**Proposition de nouveaux exemples pour l’annexe VI de la norme ST.26**

### *Paragraphe 94 – Toute séquence variante divulguée comme une séquence unique avec des résidus alternatifs énumérés*

**Exemple 94-2 – Représentation d’une séquence unique avec des acides aminés alternatifs énumérés qui peuvent être des acides aminés modifiés**

Une demande de brevet décrit le polypeptide suivant :

Leu-Glu-Tyr-Cys-Leu-Lys-Arg-Trp-Xaa-Glu-Thr-Ile-Ser-His-Cys-Ala-Trp

où Xaa peut être Ile, Ala, Phe, Tyr, aIle, MeIle ou Nle.

**Question 1 : La norme ST.26 prescrit-elle l’intégration de la ou des séquences?**

**OUI**

Le peptide énuméré fournit 16 acides aminés définis avec précision. Par conséquent, la séquence doit être intégrée dans un listage des séquences comme l’exige le paragraphe 7.b) de la norme ST.26.

**Question 3 : Comment la ou les séquences devraient-elles être représentées dans le listage des séquences?**

Le symbole ambigu le plus restrictif pouvant englober “Ile, Ala, Phe, Tyr, aIle, MeIle, ou Nle” est “X”, la séquence doit être intégrée dans un listage de séquences comme suit :

LEYCLKRWXETISHCAW (SEQ ID NO : xx)

Le paragraphe 30 de la norme ST.26 requiert qu’“[u]n acide aminé modifié doit être accompagné d’une description supplémentaire dans le tableau des caractéristiques”. Cependant, il n’exige pas l’utilisation d’une clé de caractérisation spécifique pour décrire les acides aminés modifiés. Même si le paragraphe 30 décrit l’utilisation des clés de caractérisation “CARBOHYD”, “LIPID”, “MOD\_RES”, et “SITE”, ces clés sont plus appropriées pour les scénarios où l’acide aminé modifié ne figure pas dans la liste d’alternatives d’un emplacement donné. Dans cet exemple, la clé de caractérisation “VARIANT” satisfait à l’exigence du paragraphe 30, puisqu’elle permet de représenter toutes les alternatives à l’emplacement de la variante. Ainsi, la clé “VARIANT” accompagnée du qualificateur “note” et d’une valeur de qualificateur “Ile, Ala, Phe, Tyr, aIle, MeIle, ou Nle” doit être utilisée pour décrire l’emplacement de la variante en position 9. L’utilisation d’une deuxième clé de caractérisation telle que “SITE” et du qualificateur “note” peut être employée pour mieux définir les acides aminés modifiés trouvés en position 9.

**Paragraphes pertinents de la norme ST.26 :** 3.a), 7.b), 27, 30, **94**, 96, et annexe I, section 4 et tableau 4

### *Paragraphe 30 – Annotation d’un acide aminé modifié*

**Exemple 30-2 – Acides aminés modifiés après traduction**

Une demande de brevet décrit le polypeptide suivant :

Leu-Glu-Tyr-Cys-Leu-Lys-Arg-Trp-Glu-Thr-Ile-Ser-His

dans lequel l’Arg en position 7 peut être modifié en citrulline après traduction.

**Question 1 : La norme ST.26 exige-t-elle l’intégration de la ou des séquences?**

**OUI**

Le peptide énuméré fournit 13 acides aminés spécialement définis. Par conséquent, la séquence doit être intégrée dans un listage des séquences comme l’exige le paragraphe 7.b) de la norme ST.26.

**Question 3 : Comment la ou les séquences devraient-elles être représentées dans le listage des séquences?**

Selon le paragraphe 29 de la norme ST.26, un acide aminé modifié doit être représenté dans la séquence comme l’acide aminé non modifié correspondant chaque fois que cela est possible.

Par conséquent, la séquence doit être intégrée dans un listage de séquences comme suit :

LEYCLKRWETISH (numéro d’identification : xx)

où le symbole “R” est utilisé pour représenter l’arginine en position 7.

Une description supplémentaire indiquant que l’arginine en position 7 peut être modifiée en citrulline est requise. La modification de l’arginine en citrulline est une modification après traduction. Par conséquent, la clé de caractérisation “MOD\_RES” doit être utilisée avec le qualificateur obligatoire “note” pour indiquer que l’arginine peut être modifiée pour devenir de la citrulline. Dans l’emplacement d’une caractéristique, le descripteur d’emplacement est le numéro de position du résidu de l’arginine modifiée.

**Paragraphe(s) pertinent(s) de la norme ST.26 :** 3.a), 7.b), **30**, et annexe I, section 7, clé de caractérisation 7.18

### *Paragraphe 12 – Séquence nucléotidique circulaire*

**Exemple 12-1 : séquence de nucléotides circulaire**

Une demande de brevet contient la figure suivante, divulguant la séquence d’ADN du plasmide pCIRC1 :



**Question 1 : La norme ST.26 exige-t-elle l’intégration de la ou des séquences?**

**OUI**

La séquence nucléotidique énumérée comporte plus de 10 nucléotides spécialement définis. Par conséquent, la séquence doit être intégrée dans un listage de séquences comme l’exige le paragraphe 7.a) de la norme ST.26.

**Question 3 : Comment la ou les séquences devraient-elles être représentées dans le listage des séquences?**

Selon le paragraphe 12de la norme ST.26, lorsque les séquences de nucléotides sont de configuration circulaire, le demandeur doit choisir le nucléotide en position de résidu numéro 1. Pour les besoins de cet exemple, le résidu “a” identifié par la flèche dans la figure sera utilisé comme position 1. Cependant, n’importe quel résidu peut être choisi comme position 1. Avec le résidu indiqué par la flèche comme position 1, la séquence doit être intégrée dans un listage de séquences comme suit :

atggataatgaagaagttaacgaatgtatgagatttttcaagaacgctcgtgcgcatctggataaacatctaacatcaaggttgacatgcgatgaaaatgaaaatgcatatcacgttcagatgcttcctggatggaatacatcgcaaatctactaggtttctcgaagagctacttttgaaacaagaaaatgtaccaccaatg (SEQ ID NO : xx)

La séquence doit être décrite plus en détail à l’aide de la clé de caractérisation “misc\_feature” avec un emplacement de "212^1”, qui indique que le dernier résidu de la séquence, la position 212, est lié au résidu 1. Le qualificateur “note” doit être inclus avec une valeur indiquant que la molécule est circulaire.

**Paragraphes pertinents de la norme ST.26 :** 7.a), **12**, et annexe I, section 5, clé de caractérisation 5.15

[L’annexe II (appendice de l’annexe VI) suit]