、追加の**modified_base**配列の特徴リスト（アルファベット順）を示す。リスト中の配列の特徴をクリックすると、**Feature Name/Key**フィールド（<221>）に**modified_base**が表示され、Features画面に**Add the following modified_base to the Other Information**フィールドが表示される。選択リストからデータを選択すると、そのデータは**Other Information**フィールド（<223>）に表示される。

表 I-1 : Modified_base 配列の特徴

記号	意味
ac4c	4-アセチルシチジン
chm5u	5-（カルボキシヒドロキシメチル）ウリジン
cm	2'-0-メチルシチジン
cmnm5s2u	5-カルボキシメチルアミノメチル-2-チオウリジン
cmnm5u	5-カルボキシメチルアミノメチルウリジン
d	ジヒドロウリジン
fm	2'-0-メチルプソイドウリジン
gal q	ベータ、D-ガラクトシルキューエオシン
gm	2'-0-メチルグアノシン
I	イノシン
i6a	N6-イソペンテニルアデノシン
m1a	1-メチルアデノシン
m1f	1-メチルプソイドウリジン
m1g	1-メチルグアノシン
m1I	1-メチルイノシン
m22g	2,2-ジメチルグアノシン
m2a	2-メチルアデノシン
m2g	2-メチルグアノシン
m3c	3-メチルシチジン
m5c	5-メチルシチジン
m6a	N6-メチルアデノシン
m7g	7-メチルグアノシン
mam5u	5-メチルアミノメチルウリジン
mam5s2u	5-メトキシアミノメチル-2-チオウリジン
man q	ベータ、D-マンノシルキューエオシン
mcm5s2u	5-メトキシカルボニルメチル-2-チオウリジン
mcm5u	5-メトキシカルボニルメチルウリジン
mo5u	5-メトキシウリジン
ms2i6a	2-メチルチオ-N6-イソペンテニルアデノシン

記号	意味
ms2t6a	N-((9-ベータ-D-リボフラノーシル-2-メチルチオプリン-6-基)カルバモイル)トレオニン
mt6a	N-((9-ベータ-D-リボフラノーシルプリン-6-基)N-メチルカルバモイル)トレオニン
mv	ウリジン-5-オキシ酢酸-メチルエステル
o5u	ウリジン-5-オキシ酢酸
osyw	ワイブトキソシン
p	プソイドウリジン
q	キューエオシン
s2c	2-チオシオジン
s2t	5-メチル-2-チオウリジン
s2u	2-チオウリジン
s4u	4-チオウリジン
t	5-メチルウリジン
t6a	N-((9-ベータ-D-リボフラノーシルプリン-6-基)N-カルバモイル)トレオニン
tm	2'-0-メチル-5-メチルウリジン
um	2'-0-メチルウリジン
yw	ワイブトキソシン
x	3-(3-アミノ-3-カルボキシ-プロピル)ウリジン、(acp3)u

Appendix J 技術注記

J.1 Microsoft® Accessに関する注記

(Section J.1 is only applicable to PatentIn with versions prior to PatentIn 3.4.)

PatentIn 3.1、PatentIn 3.2 および PatentIn 3.3 は、Microsoft® Access 97 のプログラムである patin2xconvert.mdb にパッケージされており、このプログラムには PatentIn 2.1 で使用する標準データベースファイルへのリンクが含まれている。このディレクトリを表示するには、Link Table Manager をインストールする必要がある。同様に、PatentIn 2.1 を読み取るためには、Data Access ファイルに dBase 5 を組み込む必要がある。

J.1.1 Microsoft® Access 97 のインストール

Office 97 用の一般的な手順を以下に示す。

1. CD から Setup を実行する。
2. Custom インストールを選択する。通常のインストールでは、必要なすべてのコンポーネントがインストールされない。
3. Microsoft® Access を選択する。
4. Change Options ボタンをクリックする。
5. Advanced Wizards を選択する。
6. メイン画面に戻る。
7. Data Access を選択する。
8. Change Options ボタンをクリックする。
9. Database Drivers を選択する。
10. Change Options ボタンをクリックする。
11. dBase & Microsoft® FoxPro Drivers を選択する。
12. メイン画面に戻る。
13. インストールを終了（または追加）する。

J.1.2 使用上のヒント

1. Patin2xconvert.mdb は、CWPI.exe と同じディレクトリにある必要があり、また、そこにヘルプディレクトリがある必要がある。
2. Patin2xconvert.mdb は、インポートが行われるたびにリンクを更新する。
3. Patin2xconvert.mdb を個別に開くと、Microsoft® Access のすべてのコンポーネントが使用できるか確認できる。
 - a. Link Table Manager は、Office 97 の Tools | Add-Ins および Office 2000 の Database Utilities にある。
 - b. File | Get External Data | Link Tables... を選択すると、ドライバを確認できる。From File Types が dBase 5 (*.dbf) をインクルードしているはずである。
4. patin2xconvert.mdb には、リレーションが維持されていない。
5. patin2xconvert.mdb からは、コード/照会ができない。

6. patin2xconvert.mdb からのデータ検索は、リンクしたデータ自身を更新できるため、必要な場合でも推奨できない。（新規データの場合は、必ずそのデータをバックアップすること。）
7. Microsoft® から配布可能なコンポーネントの MDAC は、このインポートを実行するには不十分である場合がある。

J.2 一般的なヒント

1. インストールには、各コンピュータに Dynamic Link Library(DLL)登録が必要である。
2. PatentIn 3.5.1 では、ロングネームが使用される。
3. 非常に長い配列の処理容量を減らすために、ペーストはデータをプレスキャン（確認）しない。
4. ファイル送信コマンドの Copy to Disk は、ハードディスクドライブ上に既にあるファイルを外部メディアにコピーする。通常、ハードディスクドライブへのコピーには使用できない。
5. ヘルプファイルは ASCII ファイルである。このファイルはローカルで更新でき、自国語への翻訳版も含んでいる。
6. 画面の非表示またはちらつきは通常、コンピュータに仕様通りにインストールされていない設定がある場合の症状である。
7. Windows XP は、デフォルトでは、Alt キーを押さないとツールバーのアンダーラインが表示されないようになっている。
8. マウスを使用しないで PatentIn メニューを表示するには、次の手順を実行する。
 - a. Alt キーを押すと、メニューが起動する。
 - b. Alt キーを離す。
 - c. メインメニューからアクセスキーを押すと、プルダウンメニューが選択される。
 - d. プルダウンメニューからアクセスキーを押すと、動作が終了する。
9. マウスを使用しないで PatentIn 画面を起動するには、次の手順を実行する。
 - a. Alt キーを押し続ける。
 - b. ボタンのアクセスキーを押す。

今後、機能追加が発表される予定はないが、メンテナンスについては発表がある場合がある。しかし、報告されていない問題は解決できない。

J.3 インストールおよびテストに関する注記

J.3.1 PatentInのインストールおよびRepair

PatentInは、次のURLのUSPTOウェブページからPCにダウンロードできる。
<http://www.uspto.gov/web/offices/pac/patin/patentinrel.htm>

PatentIn 3.5.1 のインストール前にコンピュータ上で動作しているすべてのアプリケーションを閉じ、ウェブページ上に表示される指示に従い、PatentIn 3.5.1 をダウンロードして PC にインストールする。

PatentIn 3.5.1 を実行しようとする間に PatentIn を再インストールすることを求められる。これが発生するのは、PatentIn を実行するために必要なレジストリキーがないことを PatentIn が検出したときである。これは、PatentIn の旧バージョンをアンインストールしたことが原因である場合がある。PatentIn 3.5.1 を再インストールすると、PatentIn 3.5.1 を実行するために必要なレジストリキーが再構築されるが、以前に保存された PatentIn データは失われることはない。最初に PatentIn 3.5.1 をアンインストールしないで PatentIn 3.5.1 の再インストールを開始すると、次の画面が表示される。図 J-1 に示されるように「Repair」ラジオボタンを選択した後、「Next」ボタンを押してインストールの指示に従うと、PatentIn の修復操作が終了する。最初に PatentIn 3.5.1 をアンインストールしてから、PatentIn 3.5.1 ソフトウェアを再インストールする方法を選択してもよい（図 J-1）。

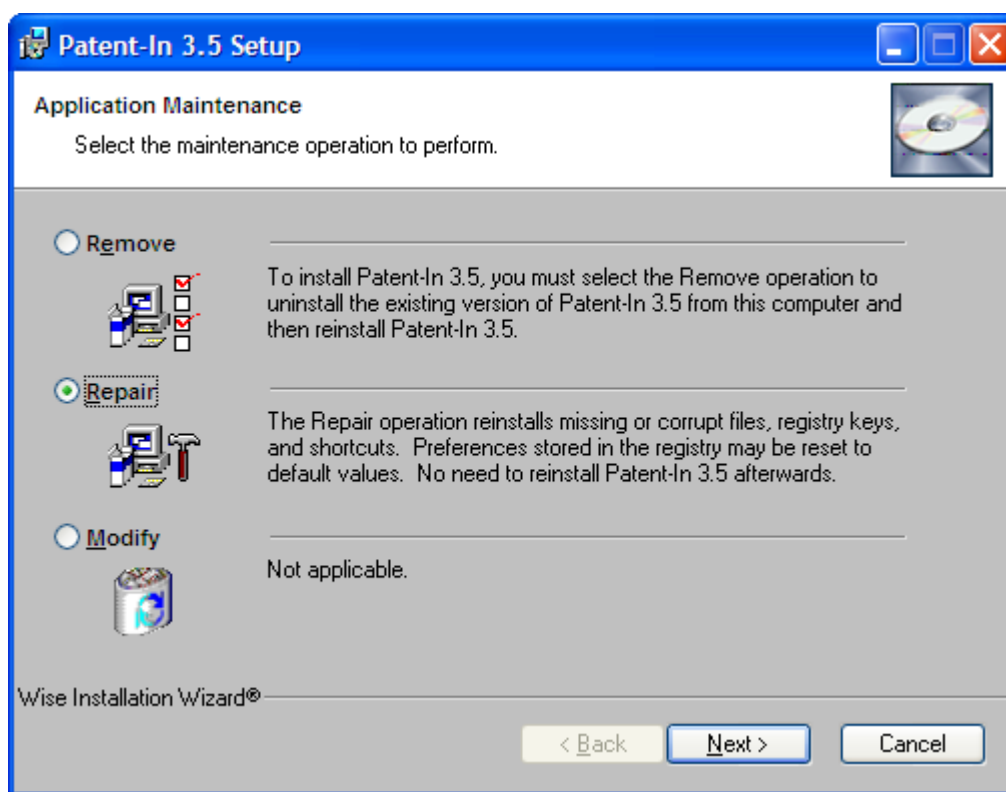


図 J-1 : PatentIn の Repair およびアンインストール

J.3.2 コンフィギュレーションのテスト

テストに使用したコンフィギュレーションを次に示す。

- Microsoft® Windows XP Professional

- Version 2002
- Internet Explorer 6.0.2800.1106.
- Microsoft® Windows Vista Ultimate, Microsoft® Windows Vista Home Basic and Microsoft® Windows Home Premium
 - プロセッサ : Intel Core 2 CPU 6400 @ 2.13GHz
 - メモリ : 1006MB
 - システムタイプ : 32 ビットオペレーティングシステム
 - Internet Explorer 6.0.2800.1106.
- Microsoft® Windows 7 Enterprise
 - Version : 2009
 - プロセッサ : Intel® Core™2 CPU 6400 @ 2.13GHz
 - メモリ : 1006MB
 - システムタイプ : 64 ビットオペレーティングシステム
 - Internet Explorer : 8.0.7600.16385.

すべてのコンフィギュレーションを包括的にテストする方法はないが、PatentIn は上記項目すべてに悪影響を与えることがないと思われる。

J.3.3 Internet Explorerに関する注意事項

Internet Explorer は、Checker または PatentIn のいずれかが使用する複数の DLL と共に出荷される。PatentIn がこれらの使用している DLL を分離しようとしたが、USPTO は Checker/PatentIn 3.0 のユーザーから、これらの製品のいずれかまたは両方と MS Windows 98 上の Internet Explorer 4.0 との間に不具合があるとの報告を受けた。このユーザーは素早くこの不具合を特定し、USPTO に Internet Explorer 5.0 にアップグレードすると不具合がなくなると報告した。