

# أداة الويبو للتسلسل (الإصدار 2.3.0) دليل المستخدم

يتمثل الغرض من هذه الوثيقة في إمداد المستخدمين بتعليمات عن كيفية تنفيذ العمليات الأساسية باستخدام تطبيق أداة الويبو للتسلسل على الحاسوب المكتبي. وعادةً ما يكون المستخدمون هم مُودعو طلبات البراءة، أو من ينوب عنهم، الذين يريدون تقديم طلب براءة يتضمن كشفاً تسلسلياً.

## أداة الويبو للتسلسل (الإصدار 2.3.0) دليل المستخدم

### قائمة المحتويات

4	المقدمة	1
4	لمحة عامة	
4	متطلبات نظام التشغيل	
5	التثبيت	
5	نظام Windows	
5	نظام Linux	
5	نظام OSX	
5	التثبيت الصامت	
5	إلغاء التثبيت	
5	نظام Windows	
6	نظام Linux	
6	نظام OSX	
6	عملية التحديث التلقائي	
7	وظائف الأداة	2
10	لمحة عامة عن الأداة	3
10	العناصر الرئيسية للأداة	
10	الإطار	
10	الأقسام	
11	الطبقة المُنبثقة	
11	الجدول	
12	إطارات النموذج	
13	نموذج التحرير	
13	أداة اختيار التاريخ	
14	قارئ ملفات PDF	
14	التصفح باستخدام لوح المفاتيح	
15	إطار الصفحة الرئيسية	
17	صفحة المشروعات	
18	تفاصيل المشروع	
18	المعلومات الأساسية	
18	المساعدة	

19.....	التفضيلات.....
21.....	4. وظائف الأداة .....
21.....	الصفحة الرئيسية للمشروعات.....
21.....	إنشاء مشروع.....
22.....	استيراد المشروع .....
23.....	استيراد قائمة تسلسلات .....
28.....	تثبيت قائمة التسلسل .....
30.....	حذف المشروع.....
30.....	الأشخاص والمؤسسات .....
30.....	إنشاء اسم شخص أو مؤسسة .....
31.....	الكائنات المُخصَّصة.....
31.....	إنشاء كائن مخصص .....
32.....	تصدير الكائنات الحية المخصصة.....
34.....	استيراد الكائنات الحية المخصصة.....
35.....	تفضيلات النظام.....
37.....	تفاصيل المشروع .....
37.....	طباعة المشروع.....
37.....	تصدير المشروع .....
38.....	استيراد معلومات من مشروع آخر .....
41.....	تثبيت المشروع.....
42.....	إنشاء كشف تسلسلي .....
43.....	معلومات عامة .....
44.....	تحديد الطلب .....
44.....	تحديد طلبات الأولوية .....
45.....	المودع والمخترع .....
46.....	عنوان الاختراع .....
47.....	تسلسلات .....
47.....	إنشاء تسلسل .....
49.....	استيراد تسلسل .....
52.....	إدخال التسلسل .....
54.....	إعادة ترتيب التسلسل .....
55.....	التحرير الإجمالي .....
59.....	تحرير التسلسل.....
60.....	السمات .....
62.....	سمات منطقة التشفير (CDS).....
67.....	المعرفات .....
71.....	المُعرفات المعتمدة على اللغة.....
71.....	استيراد معرفات النصوص الحرة.....

74	تصدير معرّفات النصوص الحرة .....	
75	تقرير الاستيراد .....	
76	جدول تقرير الاستيراد .....	
77	جدول تغييرات البيانات .....	
77	عرض الكشف التسلسلي .....	
81	أنساق الملفات .....	5
81	ST.25 .....	
81	Multi-Sequence .....	
81	Raw .....	
81	FASTA .....	
81	ملف FASTA به تسلسل واحد .....	

## 1. المقدمة

### لمحة عامة

أداة الويبو للتسلسل هي أداة تُستخدم على حاسوب مكتبي وتُمكن المستخدم من:

"1" إنشاء/ تحرير كشف تسلسلي بنسق لغة الترميز الموسعة (XML) على نحو يتوافق مع معيار الويبو "ST.26"

"2" التحقق من امتثال كشف تسلسلي بنسق XML لمتطلبات معيار الويبو ST.26.

ويمكن الاطلاع على معيار الويبو ST.26 في العنوان الآتي:

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

وتوضح هذه الوثيقة كيف لمُودع الطلب أو مَنْ ينوب عنه أن يستخدم أداة الويبو للتسلسل. ويمكن الاطلاع على قائمة بوظائف الأداة في القسم 2 من هذه الوثيقة.

### متطلبات نظام التشغيل

أعدت أداة الويبو للتسلسل لتعمل على أنظمة التشغيل الآتية:

- الإصدار 1803 من نظام Windows 10 (بنسخته 32 و64 بت)
  - Linux: الإصدار 18.04 من نظام Ubuntu، والإصدار 1804 من نظام CentOS 7
  - الإصدار 10.13 من نظام MacOS (نسخة 64 بت)
- وإضافةً إلى هذه الإصدارات المذكورة أعلاه، فإن الأداة تعمل أيضاً على أنظمة التشغيل الآتية:
- Windows 7 والإصدارات الأحدث منه (بنسخته 32 بت و64 بت)
  - الإصدار 12.04 من نظام Ubuntu والإصدارات الأحدث منه
  - الإصدار 10.9 من نظام MacOS (نسخة 64 بت)
- وتتطلب أداة الويبو للتسلسل أن يتوفر في الجهاز الحد الأدنى من المواصفات الآتية:
- وحدة المعالجة المركزية 1.6: (CPU) غيغاهرتز
  - ذاكرة الوصول العشوائي 4: (RAM) غيغابايت
  - مساحة فارغة على القرص الثابت: 1 غيغابايت (قد توجد حاجة إلى قرص ثابت إضافي لتخزين معلومات الكشف التسلسلي)
  - دقة الشاشة: x7681366

## التثبيت

### نظام Windows

تقدم أداة الويبو للتسلسل ملفاً واحداً لتثبيتها على نسختي 32 بت و64 بت من نظام Windows. وينبغي للمستخدم اتباع الخطوات الموضحة في معالج التثبيت.

ومن المهم أن نذكر بأن المستخدمين سيواجهون مشاكل في الأداء، أو أن الأداة لن تعمل بشكل صحيح في حال استخدام الإصدار 32 بت.

وتُحفظ في الموقع الآتي ملفات قاعدة البيانات التي تُخزّن فيها معلومات المشروع إلى جانب سجل الأداة:

C:\Users\\AppData\Roaming\ST26\_authoring

ولا تُحذف هذه الملفات عند تحديث التطبيق أو إلغاء تثبيته، ولذلك ستظل بيانات المشروعات موجودة في حالة إعادة تثبيت التطبيق.

### نظام Linux

تُقدّم أداة الويبو للتسلسل في شكل ملف بصيغة "Applmage" (<https://appimage.org/>) يعمل على معظم توزيعات Linux، ومنها CentOS وUbuntu. ولتشغيل الملف، يمكن للمستخدم أن ينقر عليه نقرًا مزدوجاً أو أن يستخدم برنامج "سطر الأوامر" لتشغيل الملف.

وفي البداية، ستظهر للمستخدم رسالة يُخَيَّر فيها بين إنشاء اختصار على سطح المكتب أو عدم إنشائه.

### نظام OSX

تقدم أداة الويبو للتسلسل ملفاً بنسق "dmg" لتثبيت التطبيق على نظام التشغيل MacOS 64 بت. ولتثبيت التطبيق، ينبغي أن ينقر المستخدم نقرًا مزدوجاً على الملف وأن يتبع خطوات معالج التثبيت.

وتُحفظ في الموقع الآتي ملفات قاعدة البيانات التي تُخزّن فيها معلومات المشروع إلى جانب سجل الأداة:

/Users/<username>/Library/Application Support/ST26\_authoring

ولا تُحذف هذه الملفات عند تحديث التطبيق أو إلغاء تثبيته، ولذلك ستظل بيانات المشروعات موجودة في حالة إعادة تثبيت التطبيق.

### التثبيت الصامت

تعمل أداة تسلسل الويبو بالتثبيت الصامت باستخدام العلامات التالية أثناء التثبيت (مع ملف التثبيت .exe):

- /S: لبدء تثبيت صامت
- /allusers: لتثبيت الأداة بحيث تكون متاحة لجميع مستخدمي نظام Windows على الحاسوب المكتبي (يجب تشغيله عند تسجيل الدخول كمستخدم مشرف).

### إلغاء التثبيت

### نظام Windows

تُقدّم أداة الويبو للتسلسل معالجات لإلغاء التثبيت، ويمكن تشغيل ذلك المعالج من خيار "Add or Remove Programs" في نظام Windows.

ولحذف ملفات السجل والملفات المستخدمة في تخزين معلومات المشروعات حذفاً تاماً، يجب حذف المجلد الآتي:

C:\Users\

## نظام Linux

في حالة نظام Linux، يمكن إلغاء تثبيت التطبيق من الحاسوب عن طريق حذف ملف "AppImage". وإضافةً إلى ذلك، يمكن إزالة التطبيق من القائمة عن طريق حذف ملف سطح المكتب من الموقع الآتي:

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

ولحذف ملفات السجل والملفات المستخدمة في تخزين معلومات المشروعات حذفاً تاماً، يجب حذف المجلد الآتي:

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

## نظام OSX

يمكن إلغاء تثبيت التطبيق من Finder على نظام OSX، من قسم التطبيقات.

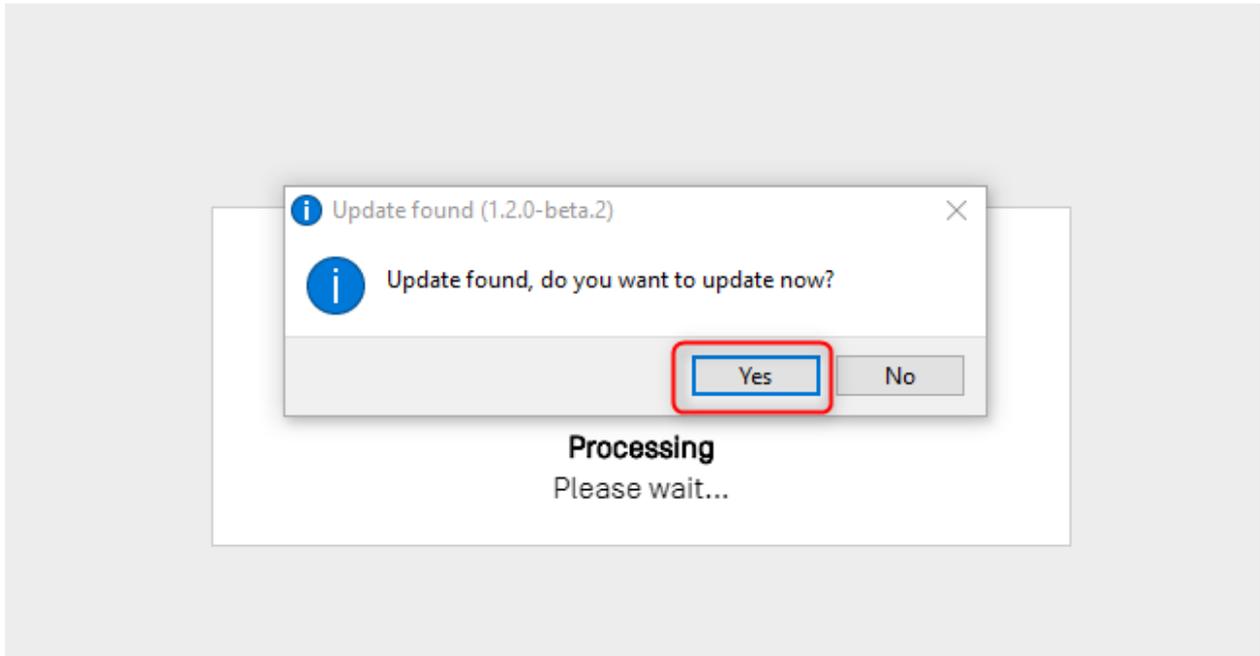
ولحذف ملفات السجل والملفات المستخدمة في تخزين معلومات المشروعات حذفاً تاماً، يجب حذف المجلد الآتي:

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

## عملية التحديث التلقائي

ستتحقق أداة الويبو للتسلسل بعد تشغيلها من وجود تحديثات متاحة، وإذا وجدت أي تحديثات، فستطلب من المستخدم تثبيت الإصدار الثابت الجديد.

ويُنصح بعدم تخطي التحديث من أجل ضمان تماشي الإصدار المستخدم مع آخر إصدار للمعيار ST.26.



الشكل 1: الرسالة المنبثقة للتحديث التلقائي

### ملاحظة:

لتمكين الأداة من إجراء التحديث التلقائي، يجب أن يكون الحاسوب متصلاً بالإنترنت، ويجب أن يؤدّن للأداة بالاتصال بموقع الويبو الإلكتروني عبر بروتوكول HTTP. ويرجى أيضاً ملاحظة أنه لا ترسل أي معلومات من المستخدم إلى خادم التحديثات التابع للويبو. وينبغي للمستخدم أن ينتظر تنزيل الإصدار الجديد وتثبيته عوضاً عن إزالة محور الاهتمام عن التطبيق.

## 2. وظائف الأداة

يسرد هذا القسم جميع الوظائف التي تقوم بها الأداة في إصدارها الحالي:

الوظيفة	الفئة
إنشاء مشروع تُحفظ فيه البيانات المتعلقة بكشف تسلسلي واحد	مشروعات
إنشاء كشف تسلسلي	مشروعات
تحرير خصائص المشروع	مشروعات
تصدير مُعرّفات النصوص الحرة، من أجل الترجمة بنسق XLIFF	مشروعات
تصدير جميع البيانات المحفوظة في المشروع لكي يتسنى استيرادها لاحقاً إلى نفس مثيل النظام أو إلى مثيل مختلف (باستثناء البيانات الوصفية للمشروع)	مشروعات
عرض/تصدير كشف تسلسلي مُنشأ بنسق يسهل على الإنسان قراءته (.html و.txt)	مشروعات
استيراد جميع البيانات المحفوظة في ملف المشروع (.zip) إلى مشروع منشأ حديثاً	مشروعات
استيراد بيانات من ملف كشف تسلسلي بنسق ST.25 إلى مشروع أنشئ حديثاً	مشروعات
استيراد بيانات من ملف كشف تسلسلي بنسق ST.26 إلى مشروع أنشئ حديثاً	مشروعات
استيراد بيانات من تسلسل بنسق FASTA إلى مشروع قائم	مشروعات
استيراد بيانات تسلسل من ملف بنسق التسلسلات المتعددة "multi-sequence"	مشروعات
استيراد بيانات إلى المشروع الحالي (المشروع المستهدف) من مشروع آخر (المشروع الأصل)	مشروعات
طباعة بيانات من المشروع	مشروعات
طباعة بيانات من الكشف التسلسلي المُنشأ بنسق ST.26	مشروعات
تدوين البيانات التي تغيّرت عند الاستيراد في تقرير يشير إلى البيانات الأصلية والبيانات التي تغيّرت	مشروعات
التحقّق من ملف كشف تسلسلي بنسق ST.26، وسرد المشكلات في تقرير تحقّق يحتوي على رسائل تحذيرات والأخطاء؛	مشروعات
التحقّق من البيانات المحفوظة في المشروع، وسرد المشكلات في تقرير تحقّق يحتوي على رسائل تحذيرات والأخطاء؛	مشروعات
حذف المشروع	مشروعات
إضافة عنوان اختراع ورمز لغته المقابل إلى المشروع	معلومات عامة

إضافة معلومات الطلب (سواء الطلب الحالي أو السابق) إلى المشروع	معلومات عامة
إضافة معلومات مودع الطلب أو المخترع إلى المشروع	معلومات عامة
إضافة إحدى سمات المصدر ومُعرِّفاتها الإلزامية إلى التسلسل	تسلسلات
إضافة معلومات السمات إلى التسلسل	تسلسلات
إضافة مُعرِّف إلى سمة	تسلسلات
إنشاء تسلسل في المشروع	تسلسلات
التحرير الإجمالي أو إضافة سمات إلى نطاق التسلسلات	تسلسلات
التخطي الإجمالي لمجموعة من تسلسلات	تسلسلات
الحذف الإجمالي لمجموعة من التسلسلات	تسلسلات
إنشاء تسلسل و/أو إدخاله في موضع آخر في الكشف	تسلسلات
استيراد تسلسل إلى مشروع قائم	تسلسلات
حذف التسلسل	تسلسلات
القيام بشكل تلقائي بإنشاء مُعرِّف ترجمة، وبشكل اختياري، تسلسل الأحماض الأمينية المرتبط به المحدد من خلال المعرِّف "protein_id" من أجل سمة مُحدَّدة من سمات منطقة التشفير.	تسلسلات
تعديل بيانات المعرِّف	تسلسلات
تعديل بيانات التسلسل	تسلسلات
تعديل البيانات الرئيسية للسمة	تسلسلات
تحديد معلومات الموقع للسمة المُحدَّدة	تسلسلات
التأكد من عدم احتواء البقايا على رموز غير صالحة	تسلسلات
ضبط خاصية الجُزء في تسلسل الأحماض الأمينية بإحدى القيم المُحدَّدة مسبقاً	تسلسلات

تسلسلات	ترجمة تسلسل أحماض نووية وفقاً لرقم مُحدّد من جدول شفرة جينية (الشفرة الجينية الافتراضية 1)
تسلسلات	استيراد أزواج معرّفات النصوص الحرة من المصدر إلى الهدف بنسق XLIFF، من أجل توفير ترجمات في المشروع
تسلسلات	التحرير الإجمالي لحواشي التسلسل التي تتضمن المعرف "mol_type"
تسلسلات	الحذف الإجمالي لنطاق من التسلسلات التي تستخدم التحرير الإجمالي
تسلسلات	إعادة ترتيب التسلسل في الكشف التسلسلي
كائنات مُخصّصة	إضافة أسماء كائنات جديدة إلى قائمة أسماء الكائنات المحفوظة في هذا النظام
كائنات مُخصّصة	تصدير قائمة أسماء الكائنات المخصصة إلى ملف يمكن استيراده لاحقاً إلى مثل مختلف لأداة الويبو للتسلسل
كائنات مخصصة	استيراد قائمة بأسماء الكائنات المُخصصة من ملف بنسق XLIFF إلى مشروع قائم
شخص/مؤسسة	حفظ معلومات عن مُودع الطلب أو المخترع في النظام (مثل الاسم، ورمز اللغة التي كُتبت بها، وترجمته أو النقل الصوتي له إلى أحرف لاتينية (إن لم يكن بأحرف لاتينية)، والعنوان، إلخ.) لكي يتسنى استخدامه لاحقاً في مشروعات شتى
شخص/مؤسسة	إنشاء اسم جديد لشخص أو مؤسسة
تفضيلات النظام	تعديل بعض التفضيلات الأداة التي تؤثر على جميع المشروعات المنشأة في ذلك السياق

### 3. لمحة عامة عن الأداة

#### العناصر الرئيسية للأداة

يتناول هذا القسم تفاصيل العناصر الرئيسية للأداة. ويتمثل الهدف من تقديم هذه التفاصيل في أن يكون المستخدم على دراية بالمكونات المشتركة الموجودة في أداة الحاسوب المكتبي.

الصفحة هي الحاوية الرئيسية للأداة. وتوجد صفحتان رئيسيتان تحتويان بداخلهما على أطر:

- الصفحة الرئيسية
  - إطار صفحة المشروعات
  - إطار الأشخاص والمؤسسات
  - إطار الكائنات المُخصَّصة
  - إطار التفضيلات
- صفحة المشروع (يمكن الوصول إليها من إطار المشروعات)
  - إطار تفاصيل المشروع
  - إطار تقرير التحقُّق
  - إطار المعرِّفات المعتمدة على اللغة
  - إطار تقرير الاستيراد
  - إطار عرض الكشف التسلسلي

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

الشكل 2: الصفحة الرئيسية للمشروع

#### الإطار

الإطار هو الحيز الذي تُعرض فيه معلومات داخل نفس الصفحة.

#### الأقسام

WIPO Sequence PROJECT\_TITLE VERIFICATION REPORT LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS IMPORT REPORT DISPLAY THE SEQUENCE LISTING HE PREFERENCES Return to project home

1 GENERAL INFORMATION SEQUENCES

2 GENERAL INFORMATION

3 SEQUENCES

الشكل 3: إطار تفاصيل المشروع

يوجد داخل إطار تفاصيل المشروع، الموضح في الشكل 3: إطار تفاصيل المشروع، قسمان قابلان للطي، هما: المعلومات العامة وتسلسلات. ويوجد في أعلى إطار تفاصيل المشروع رابطان سينقلان المستخدم إلى القسم ذي الصلة (1)؛ وكلا القسمين قابل للطي (يُشار إلى ذلك بالمثلث الصغير الموجود إلى اليسار) من أجل تسهيل التنقل (2)؛ ويمكن للمستخدم أن ينقر على أيقونة السهم للعودة إلى أعلى إطار تفاصيل المشروع (3).

### الطبقة المُنبثقة

عند الحاجة إلى ملء نموذج أو تعديله، ستظهر أحياناً فوق الإطار الحالي طبقة مُنبثقة، فتؤدي إلى إعتام الخلفية قليلاً كما هو موضح في المثال الآتي الظاهر في الشكل 4.

GENERAL INFORMATION SEQUENCES

PRIORITY IDENTIFICATION

Add Invention Priority Application

IP Office\*

Application number\*

Solusid Invention Priority Application\*

Cancel Add Invention Priority Application

APPLICANT & INVENTOR

Add Applicant Add Invention

INVENTION TITLE

Add Invention Title

الشكل 4: الطبقة المُنبثقة

وعندما تكون الطبقة المُنبثقة ظاهرة، فإن جميع العناصر الموجودة خلفها ستوقف عن العمل، وستكون عناصر الطبقة المُنبثقة هي وحدها القابلة للتعديل.

### الجداول

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

الشكل 5: مثال على الجداول

يُرد في الشكل 5 مثالاً على الجداول. وحينما تكون إمكانية البحث في الجدول متاحة، يمكن للمستخدم إدخال بعض بيانات البحث، ثم النقر على أيقونة البحث الموجودة عن يمين شريط البحث (1). وللعودة إلى القائمة الكاملة للعناصر داخل الجدول، امسح ما كُتب في مربع البحث ثم انقر على أيقونة البحث (1).

ويمكن للمستخدم أن يتنقل عبر صفحات صفوف الجدول بالنقر على الأزرار الموجودة أسفل الجدول، وذلك إذا كانت محتويات الجدول لا تسعها صفحة واحدة (2). ولحذف أحد صفوف الجدول، يمكن للمستخدم أن ينقر على أيقونة سلة المهملات الموجودة عن يمين ذلك الصف (3). ولفتح إطار تحرير أحد صفوف الجدول، يجب على المستخدم أن ينقر على القيمة الوارد تحتها خط في ذلك الصف (وجود خط تحت العنصر يشير إلى أنه قابل للنقر) (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 Cardenal ...
John Smith	en - English		England, Leeds, Eden Mount, 26	England, Leeds, Eden Moun...

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

Cancel Save

الشكل 6: تحرير الجداول

فور تحديد هذا الصف، ستظهر طبقة منبثقة على الشاشة، وسيُفتح نموذج قابل للتحرير أسفل الجدول.

### إطارات النموذج

يعرض إطار النموذج مجموعةً من البيانات. وقد تُورَع العناصر الموجودة في إطار النموذج على عدة أعمدة. ولكل عنصر تسمية وقيمة (اختيارية).

## 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	

الشكل 7: مثال على إطارات النموذج

كما هو موضح في الشكل 6، عند النقر على الزر الذي يحمل أيقونة القلم (1) في إطار النموذج، يتحول إطار النموذج إلى نموذج قابل للتعديل.

### نموذج التحرير

فور فتح نموذج التحرير، تظهر للمستخدم الحقول القابلة للتعديل. وفور انتهاء المستخدم من تعديل القيم، سيكون بإمكانه إما حفظ التغييرات بالنقر على زر "Save" (1) وإما تجاهلها بالنقر على زر "Cancel" (2) (كما هو موضح في الشكل 8).

### 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

الشكل 8: نموذج التحرير

### أداة اختيار التاريخ

عندما يُطلب من المستخدم إدخال تاريخ ما، فسيستخدم أداة اختيار التاريخ. وبالنقر على أيقونة التقويم (1)، سَتُفتح أداة اختيار التاريخ (2)، كما يظهر في الشكل 9.

Year 2019	Month Feb																																										
<table border="1"> <tr><td>27</td><td>28</td><td>29</td><td>30</td><td>31</td><td>01</td><td>02</td></tr> <tr><td>03</td><td>04</td><td>05</td><td>06</td><td>07</td><td>08</td><td>09</td></tr> <tr><td>10</td><td>11</td><td>12</td><td>13</td><td>14</td><td>15</td><td>16</td></tr> <tr><td>17</td><td>18</td><td>19</td><td>20</td><td>21</td><td>22</td><td>23</td></tr> <tr><td>24</td><td>25</td><td>26</td><td>27</td><td>28</td><td>01</td><td>02</td></tr> <tr><td>03</td><td>04</td><td>05</td><td>06</td><td>07</td><td>08</td><td>09</td></tr> </table>		27	28	29	30	31	01	02	03	04	05	06	07	08	09	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	01	02	03	04	05	06	07	08	09
27	28	29	30	31	01	02																																					
03	04	05	06	07	08	09																																					
10	11	12	13	14	15	16																																					
17	18	19	20	21	22	23																																					
24	25	26	27	28	01	02																																					
03	04	05	06	07	08	09																																					
<input type="button" value="Today"/>																																											
Filing date 2019-02-22																																											

الشكل 9: أداة اختيار التاريخ

ويُشار إلى التاريخ المُحدّد حالياً بخلفية رمادية (يوم 22)، ويُشار إلى تاريخ اليوم بخط تحته (يوم 26). ويُعتبر يوم الأحد أول أيام الأسبوع.

وبدلاً من ذلك، يمكن أيضاً أن يكتب المستخدم التاريخ المطلوب بالنسق المناسب ("س س س-ش-ي ي") (3).

### قارئ ملفات PDF

حينما يطبع المستخدم تقرير التحقُّق الخاص بكشف تسلسلي معين أو تقرير الاستيراد أو معلومات المشروع، سيُنشأ ملف PDF ويُفتح في قارئ ملفات PDF. ولتنزيل الملف وحفظه، يجب على المستخدم أن ينقر على أيقونة التنزيل الموجودة في أعلى يمين قارئ PDF (1)، كما هو موضح في الشكل 10.

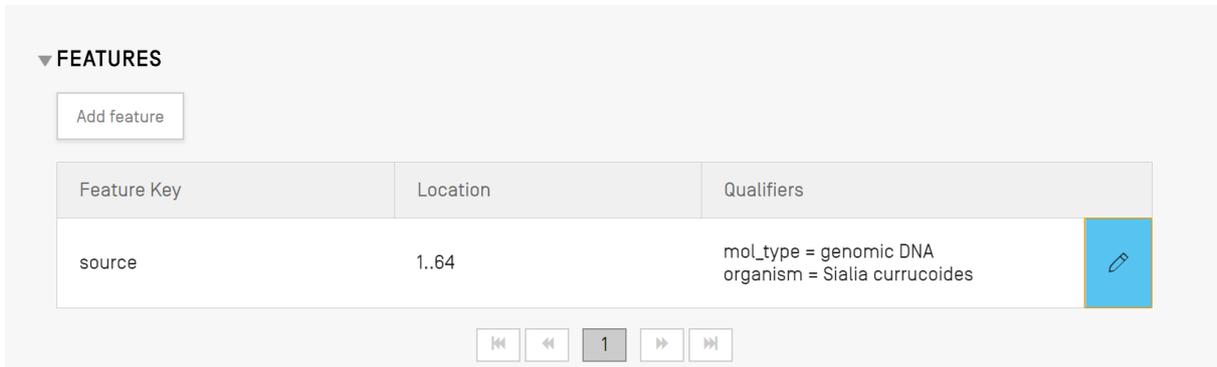


الشكل 10: قارئ ملفات PDF

### التصفح باستخدام لوح المفاتيح

يمكن استخدام أداة الويبو للتسلسل من خلال التصفح الأساسي بفضل لوحة المفاتيح. ويُستخدم مفتاح "TAB" للتنقل بين العناصر والمفتاح "Space" لتحديد خانة الاختيار أو الأزرار التبادلية.

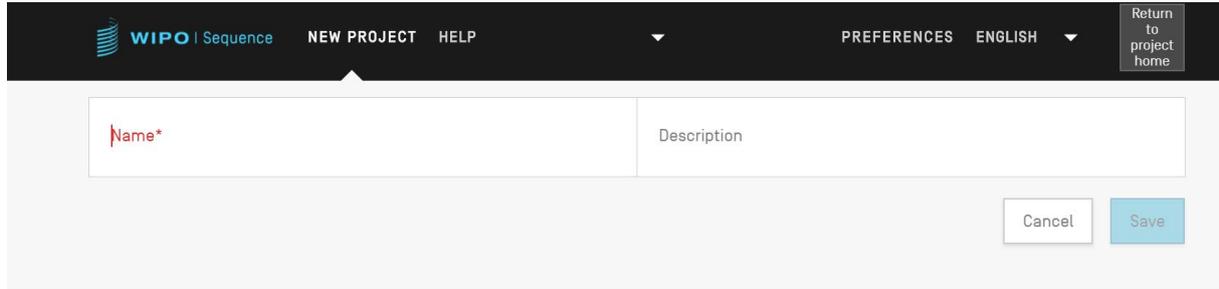
ويصبح التركيز بارزاً خلال التصفح عند الوصول إلى زر سمة التحرير كما هو موضح في الشكل 11.



الشكل 11: التركيز على زر سمة التحرير

وكذلك هو الحال عند وضع المؤشر والتركيز على خانة الإدخال في أعلى القسم اليسار.

وعلى سبيل المثال، عند إنشاء مشروع جديد، هناك خانة إجبارية واحدة، وهي الاسم "Name". والمؤشر والتركيز قد أصبحا بالفعل على خانة اسم المشروع، كما هو موضح في (الشكل 12) أدناه:



الشكل 12: تركيز المؤشر على الخانة الإجبارية

### إطار الصفحة الرئيسية

يتكون إطار الصفحة الرئيسية للأداة من 3 أطر رئيسية:

إطار **المشروعات** (انظر الشكل 13)، وإطار **الأشخاص والمؤسسات** (انظر الشكل 14)، وإطار **الكائنات** (انظر الشكل 15). وهناك أيضاً التفضيلات (انظر الشكل 23) التي تنطبق على جميع المشروعات وتُوجد في أعلى الزاوية اليمنى.

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

PREFERENCES ENGLISH

NEW PROJECT IMPORT PROJECT IMPORT SEQUENCE LISTING VALIDATE SEQUENCE LISTING

## PROJECTS

Search project by name

Project name :	Applicant file reference :	Applicant name :	Invention title :	Status :	Creation Date :
<a href="#">cda_feature</a>	15123-WO-PCT[2]	Novozymes A/S	Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same	modified	2021-09-07
<a href="#">160K_500_SEQ</a>	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
<a href="#">160K_100_SEQS</a>	A400: 66076	University of Tokyo	aaaaaaaa	modified	2021-09-06
<a href="#">cda_feature</a>	15123-WO-PCT[2]	Novozymes A/S	Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same	invalid	2021-09-02
<a href="#">cdaFeatures</a>	15123-WO-PCT[2]	Novozymes A/S	Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same	modified	2021-09-01

الشكل 13: إطار الصفحة الرئيسية للمشروعات

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

PREFERENCES ENGLISH

CREATE NEW PERSON OR ORGANIZATION

## PERSONS & ORGANIZATIONS

Search person or organization by name

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

الشكل 14: إطار الأشخاص والمؤسسات

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	
Demo Organism	
B	bbb
A	aaa

1

الشكل 15: إطار الكائنات

### صفحة المشروعات

تتألف صفحة المشروع من ستة أطر يمكن استخدامها للتنقل بين شتى مراحل العمل، كما هو موضح في الشكل 20:

1. إطار تفاصيل المشروع (1) (يُشار إليه باسم المشروع، ويظهر هنا باسم "Project"): الإطار الرئيسي الذي يتضمن جميع بيانات المشروع،
2. وإطار تقرير التحقق (2): الموضوع الذي يمكن فيه تقييم تقرير التحقق،
3. وإطار المعرفات المعتمدة على اللغة (3): الموضوع الذي يمكن فيه تقييم معرفات النصوص الحرة المعتمدة على اللغة وتصديرها/استيرادها،
4. وإطار تقرير الاستيراد (4): الموضوع الذي يمكن فيه تقييم تقرير الاستيراد،
5. وإطار عرض الكشف التسلسلي (5): الموضوع الذي يمكن فيه تقييم الأنساق التي يسهل على الإنسان قراءتها الخاصة بالكشف التسلسلي بنسق المعيار ST.26 التي تم إنشاؤه،
6. وقائمة المساعدة: تتضمن مراجع لدليل المستخدم ومعيار الويبو ST.26 وأداة الويبو للتسلسل وقاعدة معارف المعيار ST.26 (6).
7. وإطار التفضيلات (7).

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

GENERAL INFORMATION SEQUENCES

## PROJECT

Print Export Import Another Project Validate Generate Sequence Listing

الشكل 16: شريط الأدوات الخاص بتفاصيل المشروعات

للعودة إلى إطار المشروعات (الصفحة الرئيسية)، يمكن للمستخدم أن ينقر على زر "return to project home" (8) في الطرف الأيمن من رأس الصفحة.

## تفاصيل المشروع

### المعلومات الأساسية

يوجد في الجزء العلوي من إطار تفاصيل المشروع جدولٌ يحتوي على معلومات أساسية عن المشروع، كما هو موضح في الشكل 17.

ويحتوي هذا القسم على ما يلي:

- اسم المشروع
- تاريخ ووقت إنشاء المشروع
- تاريخ ووقت التحديثات الأخيرة المدخلة على المشروع
- حالة المشروع (القيم المحتملة هي: 'new'/'modified'/'generated'/'invalid'/'valid'/'warnings') – يُرجى العلم بأن هذه الخانة غير قابلة للتعديل.
- وصف المشروع – اختياري
- اسم الملف المستورد (في حالة استيراد المشروع)
- رمز لغة النص الحر لمعرفات النصوص الحرة
- عدد تسلسلات (المشار إليه بكلمة: "Sequences")
- خانة اختيار من أجل طلب إضافة معرف ترجمة تلقائياً عند إنشاء سمة منطقة التشفير (CDS) (وظيفة على مستوى المشروع).
- رمز لغة النصوص الحرة غير الإنكليزية

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	

الشكل 17: قسم المعلومات الأساسية

## المساعدة

ستتيح الأداة للمستخدم عرض خيارات المساعدة المتاحة للحصول على المساعدة باستخدام هذه الأداة (انظر الشكل 18).

وتوجه خيارات المساعدة إلى المعلومات التي من شأنها:

- تقديم رابط إلى دليل المستخدم<sup>1</sup>
- تقديم رابط إلى قاعدة معارف المعيار ST.26<sup>2</sup>
- تقديم رابط لاستمارة الاتصال بفريق الدعم المعني بأداة الويبو للتسلسل
- تقديم رابط للنفذ إلى معيار الويبو ST.26<sup>3</sup>
- تقديم معلومات أساسية عن أداة الويبو المكتوبة للتسلسل.

#### ملاحظة:

يحتوي أحدث إصدار من أداة الويبو للتسلسل على دليل المستخدم ومعيار الويبو ST.26 باللغة الإنجليزية فقط. وعندما يختار المستخدم لغة مختلفة لواجهة المستخدم البيانية، سيحتاج إلى الاتصال بالإنترنت من أجل الحصول على إصدارات اللغات الأخرى لكل من المعيار ودليل المستخدم. ومع ذلك، فإن الرابط المتاح سيكون إلى إصدار اللغة الذي يطابق اختيار المستخدم.

الشكل 18: القاعدة المنسدلة الخاصة بالمساعدة

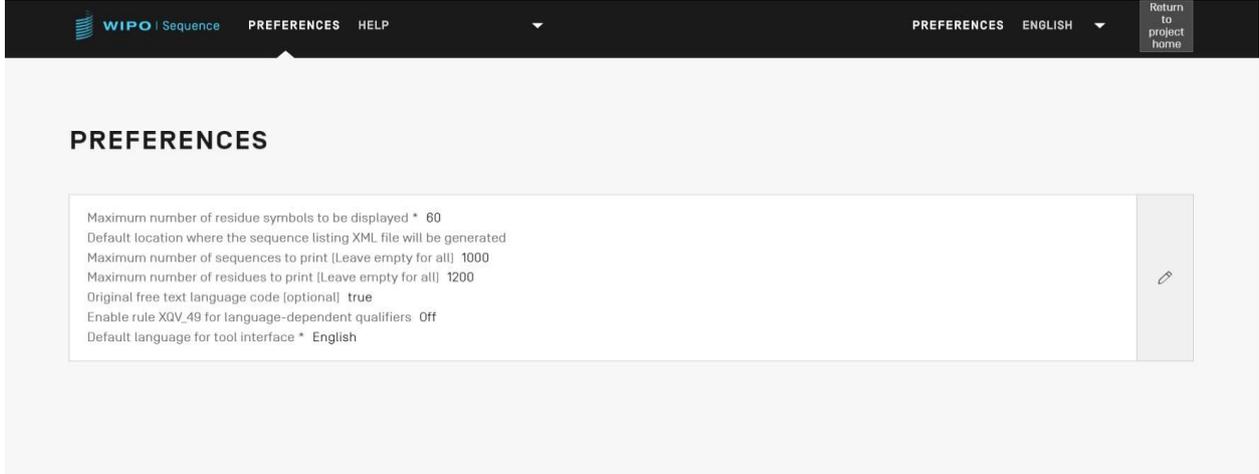
## التفضيلات

<sup>1</sup> وقت نشر هذا الدليل، يشير ذلك إلى النسخة الإنكليزية لدليل المستخدم، المتاحة خارج شبكة الإنترنت، أو باللغات التسع المتبقية لمعاهدة البراءات، على الإنترنت

<sup>2</sup> وقت نشر هذا الدليل، يشير ذلك إلى أداة الويبو للتسلسل والمعيار ST.26

<sup>3</sup> وقت نشر هذا الدليل، يشير ذلك إلى إصدار آخر من المعيار على الإنترنت باللغات الإنكليزية أو الفرنسية أو الإسبانية

الإطار الأخير هو الإطار الذي يستطيع فيه المستخدم ضبط خصائص معينة تنطبق على جميع المشروعات (انظر الشكل 19). ويمكن الاطلاع على تفاصيل حول ماهية كل من هذه المعلمات أدناه في القسم ذي الصلة "وظائف الأداة".



**PREFERENCES**

Maximum number of residue symbols to be displayed \* 60  
Default location where the sequence listing XML file will be generated  
Maximum number of sequences to print (Leave empty for all) 1000  
Maximum number of residues to print (Leave empty for all) 1200  
Original free text language code (optional) true  
Enable rule XQV\_49 for language-dependent qualifiers Off  
Default language for tool interface \* English

الشكل 19: إطار التفضيلات

## 4. وظائف الأداة

### الصفحة الرئيسية للمشروعات

يعرض هذا القسم تفاصيل مختلف الوظائف المتاحة في إطار صفحة المشروعات.

والمشروع هو بنية تستخدمها الأداة لحفظ البيانات اللازمة لإنشاء كشف تسلسلي. وتستخدم الأداة البيانات المحفوظة في المشروع، فور التحقق من توافق هذه البيانات مع معيار الويبو ST.26، بوصفها قيمة داخل الكشف التسلسلي المنشأ.

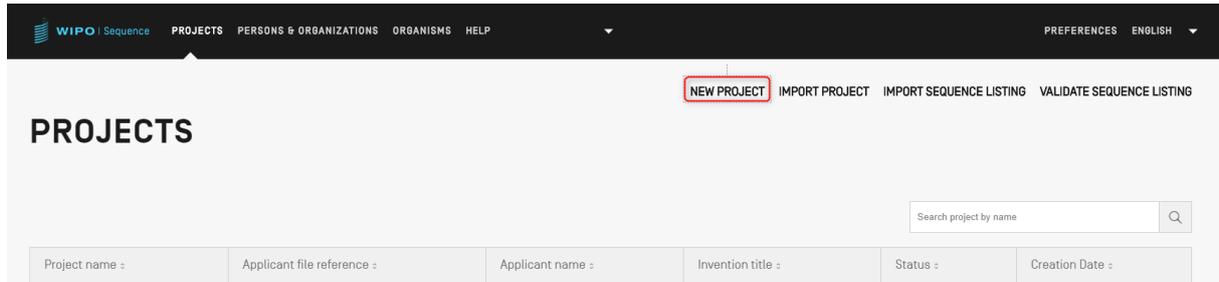
وفي هذا الإطار تُعرض المشروعات المنشأة، ويُعطى المستخدم خيار الفرز، أو استخدام وظيفة البحث من أجل التصنيف بحسب اسم المشروع، أو الرقم المرجعي لملف مودع الطلب، أو اسم مودع الطلب، أو اسم الاختراع، أو الحالة، أو تاريخ الإنشاء.

#### ملاحظة:

تعرض الأداة 1000 مشروع كحد أقصى. وإذا لم يتم عرض المشروع في إطار صفحة المشروعات، ينبغي للمستخدم استخدام وظيفة البحث من أجل تحديد المشروع من خلال اسمه، إذ إنه سيقى مخزناً محلياً ولكنه غير مرئي في إطار العرض هذا.

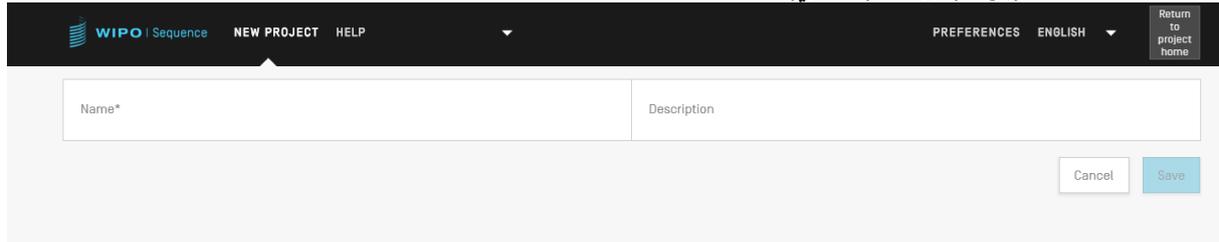
### إنشاء مشروع

لإنشاء مشروع جديد، يجب على المستخدم أن يبدأ من الإطار الرئيسي الذي يتضمن صفحة المشروعات (انظر الشكل 20).



الشكل 20: إنشاء مشروع جديد، الخطوة 1

1 انقر على رابط "NEW PROJECT" الموجود في أعلى الإطار الموضح في الشكل 20. وفي الإطار التالي، ستطلب الأداة اسماً (إلزامياً) ووصفاً (اختيارياً).



الشكل 21: إنشاء مشروع جديد، الخطوة 2

2 عند إدخال قيمة في حقل الاسم، سيُفعّل زر "Save" لكي يتمكن المستخدم من حفظ المشروع الجديد. ويعرض الشكل 22 قائمة المشروعات التي تتضمن هذا المشروع الجديد في إطار صفحة المشروعات المبين في الشكل 22.

WIPO | Sequence PROJECTS PERSONS & ORGANIZATIONS ORGANISMS HELP

NEW PROJECT IMPORT PROJECT IMPORT SEQUENCE LISTING VALIDATE SEQUENCE LISTING

## PROJECTS

Search project by name

Project name :	Applicant file reference :	Applicant name :	Invention title :	Status :	Creation Date :
<a href="#">cds_feature</a>	15123-WO-PCT[2]	Novozymes A/S	Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same	modified	2021-09-07
<a href="#">160K_500_SEQ</a>	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

الشكل 22: مشروع جديد يظهر في إطار المعلومات الموجزة

### استيراد المشروع

تسمح هذه الوظيفة بأن يستورد المستخدم إلى الأداة مشروعاً سبق تصديره كما هو مبين في الشكل 51: طباعة المشروع. ولاستيراد ملف مشروع ما، يجب أن يبدأ المستخدم من إطار صفحة المشروعات كما هو مبين في الشكل 23.

WIPO | Sequence PROJECTS PERSONS & ORGANIZATIONS ORGANISMS HELP

NEW PROJECT **IMPORT PROJECT** IMPORT SEQUENCE LISTING VALIDATE SEQUENCE LISTING

## PROJECTS

Search project by name

Project name :	Applicant file reference :	Applicant name :	Invention title :	Status :	Creation Date :
<a href="#">cds_feature</a>	15123-WO-PCT[2]	Novozymes A/S	Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same	modified	2021-09-07

الشكل 23: استيراد مشروع، الخطوة 1

(1) انقر على رابط "IMPORT PROJECT" الموجود في أعلى الإطار كما هو موضح في الشكل 23.

WIPO | Sequence PROJECTS PERSONS & ORGANIZATIONS ORGANISMS HELP

NEW PROJECT **IMPORT PROJECT** IMPORT SEQUENCE LISTING VALIDATE SEQUENCE LISTING

Upload file [.zip]

Cancel Import Project

Project name :

Creation Date :

2021-05-12

2021-05-05

Open

This PC > Documents > WIPO\_ST26

Search WIPO\_ST26

Name	Date modified	Type
tets_1617812352954.zip	07/04/2021 17:19	WinRAR ZIP archive

File name: tets\_1617812352954.zip ZIP (\*.zip)

Open Cancel

الشكل 24: نافذة استيراد مشروع

- (2) في الشاشة المنبثقة الموضحة في الشكل 24، انقر على زر "Upload file [.zip]" (1).  
 (3) في نافذة الحوار الظاهرة في الشكل 24، حدد ملف المشروع المطلوب استيراده (2 و3).

الشكل 25: استيراد مشروع، اختيار نطاق التسلسلات

- (4) إذا ظلت خانة الخيار "Select Range Sequences" فارغة، فسوف تُستورد جميع تسلسلات. وإذا كان المستخدم يرغب في تحديد تسلسلات المراد استيرادها إلى المشروع، فيجب أن يضع علامة في خانة اختيار "Select Range Sequences" (1) وأن يُدخل أرقام تعريف التسلسلات المطلوبة في الحقل المناسب (2) الموضح في الشكل 25. ويمكن إدخال تسلسل واحد أو قائمة تسلسلات مفصولة بفواصل أو نطاق تسلسلات في شكل  $x-y$ .

مثال: "50-30, 20-13, 7, 3, 1"

- بشكل افتراضي، سيعرض العدد الإجمالي لتسلسلات المشروع المستورد على أنه ترتيب رتلي، وذلك على النحو التالي: 1 - العدد الإجمالي للتسلسلات.

- (5) والخطوة الأخيرة هي النقر على الزر الأزرق "Import Project" (3)، كما هو موضح في الشكل 25.

وإذا تم استيراد المشروع بنجاح، فسيظهر الشريط الأزرق الآتي أعلى الإطار وبه رسالة، كما هو موضح في الشكل 26.

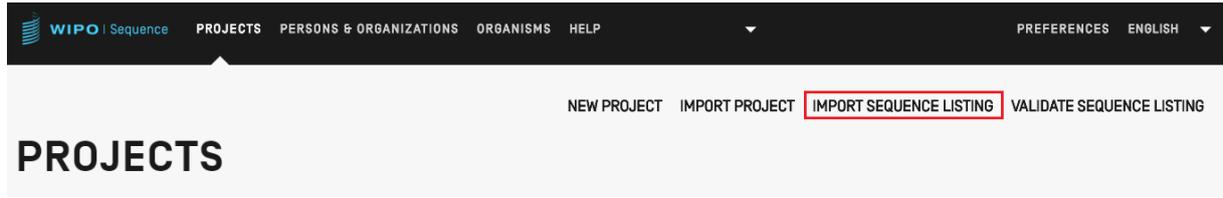
الشكل 26: الشريط الأزرق الذي يشير إلى استيراد مشروع بنجاح

**مشكلة معروفة:** قد تتسبب أداة الويبو للتسلسل في حدوث عدد كبير من الأخطاء غير المتوقعة أثناء استيراد المشروع، ومن غير الواضح ما هو سبب هذه الأخطاء. ويحدث ذلك في معظم الأحيان بسبب تعطل الأداة. وإذا كان لديك أي مشاكل، يُرجى إعادة عملية الاستيراد مرة أخرى.

## استيراد قائمة تسلسلات

من إطار صفحة المشروعات، لا يمكن للمستخدم أن يستورد إلا معلومات تسلسلات من كشف تسلسلي متوافق مع المعيار ST.25 أو ST.26. ونسق ملفات ST.26 هو \*.xml، ونسق ملفات ST.25 هو \*.txt.\*

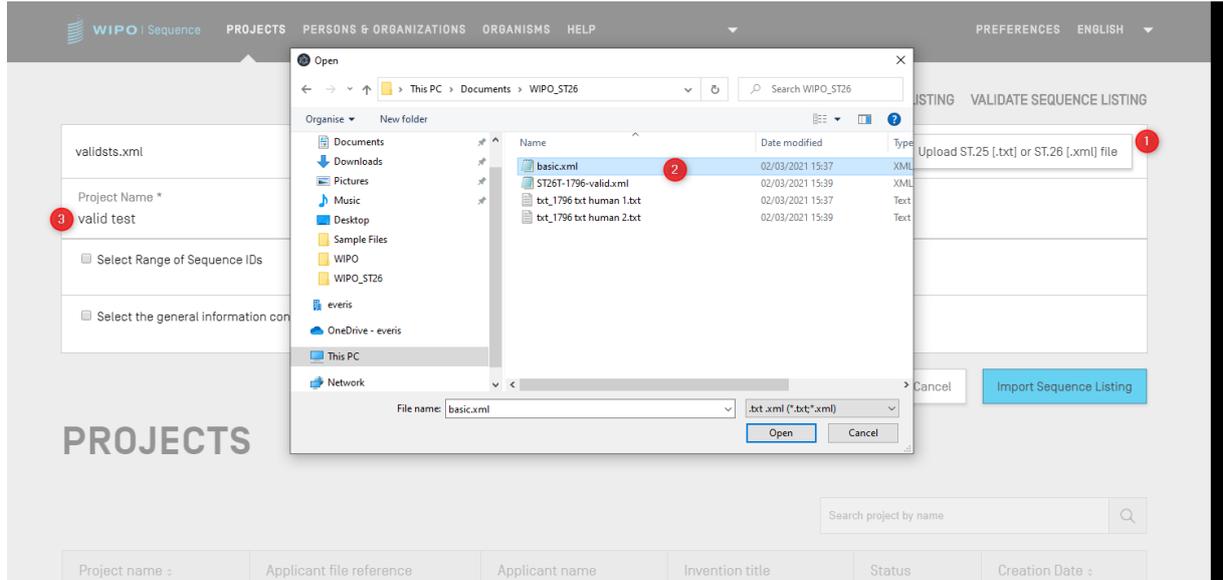
- (1) أولاً، انقر على زر "IMPORT SEQUENCE LISTING" الموجود في أعلى الإطار الموضح في الشكل 27.



## PROJECTS

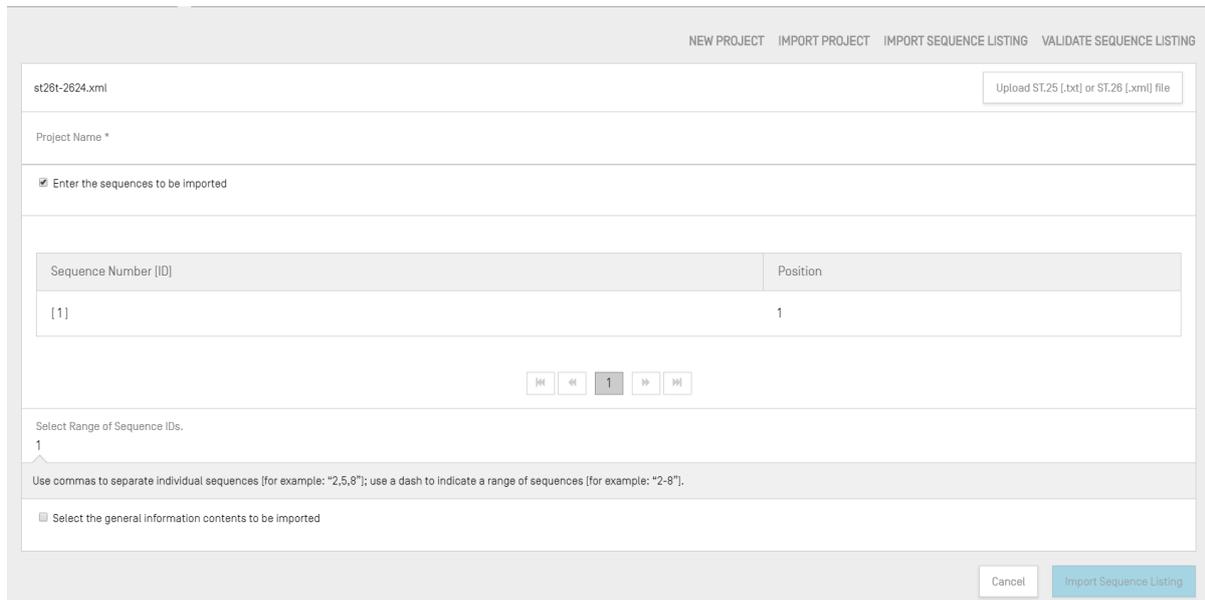
الشكل 27: استيراد كشف تسلسلي، الخطوة 1

- (2) في الطبقة المُنبثقة التي تفتح، والمبينة في الشكل 28، انقر على زر "Upload file ST.25 [.txt]" أو "ST.26 [.xml]" (1). وحدد ملف الكشف التسلسلي المطلوب في النافذة التي تظهر (2). ثم ادخل اسماً للمشروع الجديد الذي يجري إنشاؤه بالاسم الوارد في حقل "Project Name" (3).



الشكل 28: استيراد كشف تسلسلي، نافذة حوار

- خانتا الاختيار الأساسيتان الظاهرتان في الشكل 29. ستسمحان للمستخدم بتحديد الأقسام المطلوب استيرادها إلى المشروع الجديد، وهاتان الخانتان هما: "Select Range Sequences" و "Select the general information contents to be imported".



الشكل 29: استيراد كشف تسلسلي، تحديد النطاق

خانة الاختيار الأولى ستسمح للمستخدم بتحديد تسلسلات التي يرغب في استيرادها من الكشف التسلسلي. ويمكن إدخال تسلسل واحد أو قائمة تسلسلات مفصولة بفواصل أو نطاق تسلسلات في شكل x-y.

مثال: "1, 3, 7, 13-20, 30-50"

بشكل افتراضي، سيُعرض العدد الإجمالي لتسلسلات الكشف التسلسلي المستورد على أنه ترتيب رتلي.

ويحتوي الجدول الظاهر في الشكل 28. على عمودين، أحدهما به رقم تعريف التسلسل من أجل تحديد التسلسل المقابل، والعمود الآخر به "الموضع" الذي سيظهر فيه ذلك التسلسل في الكشف التسلسلي.

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

The data for the selected attributes will be overwritten

Cancel Import Project

الشكل 30: استيراد كشف تسلسلي، تحديد المعلومات العامة

سيؤدي وضع علامة في خانة الاختيار الثانية إلى تفعيل قائمة خانات اختيار إضافية تسمح للمستخدم بأن يحدد كل خاصية على حدة من الخصائص المطلوب استيرادها أو تجاهلها، كما هو موضح أعلاه في الشكل 30.

3) وفي النهاية، انقر على الزر الأزرق "Import Project" لإنشاء المشروع الجديد.

وفي حالة استيراد الكشف التسلسلي على الوجه الصحيح، سيظهر جدول تغييرات البيانات الموضح في الشكل 31. لإخبار المستخدم بالتغييرات التلقائية التي أدخلت خلال عملية الاستيراد على بيانات الكشوف التسلسلية التي تكون بنسق ST.25 أو multi-sequence أو raw، من أجل جعلها متوافقة مع متطلبات المعيار ST.26.

**ملاحظة:** يُرجى العلم بأنه من أجل استيراد كشف تسلسلي، تراعى السمات والمعزفات حالة الأحرف وينبغي أن تتماشى مع القيم الواردة في المرفق الأول من معيار الويبو ST.26. ومن الجدير بالملاحظة أيضاً أن الكشوف التسلسلية المستوردة المتوافقة مع المعيار ST.26 يجب أن تكون صالحة، ولا يمكن ضمان حسن سير الكشف التسلسلي بخلاف ذلك.

### Import Report

Print Report

#### Changed 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

« 1 »

الشكل 31: استيراد كشف تسلسلي، تغييرات البيانات

إذا كان الملف بنسق ST.25، فإن إطار تقرير الاستيراد سيتضمن جدول تقرير الاستيراد أولاً، بالإضافة إلى جدول تغييرات البيانات. ويرد مثال على تقرير تغييرات البيانات في الشكل 31، ويرد مثال على تقرير الاستيراد في الشكل 32.

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

### Import Report

Print Report

#### Import Report Messages

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.	

الشكل 32: استيراد كشف تسلسلي، تقرير الاستيراد

في هذه المرحلة، يمكن للمستخدم أن يعود إلى إطار صفحة المشروعات (2) أو أن يطبع تقريراً عن هذه التغييرات بنسق PDF (1): انظر الشكل 32: استيراد كشف تسلسلي، تقرير الاستيراد.

وللاطلاع على إرشادات بشأن كيفية تنزيل ملف PDF، انظر الشكل 10.

وفي المقابل، يمكن أن تفشل عملية الاستيراد إذا كانت هناك أخطاء في ملف الكشف التسلسلي. وفي هذه الحالة، بعد محاولة الاستيراد، سيظهر للمستخدم شريط أحمر يشير إلى حدوث خطأ أثناء الاستيراد، انظر الشكل 33.

WIPO Sequence PROJECTS PERSONS & ORGANIZATIONS ORGANISMS HELP PREFERENCES ENGLISH

ERROR: An error occurred while importing the ST.25 sequence listing. X

NEW PROJECT IMPORT PROJECT IMPORT SEQUENCE LISTING VALIDATE SEQUENCE LISTING

## PROJECTS

Search project by name

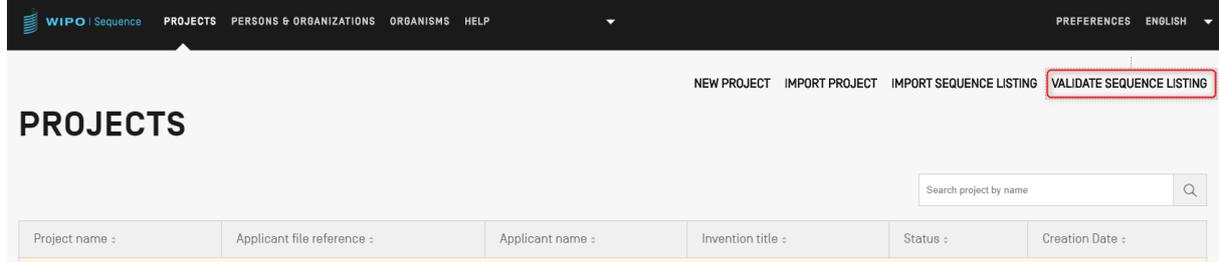
Project name :	Applicant file reference	Applicant name	Invention title	Status	Creation Date :
<a href="#">pvt_42_xpvt_42</a>	AB123	Tom Jons	Copolymer including uncharged hydrophilic block	new	2021-07-07

الشكل 33: استيراد كشف تسلسلي بنسق ST.25، شريط أحمر

وإضافة إلى ذلك، تعمل الأداة بأفضل شكل عندما يكون الحد الأقصى 100 ألف تسلسل. وعند التعامل مع كشوف تسلسلية كبيرة، يمكن للمستخدم تنفيذ الحل البديل التالي: تقسيم عملية الاستيراد إلى سلسلة من الخطوات عن طريق اختيار نطاق معين من تسلسلات المراد استيرادها ثم استيراد هذه تسلسلات داخل المشروع نطاقاً تلو الآخر. على سبيل المثال، يمكن تقسيم الكشف التسلسلي المكون من 100 ألف تسلسل تقريباً إلى مجموعة من 10 × 10 آلاف تسلسل، ويمكن استيراد هذه المجموعات واحدة تلو الأخرى. وسيتم استخدام أول 10 آلاف تسلسل في إنشاء المشروع.

## تثبيت قائمة التسلسل

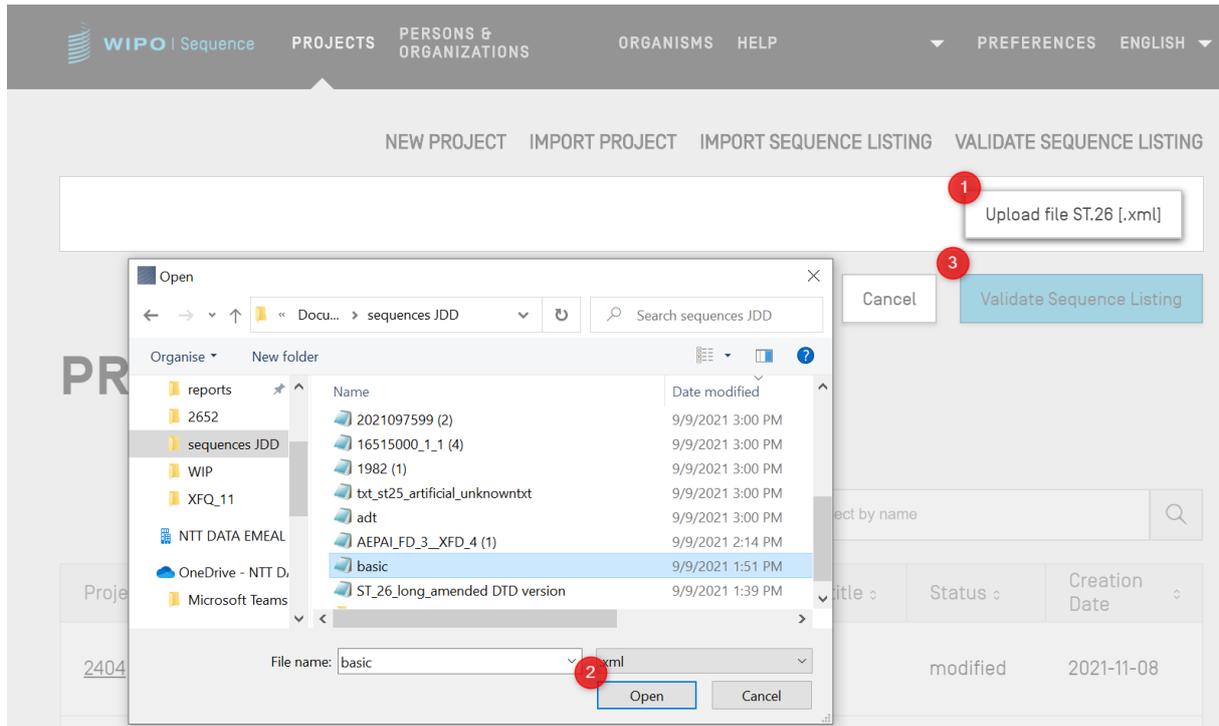
يمكن للمستخدم أن يتحقق من ملف كشف تسلسلي بنسق ST.26 عن طريق النقر على زر "VALIDATE SEQUENCE LISTING" الموجود في أعلى يمين إطار المشروعات، الموضح في الشكل 34.



الشكل 34: التحقق من الكشف التسلسلي

بعد ذلك، يجب على المستخدم النقر على زر "Upload file ST.26 [.xml]" (1) المبين في الشكل 35، ثم تحديد الملف في نافذة الحوار (2).

وأخيراً، انقر على زر "Validate Sequence Listing" (3).



الشكل 35: التحقق من الكشف التسلسلي نافذة الحوار

وإذا اجتاز الكشف التسلسلي عملية التحقق بنجاح، فسيظهر الشريط الموضح في الشكل 36.



الشكل 36: شريط يشير إلى إكمال التحقق بنجاح

وإذا لم يجتز الكشف التسلسلي عملية التحقق بنجاح، فسيظهر في متصفح المستخدم تقرير يحتوي على قائمة بأخطاء التحقق في جدول على النحو الموضح في الشكل 37.

## Verification report

## Verification Report Information

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

الشكل 37: التحقق من الكشف التسلسلي، تقرير التحقق

وسيعرض موقع ملف HTML إلى جانب تقرير التحقق بنسق XML (1) و (2) إذا أراد المستخدم نسخ الملفات إلى موقع مختلف (انظر الشكل 37).

**ملاحظة:** يجب أن يسمح المستخدم بتشغيل برنامج نصي داخلي على جهازه حتى يُعرض النسق بشكل صحيح، أي عنصر التحكم ActiveX في متصفح Internet Explorer. ويتعين القيام بذلك للسماح بالمحتوى المحظور "Allow blocked content" لتحميل النسق بشكل صحيح. وبخلاف ذلك، لن تُعرض تسلسلات بالنسق الموحد وستكون أقل قابلية للقراءة.

يرجى ملاحظة أنه للتحقق من الكشف التسلسلي، ينبغي أن يمثل ملف ST.26 للمتطلبات الآتية:

- يجب أن يكون ترميز الملفات هو UTF-8، ويجب أن تحتوي الملفات على أحرف صالحة وفقاً لمواصفات XML 1.0
- يجب أن تحتوي على سطر DOCTYPE على النحو التالي:

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

- ينبغي أن تكون خاصية dtdVersion متوافقة مع إصدار DTD.

- يجب أن يتوافق الملف مع ملف تعريف نوع المستند (DTD) ST26SequenceListing\_V1\_3.dtd<sup>4</sup>.

<sup>4</sup> هذا هو الإصدار الحالي لملف تعريف نوع المستند وقت نشر هذه الوثيقة.

## حذف المشروع

لحذف المشروع، يجب على المستخدم أن يبدأ من إطار صفحة المشروعات (الصفحة الرئيسية)، المُوضَّح في الشكل 38.

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	
<a href="#">cdis_feature</a>	15123-W0-PCT[2]	Novozymes A/S	Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same	modified	2021-09-07	

الشكل 38: حذف المشروع، إطار الصفحة الرئيسية للمشروعات

انقر على الزر الذي يحتوي على أيقونة سلة المهملات في الصف الذي يرغب المستخدم في حذفه من جدول إطار صفحة المشروعات.

Project name :	Applicant file reference :	Applicant name :	Invention title :	Status :	Creation Date :	
st26t-2624	es123			new	2022-01-12	
<a href="#">cdis_feature</a>	15123-W0-PCT[2]			modified	2021-09-07	
<a href="#">160K_500_SEQ</a>	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	

الشكل 39: حذف المشروع، حوار التأكيد

في النافذة المنبثقة المبينة في الشكل 39، انقر على "Delete" لتأكيد رغبتك في حذف المشروع المُحدَّد.

## الأشخاص والمؤسسات

يتناول هذا القسم بالتفصيل الوظائف الواردة في إطار "الأشخاص والمؤسسات".

## إنشاء اسم شخص أو مؤسسة

لإضافة شخص جديد أو مؤسسة جديدة، يجب أن يبدأ المستخدم من إطار الأشخاص والمؤسسات.

الشكل 40: إضافة شخص جديد أو مؤسسة، الخطوة 1

أولاً، يجب أن ينقر المستخدم على رابط "CREATE NEW PERSON OR ORGANIZATION" الموجود في أعلى الإطار، كما هو موضح في الشكل 40.

الشكل 41: إضافة شخص جديد أو مؤسسة جديدة، الخطوة 2

في الإطار الجديد، يجب على المستخدم ملء الحقول الإلزامية على الأقل (المشار إليها بعلامة "\*" ) الخاصة بتفاصيل الشخص الجديد أو المؤسسة الجديدة. وبالنسبة إلى مودع الطلب/المخترع فإن ذلك يعني الاسم (في حال تقديمه بالحروف اللاتينية) واللغة فقط.

وإذا لم يكن اسم الشخص أو المؤسسة مكتوباً بأحرف لاتينية، فينبغي تقديم النسخة اللاتينية للاسم في حقل "Name Latin". وإذا لم تُقدّم هذه المعلومات، فلن يجتاز المشروع عملية التحقق بنجاح عند إنشاء أو تثبيت كشف تسلسلي بنسق ST.26.

### الكائنات المُخصَّصة

لإنشاء الكائنات المخصصة أو تحريرها أو استيرادها أو تصديرها أو حذفها، يجب أن يبدأ المستخدم من إطار الكائنات (Organisms). ويرد في الشكل 42 أدناه تفاصيل عن طريقة إنشاء اسم كائن مخصص أو تصديره أو استيراده.

إنشاء كائن مخصص

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

الشكل 42: إنشاء كائن جديد، الخطوة 1

لإنشاء كائن مخصص جديد، انقر على رابط "CREATE NEW ORGANISM" الموجود في أعلى الإطار، الموضح في الشكل 42. وفي الشاشة التالية (الشكل 38)، أدخل اسم الكائن الجديد وانقر على "Save". وإذا كان من اللازم توفير وصف للكائن المخصص، فإنه من الممكن إضافة ذلك بشكل اختياري على النحو الموضح في الشكل 43.

WIPO | Sequence CREATE NEW ORGANISM HELP PREFERENCES ENGLISH Close

Name\* Description

Cancel Save

الشكل 43: إنشاء كائن جديد، الخطوة 2

### تصدير الكائنات الحية المخصصة

يمكن تصدير جميع الكائنات المخصصة المحفوظة في الأداة إضافة إلى وصفها، وحفظها في ملف نصي لتعديلها خارج الأداة أو لاستيرادها في وقت لاحق. ولتصدير هذه القائمة، ابدأ بالنقر على زر "EXPORT CUSTOM ORGANISMS"، كما هو موضح في الشكل 44.

WIPO | Sequence PROJECTS PERSONS & ORGANIZATIONS ORGANISMS HELP PREFERENCES ENGLISH

**EXPORT CUSTOM ORGANISMS** IMPORT CUSTOM ORGANISMS CREATE NEW ORGANISM

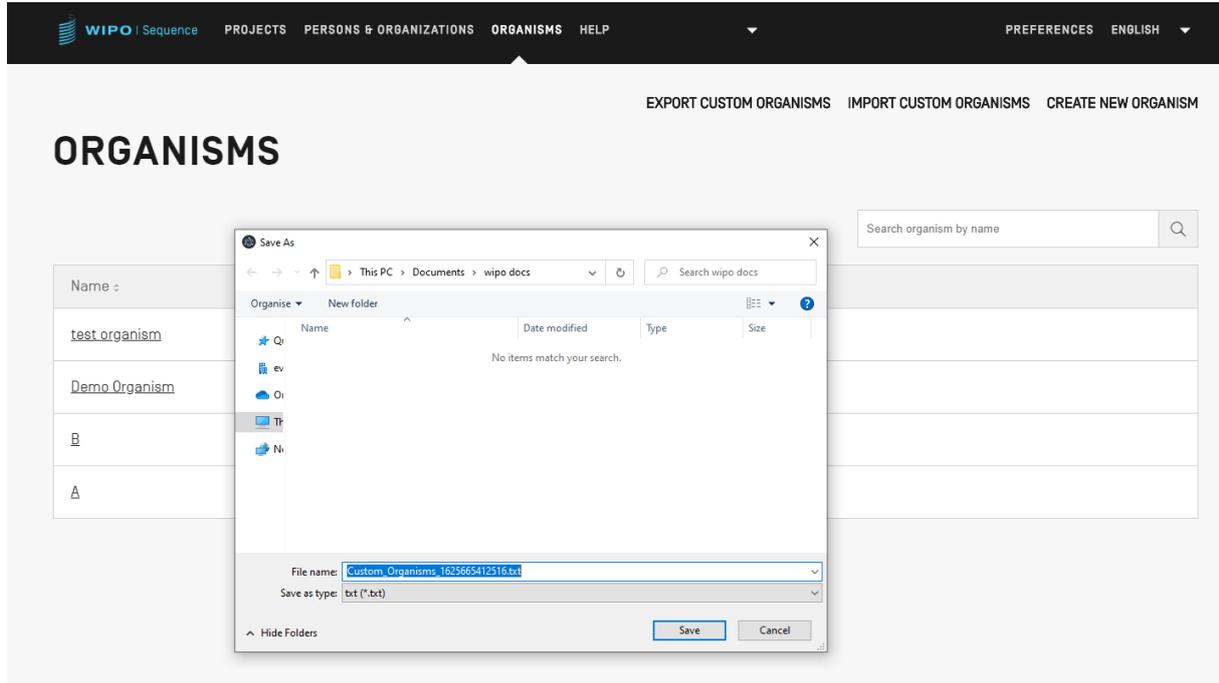
## ORGANISMS

Search organism by name

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

الشكل 44: تصدير الكائنات المخصصة، الخطوة 1

وبعد ذلك، سَتُفتح نافذة حوار تسمح للمستخدم باختيار اسم الملف والموقع المطلوب حفظ الملف فيه، انظر الشكل 45.



الشكل 45: تصدير الكائنات المخصصة، حوار

ويكون النص المصدر بنسق txt ويتضمن كلاً من اسم ووصف الكائن ويمكن تحريره واستيراده إلى الأداة (انظر الشكل 46).

#### Custom\_Organisms\_1625665412516.txt - Notepad

File Edit Format View Help

A: aaa

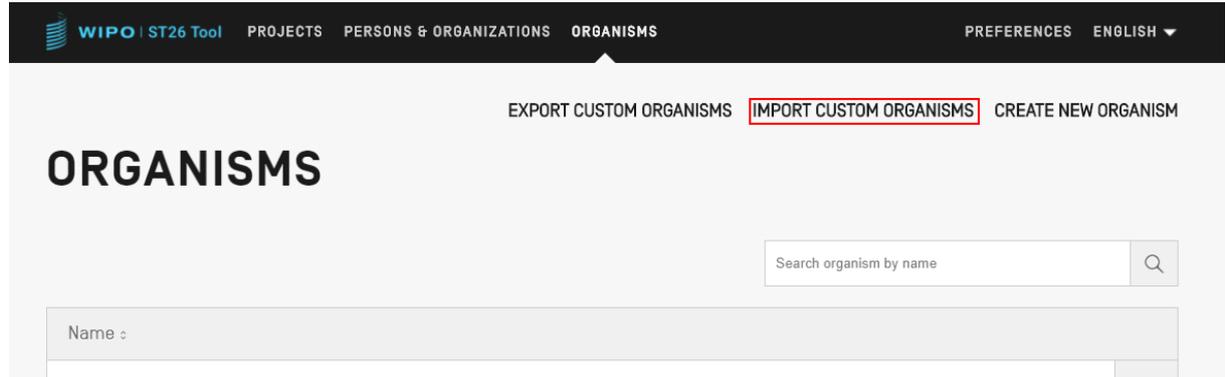
B: bbb

Demo Organism: Description Demo example

test organism: Description example

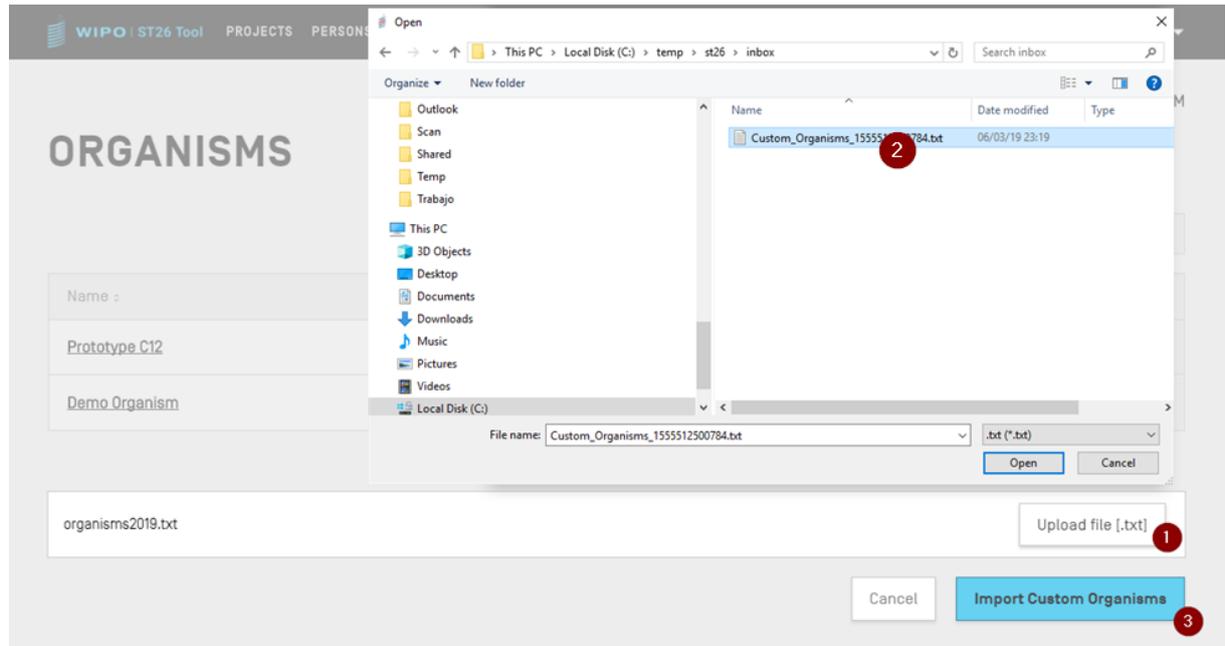
الشكل 46: مثال على الملف النصي لكائن مخصص

## استيراد الكائنات الحية المخصصة



الشكل 47: استيراد الكائنات المخصصة، الخطوة 1

أولاً، من أجل استيراد قائمة كائنات مخصصة، يجب على المستخدم أن ينقر على رابط "IMPORT CUSTOM ORGANISMS" الموجود في أعلى الإطار، كما هو موضح في الشكل 47. سيؤدي ذلك إلى فتح طبقة منبثقة أسفل جدول الكائنات، كما يظهر في الشكل 43.



الشكل 48: استيراد الكائنات المخصصة، حوار

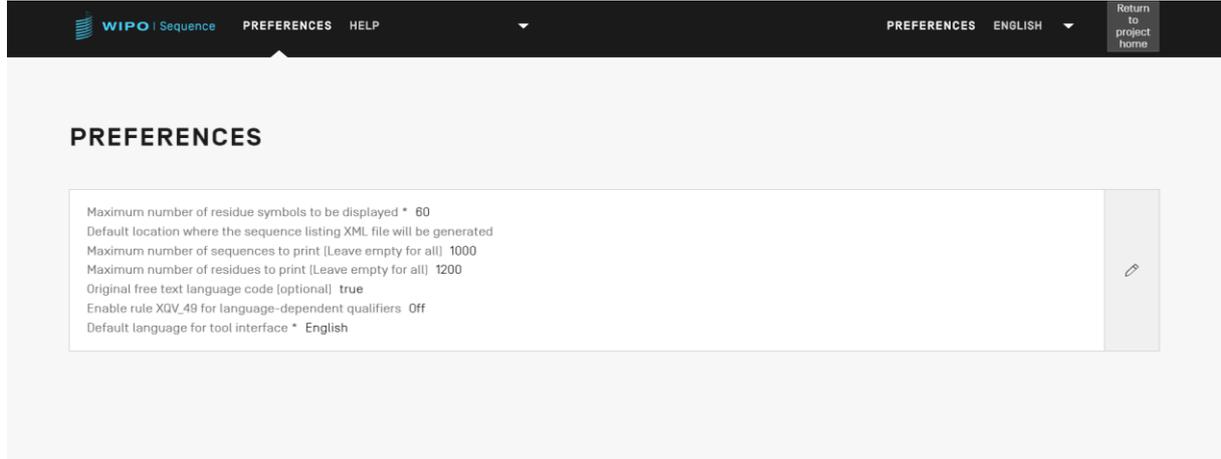
- (1) انقر على زر "Upload file [.txt]" المبين في الشكل 48
- (2) حدّد الملف الذي يحتوي على أسماء الكائنات المخصصة من داخل نافذة الحوار (2)
- (3) وأخيراً، انقر على الزر الأزرق "Import Custom Organisms" (3)

**ملاحظة:**

ينبغي أن يكون الملف المستورد ملفاً نصياً (\*.txt) يحتوي على قائمة بأسماء الكائنات المخصصة مكتوبة بنص عادي (UTF-8)، وكل عنصر في سطر جديد.

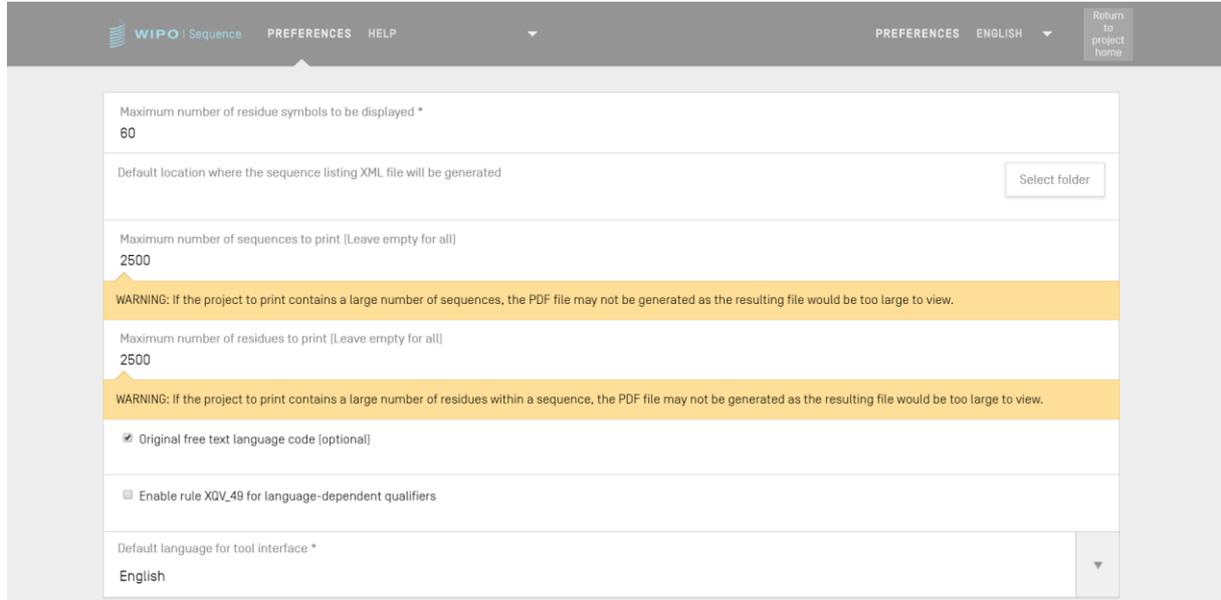
**تفضيلات النظام**

يسمح إطار تفضيلات النظام بتغيير العديد من إعدادات أداة الويبو للتسلسل. وستُطبَّق هذه الإعدادات على كل مشروع يُنشأ أو يُحرَّر بالأداة (انظر الشكل 44).



الشكل 49: ملخص تفضيلات النظام

لتعديل تفضيلات النظام، ينبغي أن ينقر المستخدم على أيقونة القلم الظاهرة في الشكل الوارد أعلاه لفتح نموذج التحرير المُوضَّح في الشكل 49.



الشكل 50: ضبط تفضيلات النظام

وفيما يلي الإعدادات التي يمكن ضبطها من هذا الإطار (بالترتيب):

- العدد الأقصى لرموز البقايا المعروضة. ويُحدّد ذلك عدد البقايا التي ستُعرض في كل صف عند عرض تسلسل ما: الوضع الافتراضي لذلك العدد هو 60.
- الموقع الافتراضي الذي سيُنشأ فيه ملف الكشف التسلسلي (.xml) بنسق ST.26. وليس هناك حاجة تدعو إلى توفير هذا الموقع.
- العدد الأقصى للتسلسلات التي يتعين طباعتها (يُترك فارغاً في حالة الرغبة في طباعة جميع تسلسلات): العدد الافتراضي هو 1000.
- العدد الأقصى للبقايا التي يتعين طباعتها (يُترك فارغاً في حالة الرغبة في طباعة جميع البقايا): العدد الافتراضي هو 1200.
- رمز لغة النص الحر الأصلي (Original Free Text language code default): إذا تم وضع علامة على خانة الاختيار هذه، سيجري حينها إصدار تحذير خلال عملية التثبيت بأن الرمز الأصلي للغة النص الحر غير موجود.
- تمكين XQV\_49: إذا تم وضع علامة على خانة الاختيار هذه، سيجري حينها إصدار تحذير في حال عدم وجد قيمة إنكليزية لمعرف النص الحر المعتمد على اللغة الذي تم تقديمه.
- لغة الواجهة الافتراضية: هذه هي اللغة التي ستظهر فيها الواجهة عند تشغيل أداة الويبو للتسلسل. وهي الإنكليزية بشكل افتراضي.

**ملاحظة:**

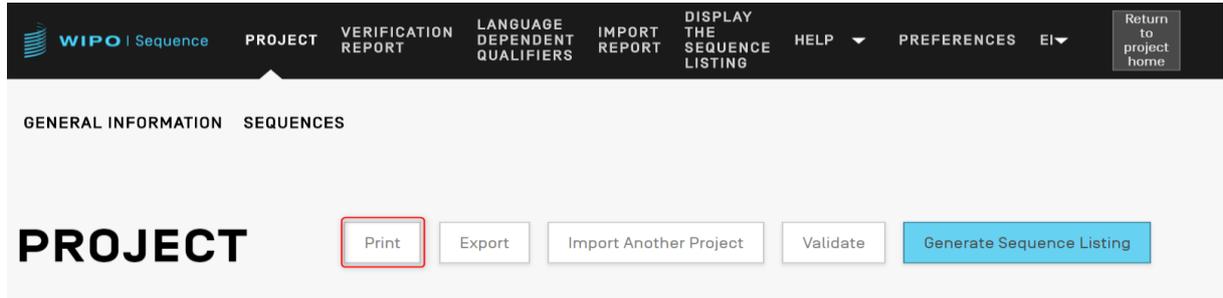
العنصران الثالث والرابع مهمان عند طباعة المشروع كملف PDF. وينبغي للمستخدمين العلم بأنه في حالة الكشوف التسلسلية الكبيرة جداً، قد يحتوي ملف PDF الناتج على عدة آلاف من الصفحات، فيتعذر عرضه.

## تفاصيل المشروع

يتناول هذا القسم بالتفصيل الوظائف المتاحة في "إطار تفاصيل المشروع".

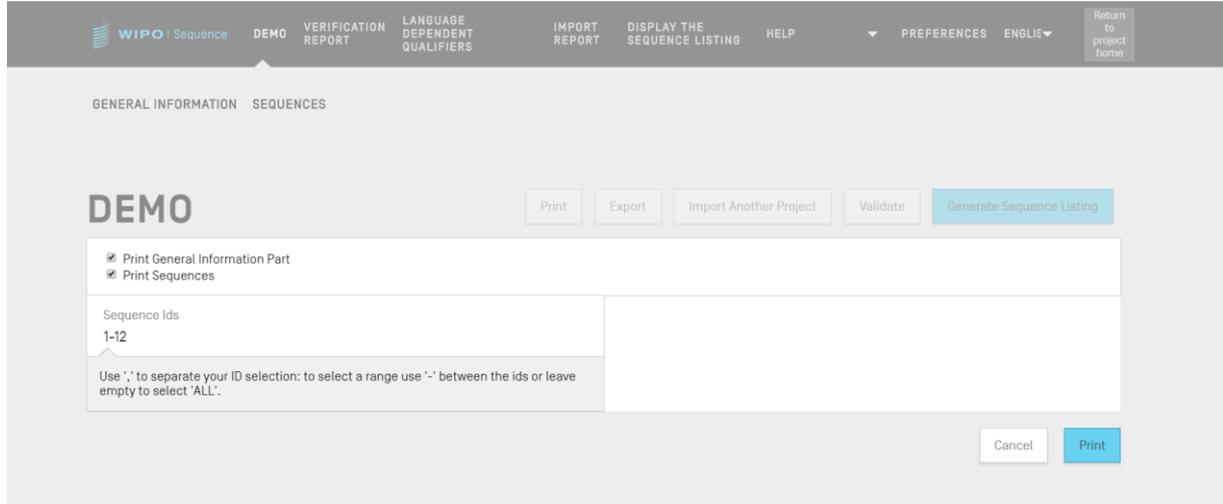
### طباعة المشروع

لطباعة المشروع، يجب على المستخدم دخول إطار التفاصيل الخاص بالمشروع المطلوب طباعته، ثم النقر على زر "Print" الموجود في أعلى الإطار، انظر الشكل 51.



الشكل 51: طباعة المشروع، الخطوة 1

وبعد ذلك، ستظهر للمستخدم خانة اختيار لتوضيح المعلومات التي يريد المستخدم طباعتها من المشروع: المعلومات العامة أو معلومات تسلسلات أو كليهما معاً (انظر الشكل 52).



الشكل 52: طباعة المشروع، الخطوة 2

في حالة النقر على "Print Sequences"، ستُتاح للمستخدم حرية تحديد ما سيُطبع من تسلسلات عن طريق تحديد نطاق أرقام تعريف تسلسلات داخل حقل "Sequence IDs"، أو طباعة جميع تسلسلات إذا تُرك هذا الحقل فارغاً.

بشكل افتراضي، سيُعرض العدد الإجمالي لتسلسلات المشروع على أنه ترتيب رتلي.

وفور النقر على الزر الأزرق "Print"، إذا أنشئ ملف PDF بشكل صحيح، ستفتح الأداة الملف في قارئ PDF ليراجعه المستخدم.

للاطلاع على إرشادات بشأن كيفية تنزيل ملف PDF، انظر الشكل 9.

### تصدير المشروع

يمكن تصدير المشروع إلى ملف بنسق zip. لكي يتسنى للمستخدم الاحتفاظ بنسخة احتياطية من بيانات المشروع أو لاستيراد المشروع باستخدام حاسوب مكتبي آخر تكون أداة الويبو للتسلسل مُثبَّتة عليه، باتباع الخطوات المبينة في الشكل 53.

The screenshot shows the 'PROJECT ...' page in the WIPO Sequence application. The 'Export' button is highlighted with a red box and a red circle with the number 1. A 'Save As' dialog box is open, showing the file name 'project demo\_1641987266595' and the save type 'ZIP'. The dialog box has a red circle with the number 2 next to the file name field.

الشكل 53: تصدير المشروع، حوار

(1) انقر على زر "Export" الموجود في أعلى إطار تفاصيل المشروع.

(2) وفي نافذة الحوار التي تظهر، حدد اسم الملف والموقع المطلوب حفظ المشروع فيه.

وفي حالة تصدير المشروع بنجاح، سيظهر أعلى الشاشة شريط أزرق يحتوي على اسم المشروع والموقع الذي حُفظ فيه، كما هو مُوضَّح في الشكل 54.

The screenshot shows the 'PROJECT ...' page in the WIPO Sequence application. A success message is displayed: "SUCCESS: The project has been exported successfully at 'C:\Users\... Documents\sequences JDD\project demo\_1641987266595.zip'". Below the message, the 'Export' button is highlighted with a red box. The 'Project Name' is 'project demo' and the 'Creation date' is '2022-01-12'.

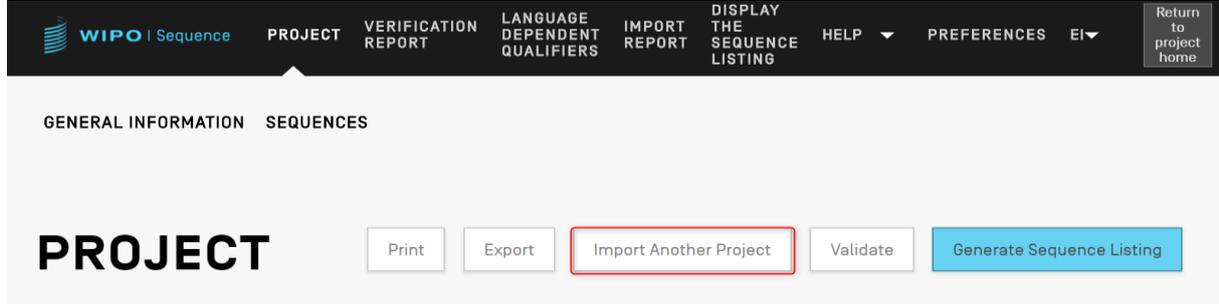
الشكل 54: تصدير مشروع بنجاح

### استيراد معلومات من مشروع آخر

يمكن للمستخدم أن ينسخ معلومات من المشروعات الأخرى المحفوظة في الأداة إلى المشروع المفتوح حالياً. ويمكن أن تكون هذه المعلومات المستوردة إما لقسم "المعلومات العامة" أو قسم "تسلسلات" أو كليهما معاً.

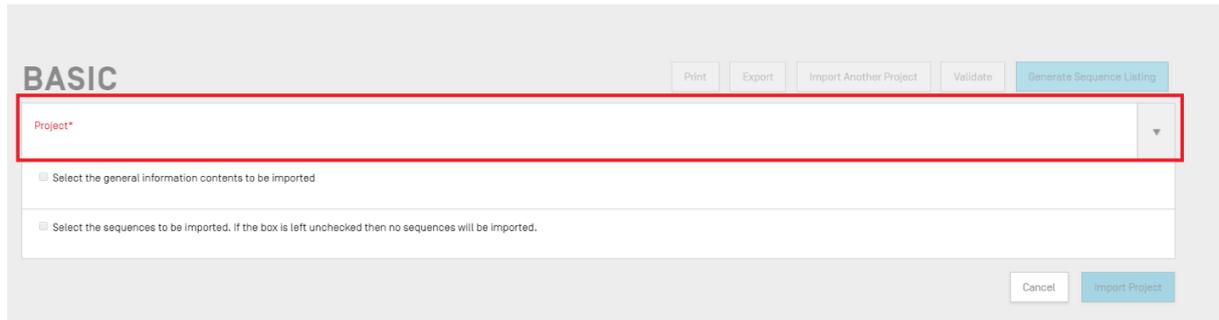
**ملاحظة:** المعلومات العامة المستوردة ستحل محل المعلومات العامة الموجودة حالياً في المشروع، ولكن تسلسلات المستوردة ستُلتحق بقائمة تسلسلات الحالية داخل المشروع

وللبداء، يجب على المستخدم أن ينقر على زر "Import Another Project" الموجود في الجزء العلوي من إطار تفاصيل المشروع، انظر الشكل 55.



الشكل 55: استيراد مشروع آخر، الخطوة 1

وستفتح الأداة طبقةً منبثقةً، كما هو موضح في الشكل 56. ويجب أن يحدد المستخدم أولاً المشروع الذي يرغب في استيراد المعلومات منه.



الشكل 56: استيراد مشروع آخر، الخطوة 2

وبعد ذلك، كما هو موضح في الشكل 57، يمكن للمستخدم أن يُحدّد هل يرغب في إدراج أجزاء من التفاصيل الواردة في قسم المعلومات العامة (1) من المشروع أم لا، وكذلك إذا كان يرغب في استيراد تسلسلات (2) عن طريق تقديم نطاق أرقام تعريف تسلسلات (3) لتحديد تسلسلات المطلوب استيرادها إلى المشروع.

وبشكل افتراضي، سيعرض العدد الإجمالي لتسلسلات المشروع بترتيب رتلي.

الشكل 57: استيراد مشروع آخر، الخطوة 3

في حالة وضع علامة في خانة الاختيار الخاصة بالمعلومات العامة، سيظهر جدول يعرض قسم المعلومات العامة لكلا المشروعين: المشروع المُحدّد حالياً (الأصل)، والمشروع المستهدف (الوجهة).

**ملاحظة:**  
إذا لم يختار المستخدم الخانة "Select the general information contents to be imported"، فلن يتم استيراد أي معلومات عامة من الكشوف التسلسلية إلى المشروع.

ويجب على المستخدم بعد ذلك أن يُحدّد عناصر المعلومات العامة التي ستحل محل ما يقابلها من المعلومات العامة للمشروع المستهدف، كما هو موضح في الشكل 58.

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

الشكل 58: استيراد مشروع آخر، الخطوة 4

وأخيراً، بعد أن يختار المستخدم عناصر المعلومات العامة وتسلسلات المطلوب استيرادها إلى المشروع، يجب عليه النقر على الزر الأزرق "Import Project" الظاهر في الجزء السفلي من الشكل 58.

**SUCCESS:** The project has been imported successfully.

الشكل 59: استيراد مشروع آخر بنجاح  
وعلى النحو الموضح في الشكل 59، سيظهر شريط أزرق في حالة استيراد العناصر بشكل صحيح.

### تثبيت المشروع

قبل تحويل الكشف التسلسلي إلى ملف XML متوافق مع المعيار ST.26، يمكن أن يخضع المشروع لفحص من أجل التحقق منه قبل التحويل. ودائماً ما تُنفَّذ هذه الخطوة قبل إنشاء الكشف التسلسلي، ولكن يمكن أيضاً تنفيذها بمفردها.

وللتحقق من المشروع، يجب على المستخدم أن ينقر على زر "Validate" الموجود في الجزء العلوي من إطار تفاصيل المشروع، الموضح في الشكل 60.

The screenshot shows the 'PROJECT DEMO' page in the WIPO Sequence application. The navigation bar includes 'WIPO | Sequence', 'PROJECT DEMO', 'VERIFICATION REPORT', 'LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS', 'IMPORT REPORT', 'DISPLAY THE SEQUENCE LISTING', 'HELP', 'PREFERENCES', and 'Return to project home'. Below the navigation bar, there are tabs for 'GENERAL INFORMATION' and 'SEQUENCES'. The main content area features a 'PROJECT ...' header with buttons for 'Print', 'Export', 'Import Another Project', 'Validate' (highlighted with a red box), and 'Generate Sequence Listing'. Below this, a table displays project details:

Project Name project demo	Creation date 2022-01-12
Status new	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 Off	

الشكل 60: التحقق من المشروع، الخطوة 1

فور انتهاء التحقق، سيظهر للمستخدم إطار تقرير التحقق "Verification Report" الذي سيعرض أخطاء/ تحذيرات قد تنشأ عن التحقق. ويعرض الشكل 61 الشاشة التي ستظهر في حالة التحقق الناجح.

The screenshot shows the 'VERIFICATION REPORT' page in the WIPO Sequence application. The navigation bar includes 'WIPO | Sequence', 'TESTSTRAIN', 'VERIFICATION REPORT', 'LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS', 'IMPORT REPORT', 'DISPLAY THE SEQUENCE LISTING', 'HELP', 'PREFERENCES', and 'Return to project home'. A blue success message banner reads: 'SUCCESS: The project has been successfully verified'. Below the banner, a light blue box contains the text: 'Report successfully generated on 2022-01-12' and 'This project does not contain any errors or warnings.'

الشكل 61: التحقق من المشروع بنجاح

وإذا أسفرت عملية التحقق عن أي أخطاء أو تحذيرات، فسيظهر تقرير التحقق الذي يتضمن جدولاً يوضح تفاصيل قواعد وإرشادات التحقق المكتشفة التي خالفها المشروع. ويرد في الشكل 62 مثال على تقرير التحقق. ويُحدّد كل صف من صفوف الجدول هل هذا خطأ يجب تصحيحه أم تحذير يمكن تجاهله المستخدم.

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

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

Report generated on 2022-01-12 Delete selected sequences Print Report

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

الشكل 62: التحقق من المشروع، أخطاء/تحذيرات

### إنشاء كشف تسلسلي

الإجراء الأخير، وربما الأهم، الذي يمكن تنفيذه على المشروع هو إنشاء كشف تسلسلي. ولإنشاء الكشف التسلسلي، يجب على المستخدم أن ينقر على الزر الأزرق "Generate Sequence Listing" الموجود في أعلى إطار تفاصيل المشروع، وهو الزر المُحاط بمستطيل أحمر في الشكل 63. وسيؤدي ذلك تلقائياً إلى بدء عملية التحقق من المشروع أولاً.

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

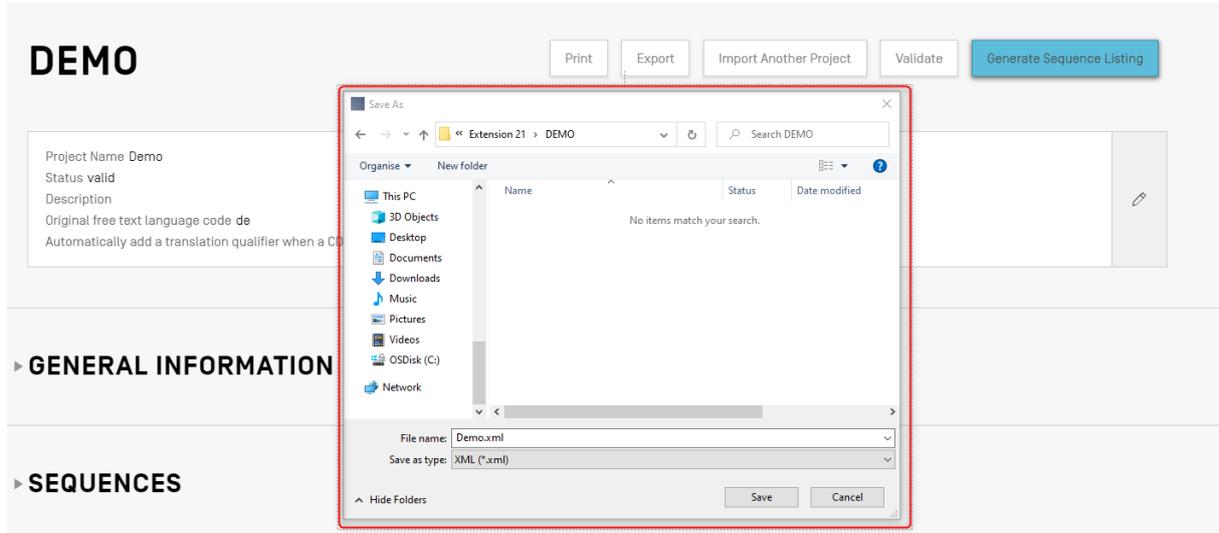
GENERAL INFORMATION SEQUENCES

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

Project Name project demo	Creation date 2022-01-12	
Status invalid	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 Off		

الشكل 63: إنشاء كشف تسلسلي

وإذا اجتاز المشروع عملية التحقق، فستظهر للمستخدم نافذة حوار ليُحدّد مكان حفظ الكشف التسلسلي المنشأ المتوافق مع المعيار ST.26 (بنسق .xml)، كما هو موضح في الشكل 64.



الشكل 64: إنشاء كشف تسلسلي، نافذة حوار

ملاحظة:  
هناك مشكلة معروفة عند استخدام نظام Linux تتمثل في أن هناك علامة إضافية، هي "، تظهر عند اقتراح اسم الملف الافتراضي. ولحل هذه المشكلة، يُجرى حذف هذه العلامة الإضافية بشكل يدوي قبل الحفظ.

وإذا أخفق المشروع في عملية التحقق، فسيظهر إطار تقرير التحقق إلى جانب شريط أحمر على النحو الموضح في الشكل 65.

**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

الشكل 65: إنشاء كشف تسلسلي، أخطاء/تحذيرات

### معلومات عامة

يسمح هذا القسم للمستخدم بإدخال المعلومات المتعلقة بطلب البراءة نفسه، التي تُستخدم في ربط الكشف التسلسلي المُنشأ بهذا الطلب.

## تحديد الطلب

يرتبط القسم الفرعي "Application Identification" الموجود في قسم المعلومات العامة بحالة طلب البراءة ومعلومات المشروع المُحدّد، انظر الشكل 66.

**GENERAL INFORMATION**

**APPLICATION IDENTIFICATION**

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

الشكل 66: تحرير معرف الطلب

لتحرير المعلومات داخل القسم الفرعي "Application Identification"، انقر على أيقونة القلم المُشار إليها أعلاه، الموجودة عن يمين القسم الفرعي. وبعد ذلك، يجب على المستخدم تقديم المعلومات بناءً على الخطوات الآتية الموضحة في الشكل 67:

- 1) إذا كان للطلب رقم مخصص له بالفعل، فيجب على المستخدم تحديد رمز مكتب الملكية الفكرية (IP Office) الذي أُودع فيه الطلب. وهو رمز معيار الويبو ST.3.
- 2) ويجب على المستخدم أن يُحدّد هل أُخطِر بالفعل برقم الطلب أم لا، أو قُدّم فحسب داخل ملف الطلب، وذلك عن طريق اختيار الزر التبادلي المناسب.
- 3) وفي حالة عدم وجود رقم الطلب، يجب على المستخدم أن يُقدّم في هذا الحقل الرقم المرجعي لملف مودع الطلب.
- 4) وإذا كان هناك رقم مُخصّص للطلب بالفعل، فينبغي للمستخدم إدخال رقم الطلب المُقدّم للبراءة.
- 5) حدّد تاريخ إيداع الطلب باستخدام أداة اختيار التاريخ، إذا كان قد جرى تحديد تاريخ له.
- 6) انقر على الزر الأزرق "Save"

**GENERAL INFORMATION**

**APPLICATION IDENTIFICATION**

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

Cancel Save

الشكل 67: نموذج تحرير معرف الطلب

## ملاحظة:

بغض النظر عن المعلومات التي تم إدخالها، سيظهر دائماً تحذير في تقرير التحقّق مفاده أن رقم التحديد غير موجود وأنه لا بد من الرقم إذا كان معيّناً "The application identification number is absent. The application number is mandatory if the application number has been assigned".

## تحديد طلبات الأولوية

لإضافة طلب يحظى بالأولوية إلى المشروع، يجب على المستخدم أن ينقر على زر "Add Earliest Priority Identification" في قسم المعلومات العامة بإطار تفاصيل المشروع، الموضح في الشكل 68.

**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**

الشكل 68: تحرير/إضافة طلب الأولوية، الخطوة 1

لجعل طلب الأولوية المُحدّد حالياً هو الطلب الأقدم، يجب على المستخدم اختيار "Yes" من القائمة المنسدلة "Selected Earliest Priority Application". وسيؤدي ذلك إلى جعل طلب الأولوية المُحدّد هو الطلب الأقدم عند إنشاء الكشف التسلسلي.

وللإنهاء، انقر على الزر الأزرق "Add Earliest Priority Application" في الطبقة المنبثقة، الموضح في الشكل 69.

**PRIORITY IDENTIFICATION**

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

الشكل 69: نموذج تحرير طلب الأولوية

## المودع والمخترع

لإضافة بيانات تتعلق بمودع طلب أو مخترع جديد إلى المشروع، يجب على المستخدم النقر على زر "Add Inventor" أو "Add Applicant" داخل قسم المعلومات العامة في الإطار الخاص بتفاصيل المشروع. والخطوات اللازمة لتنفيذ كلا الإجراءين متطابقة، ولذلك سنكتفي بتقديم تعليمات عامة، ولكن يجب تكرار هذه العملية مرتين إذا أريد إدراج كلٍّ من مودع الطلب والمخترع في المشروع، حتى لو كان مودع الطلب هو أيضاً المخترع.

وستظهر طبقة منبثقة تحتوي على زري اختيار تبادليين، كما هو موضح في الشكل 70. وفي حالة اختيار "Existing applicant/inventor"، يمكن للمستخدم أن يختار من القائمة المنسدلة التي تتضمن الأشخاص المحفوظين والمؤسسات المحفوظة حالياً داخل المثل المحلي لأداة الحاسوب المكتبي. ويعرض الشكل 70 قائمة بها ثلاثة من مودعي الطلبات الحاليين، منهم "John Smith".

PRIORITY IDENTIFICATION

Add Priority Application

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

Cancel Add Priority Application

الشكل 70: إضافة مودع طلب/مخترع موجود

في حالة اختيار "New applicant/inventor"، يجب على المستخدم أن يملأ نموذج التحرير كما لو كان يضيف شخصاً جديداً أو مؤسسة جديدة (انظر الشكل 71).

ملاحظة: لا يُطلب سوى مودع طلب واحد فقط حتى يُعتبر الكشف التسلسلي صالحاً. وعلى هذا النحو، يجب تحديد مودع طلب و/أو مخترع واحد على أنه أساسي. وهذا هو مودع الطلب/المخترع الذي سيظهر في الكشف التسلسلي التي تم إنشاؤه.

وفي النهاية، فور الانتهاء من إدخال التفاصيل، ينقر المستخدم على زر "Add Applicant/Inventor" الموضح في الشكل 71. ونظراً إلى أن الخانات الإلزامية الواردة في الشكل أدناه غير مملوءة، لن يتمكن المستخدم من إضافة مودع الطلب، وسيطعن اللون الفضي على الزر الأزرق "Add Applicant".

Select the option\*

Existing applicant

New applicant

Name*	Residence Address
Language*	Correspondence Address
Name Latin	Mark as primary <input type="checkbox"/>

Cancel Add Applicant

الشكل 71: إضافة مودع طلب/مخترع جديد

## عنوان الاختراع

"عنوان الاختراع" هو آخر قسم فرعي داخل قسم المعلومات العامة.

7 وإضافة عنوان اختراع جديد، انقر على زر "Add Invention title"، كما هو موضح في الشكل 72.

INVENTION TITLE

Add Invention title

Invention title\*

Language\*

Cancel Add Invention title

الشكل 72: نموذج تحرير عنوان الاختراع

(8) في هذه الطبقة المُنبثقة، يجب على المستخدم إدخال عنوان الاختراع، والإشارة أيضاً إلى اللغة التي كُتبت بها العنوان.

(9) انقر على الزر الأزرق "Add Invention title".

**ملاحظة:** يقتضي معيار الويبو ST.26 أن يُكتب عنوان الاختراع في أي كشف تسلسلي بلغة الإبداع. ولكن يمكن أيضاً، على سبيل الجواز لا الإلزام، أن يتضمن المشروع أكثر من عنوان واحد للاختراع، بلغات أخرى، شريطة وجود عنوان اختراع واحد لكل لغة. ويمكن إضافة كل عنوان جديد للاختراع باتباع الخطوات المذكورة أعلاه.

## تسلسلات

قسم "Sequences" في الإطار الخاص بتفاصيل المشروع هو المكان الذي يقدم فيه المستخدم المعلومات التقنية المتعلقة بتسلسلات نفسها.

ولإنشاء تسلسل ما أو استيراده أو إدراجه أو إعادة ترتيبه، يجب على المستخدم أن ينزل إلى قسم "Sequences" الموجود في أسفل الإطار الخاص بتفاصيل المشروع. وتقدم الأقسام الفرعية المذكورة أدناه مزيداً من التفاصيل عن الخطوات المطلوبة لتنفيذ هذه الإجراءات.

## إنشاء تسلسل

(1) انقر على زر "Create new sequence"، على النحو الموضح في الشكل 73.

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

الشكل 73: إنشاء تسلسل جديد، الخطوة 1

وترد بقية الخطوات في الشكل 74:

(2) يمكن للمستخدم، على سبيل الاختيار لا الإلزام، أن يضع اسماً للتسلسل من خلال كتابة الاسم في حقل "Sequence name"، وذلك ليسهل تمييز هذا التسلسل عن غيره. وإذا تُرك هذا الحقل فارغاً، فستضع أداة الحاسوب المكتبي لكل تسلسل جديد اسماً افتراضياً يبدأ بكلمة "Seq" ثم رقم يتزايد بانتظام ('Seq\_1', 'Seq\_2', 'Seq\_3') (1).

ويجب على المستخدم أن يختار أحد أنواع الجزيئات الثلاثة المسموح بها في المعيار ST.26 والواردة في القائمة المنسدلة ("DNA" و"RNA" و"AA") (2). ويجب إدخال التسلسل نفسه في الحقل النصي "Residues" (3). ملاحظة: إذا كان المستخدم يرغب في إنشاء تسلسل بأجزاء من كلٍّ من DNA وRNA، فيجب اختيار DNA بوصفه نوع الجزيء الرئيسي.

ويجب أيضاً أن يحدد المستخدم اسم الكائن الخاص بالتسلسل الذي يجري إنشاؤه، لأن هذا حقل إلزامي. ويمكن اختيار اسم الكائن إما من قائمة كائنات مُحدّدة مسبقاً في قاعدة بيانات أداة الحاسوب المكتبي، وإما من الكائنات المُخصّصة التي قام المستخدم بإنشائها وحفظها محلياً. وعندما يبدأ المستخدم بكل بساطة بكتابة اسم الكائن، ستظهر قائمة منسدلة تتضمن خيارات من كلا المصدرين (4).

ويمكن للمستخدم أيضاً تصنيف الكائن عن طريق اختيار Qualifier Molecule Type<sup>6</sup> من القائمة المنسدلة (5) التي تُقدّم قيمة تختلف حسب نوع الجزيء المُحدّد مسبقاً.

وفي حالة وضع علامة في خانة "Mark as an intentionally sequence" (6)، فإن نموذج التسلسل سيحذف جميع القيود المفروضة على تقديم قيم للعناصر الإلزامية، وسيجري تجاهل التسلسل المحفوظ الناتج عند التحقق من المشروع وإنشاء كشف تسلسلي (ستكون قيمة البقايا "000").

وفي حالة وضع علامة في خانة "The sequence contains both DNA & RNA" (6)، فسوف يتسع النموذج ليشمل حقولاً تسمح للمستخدم بوصف كل جزء من أجزاء DNA وRNA بسمة ما "misc\_feature". وسوف يُحفظ موقع كل جزء من الأجزاء المُحدّدة في سمة مختلفة من سمات "misc\_feature" (7) الخاصة بالتسلسل، إلى جانب "ملاحظة" مُعرّفة داخل كل "misc\_feature" مع نوع الجزيء متبوعاً بقيمة الحقل النصي "Further Text" في كل "misc\_feature". ويمكن للمستخدم إنشاء أكبر عدد تقتضيه الضرورة من هذه الميزات بالنقر على زر "Add new 'misc\_feature' feature"، ويجب القيام بذلك لجميع الأجزاء في التسلسل بأكمله؛ لأجزاء DNA وRNA كليهما.

The screenshot shows a web form for submitting a sequence. It includes fields for 'Sequence Name', 'Molecule Type\*' (set to DNA), 'Residues\*' (a long string of nucleotide bases), 'Organism name\*' (Saaristoa firma), and 'Qualifier Molecule Type' (genomic DNA). There are checkboxes for 'Mark as an intentionally skipped sequence' and 'The sequence contains both DNA & RNA fragments'. A message states: 'A feature with the key 'misc\_feature' is recommended for each of the DNA and RNA fragments'. Below this is a table with columns for 'Molecule Type' (set to RNA), 'Location' (7.13), and 'Further Text'. At the bottom are buttons for 'Cancel', 'Add new 'misc\_feature' feature', 'Create sequence', and 'Create & Display Sequence'.

الشكل 74: نموذج التحرير لإنشاء تسلسل جديد

<sup>5</sup> انظر معيار الويبو ST.26 – المرفق الأول، القسمان 1 و3 للاطلاع على جداول رموز النوكليوتيد ورموز الأحماض الأمينية الصالحة  
<sup>6</sup> انظر معيار الويبو ST.26 – المرفق الأول، القسمان 6 و8 للاطلاع على قيم المُعرّفات من أجل تحديد نوع الجزء في إطار جدول النوكليوتيدات والأحماض الأمينية على التوالي

(3) وفي النهاية، يمكن للمستخدم أن ينقر على الزر الرمادي "Create sequence" أو الزر الأزرق "Create & Display Sequence".

وإذا نقر المستخدم على الزر الأزرق "Create & Display sequence"، فستظهر شاشة تسلسلات قابلة للطي بعد إنشاء التسلسل، وذلك أسفل قسم تسلسلات داخل إطار تفاصيل المشروع، لكي يراجع المستخدم القيمة. ويرد مثال جديد على التسلسلات المنشأة في الشكل 75.

ويوجد التسلسل المنشأ حديثاً في الموضع الأخير من قائمة تسلسلات، ويحمل الرقم التالي المتاح من أرقام تعريف تسلسلات. ويرد في الشكل 75 مثال جديد على التسلسلات المنشأة.

(للاطلاع على تفاصيل بشأن كيفية إعادة ترتيب قائمة تسلسلات، انظر الشكل 85 والشكل 86).

The screenshot shows the 'SEQUENCE 2' interface. It includes a metadata section with fields for Sequence Number (ID: 2), Sequence Name, Length (1792), Molecule Type (DNA), Organism (Saaristoa firma), and a note 'Contains DNA and RNA fragments'. Below this is a 'FEATURES' section with an 'Add feature' button and a table listing features like 'misc\_feature' and 'source'. The 'SEQUENCE' section displays a grid of nucleotide sequences with a vertical scrollbar on the right.

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

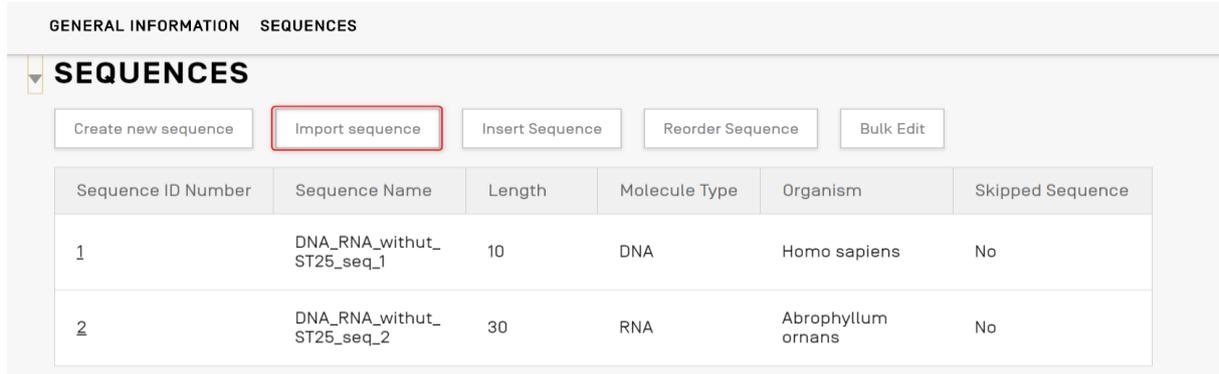
الشكل 75: تسلسل جديد محفوظ في مشروع

### استيراد تسلسل

يمكن أيضاً استيراد تسلسلات من ملفات إلى المشروع مباشرةً. وأنساق الملفات المقبولة<sup>7</sup> هي **raw**، و**multi-sequence**، و**FASTA**، و**ST.26**، و**ST.25**. وستكتشف أداة الويبو للتسلسل تلقائياً النسق المستخدم في الملف عند تحديد الملف.

(1) انقر على زر "Import sequence" الموضَّح في الشكل 76.

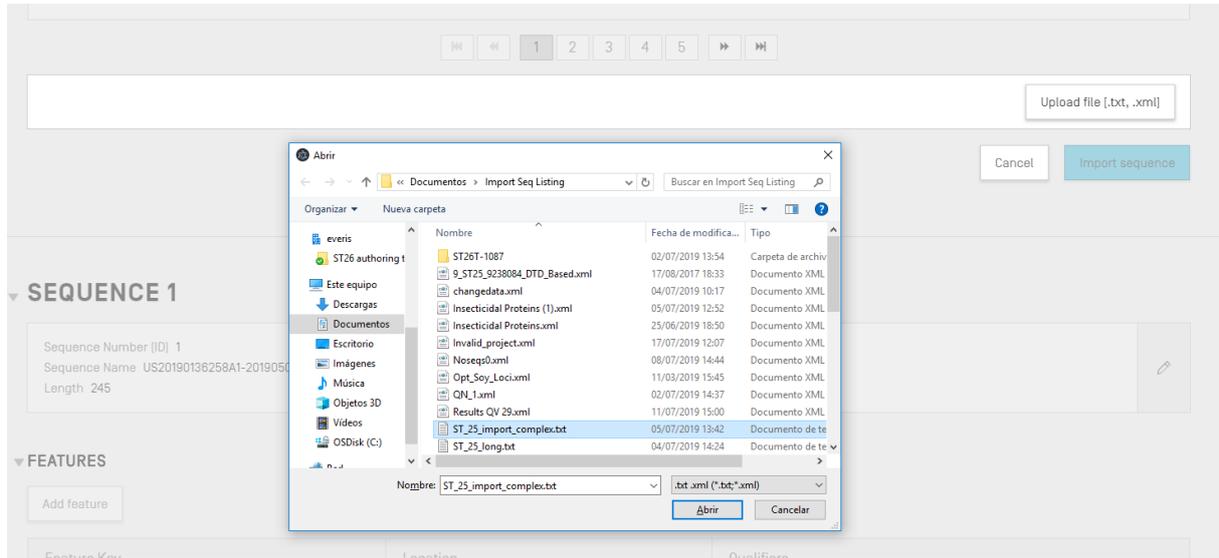
<sup>7</sup> انظر قسم أنساق الملفات في هذه الوثيقة (القسم 6)



الشكل 76: استيراد تسلسل، الخطوة 1

(2) انقر على زر "Upload file [.txt, .xml]"، المُوضَّح في الشكل 77.

وعند ظهور نافذة الحوار، حدد الملف الذي يحتوي على بيانات التسلسل المطلوب استيراده. وستكتشف أداة الحاسوب المكتبي النسق المُستخدم، وستُجري بعض عمليات التحقق عند الاستيراد.



الشكل 77: استيراد تسلسل، نافذة حوار

توجد خمسة أنساق ستقبلها الأداة عند استيراد تسلسلات، ألا وهي: raw، multi-sequence، FASTA، و ST.26، و ST.25. ويرد في القسم الأخير من هذه الوثيقة النسق الذي يجب تقديم هذه الملفات به.

وفي حالة اختيار ملف بنسق ST.25 أو ST.26 (انظر الشكل 78)، فسيُرى المستخدم أولاً خانة الاختيار "Select Range Sequences" (1). وسيؤدي وضع علامة في خانة الاختيار إلى فتح جدول (2) به أرقام تعريف تسلسلات الخاصة بكل تسلسل في الملف والترتيب الذي ستُلقق به هذه تسلسلات في قائمة تسلسلات الموجودة في المشروع.

وإذا كان المستخدم لا يرغب في استيراد جميع تسلسلات إلى المشروع، فيمكنه تحديد النطاق المطلوب لأرقام تعريف تسلسلات (3).

ويمكن إدخال تسلسل واحد أو قائمة تسلسلات مفصولة بفواصل أو نطاق تسلسلات في شكل x-y.

على سبيل المثال: "1, 3, 7, 20-13, 50-30".

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

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

الشكل 78: استيراد تسلسل، بنسق ST.25/ ST.26

في حالة استيراد ملف بنسق multi-sequence (انظر الشكل 79)، سيرى المستخدم خانة الاختيار "Select Range Sequences" (1)، وعند وضع علامة في تلك الخانة، سيظهر جدول معاينة به أرقام تعريف تسلسلات الموجودة في الملف بالإضافة إلى تفاصيل كل تسلسل في عمود "Detail" (2): ومنها اسم التسلسل ونوع الجزيء واسم الكائن.

ويجب أن يُحدّد المستخدم نطاق أرقام تعريف تسلسلات التي يرغب في استيرادها إلى قائمة تسلسلات داخل المشروع (3). وبشكل افتراضي، سيُعرض العدد الإجمالي لتسلسلات الكشوف التسلسلية المختارة بترتيب رتلي.

C:\Users\...Downloads\multisequence\_u\_t.txt Upload file [.txt, .xml, .FASTA]

1  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>

3 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

الشكل 79: استيراد تسلسل، بنسق multi-sequence

والنسقان الأخران المقبولان في عملية استيراد تسلسلات هما raw و FASTA (انظر القسم الخاص بأنساق الملفات). ولا يُعرّف هذان النسقان إلا تسلسلاً واحداً فقط لكل ملف. وعند تحديد ملف بنسق raw لاستيراده، ستعرض الأداة نموذج التحرير الموضّح في الشكل 80، وعند استيراد ملف بنسق FASTA يظهر نموذج التحرير الموضح في الشكل 81. وينبغي للمستخدم أن يواصل العملية عن طريق ملء الحقول الإلزامية.

الشكل 80: استيراد تسلسل بنسق RAW

الشكل 81: استيراد تسلسل بنسق FASTA

(3) وفي النهاية، يجب على المستخدم أن ينقر على الزر الأزرق "Import sequence".

وبعد الاستيراد، ستنتقل الأداة إلى إطار "تقرير الاستيراد" المبين في الشكل 127.

### إدخال التسلسل

لإدراج تسلسل ما في موضع مُحدّد بقائمة تسلسلات، يجب على المستخدم أن ينقر على زر "Insert Sequence" في أعلى قسم تسلسلات (وهو الزر الموضّح في الشكل 82).

**SEQUENCES**

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

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

الشكل 82: إدخال تسلسل، الخطوة 1

ستظهر طبقة مُنبثقة بها نموذج (انظر الشكل 83). ويجب على المستخدم إدخال جميع المعلومات المطلوبة لإنشاء التسلسل (انظر الشكل 73)، وإضافةً إلى ذلك، يجب أن يُدخَلَ، في الركن العلوي الأيسر من النموذج، الموضع الذي ينبغي أن يظهر فيه التسلسل في قائمة تسلسلات (المُوضَّح في الشكل 83).

Sequence Number (ID)\*  
3

Sequence Name  
inserted sequence

Molecule Type\*  
DNA

Residues\*  
gtaggaatgtaggaatgtaggaatctacatgtaggaatgtaggaatgtaggaatctacatgtaggaatgtaggaatctacatgtaggaatgtaggaatctacatgtaggaatgtaggaatctacatgttaggaatgtaggaatgtaggaatctacat

Organism name\*  
Wohlfahrtiopsis bishoppi

Qualifier Molecule Type  
genomic DNA

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

Cancel Insert sequence Insert & Display Sequence

الشكل 83: نموذج التحرير الخاص بإدخال التسلسل

وفي النهاية، يمكن للمستخدم أن ينقر على زر "Insert sequence" أو زر "Insert & Display Sequence"، وهما مُوضَّحان أيضاً في الشكل 83.

**SEQUENCES**

Create new sequence Import sequence Insert Sequence Reorder Sequence Bulk Edit

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism	Skipped Sequence
1	QV_31K_Test_File_seq_2	20	AA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
2	QV_31K_Test_File_seq_3	90	DNA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
3	inserted sequence	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

الشكل 84: إدخال التسلسل بوضع محدد

وإذا نقر المستخدم على الزر الأزرق "Insert & Display sequence"، فسوف يظهر جدول تسلسلات قابل للطي بعد إنشاء التسلسل، وذلك أسفل قائمة تسلسلات في إطار تفاصيل المشروع، على النحو المبين في الشكل 84.

### إعادة ترتيب التسلسل

يمكن للمستخدم أن يُعيد تحديد الترتيب الذي ينبغي أن تظهر به تسلسلات داخل قائمة تسلسلات الموجودة في المشروع، وذلك باتباع الخطوات الآتية. وتُعرض خطوات تغيير ترتيب تسلسلات من الشكل 85 (البداية) إلى الشكل 87 (النتيجة).

(1) انقر على زر "Reorder Sequence"، المُوضَّح في الشكل 85.

**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

الشكل 85: إعادة ترتيب التسلسل

(2) حدد ما تريد نقله من تسلسلات، وحدد الموضع الذي ستُنقل إليه حسب الترتيب الحالي لقائمة التسلسل، كما هو مُوضَّح في الشكل 86.

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

الشكل 86: نموذج التحرير الخاص بإعادة ترتيب التسلسل

(3) يظهر التسلسل الآن في الشكل 87 في الموضع الجديد.

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

الشكل 87: التسلسل/التسلسلات المبينة بعد إعادة الترتيب

### التحرير الإجمالي

يمكن للمستخدم استخدام التحرير الإجمالي عندما يحتاج إلى إجراء تغييرات على تسلسلات متعددة. ورغم أنه من الممكن الانتقال إلى فرادى تسلسلات وتحريرها، فإن هذا لن يكون ممكناً بالنسبة إلى المشروعات التي تحتوي على عدد كبير من تسلسلات.

(1) انقر على زر "Bulk edit" المبين في الشكل 88:

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

الشكل 88: التحرير الإجمالي، الخطوة 1

(2) اختر نوع التحرير الإجمالي "Type of bulk edit"، أي إما 'Qualifier molecule type' أو 'Organism' أو 'Feature'.

Type of bulk edit\*

Qualifier molecule type

Select Range of Sequence IDs\*

Select the type of bulk edit to continue

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

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'.

الشكل 89: التحرير الإجمالي، الخطوة 2

وكما هو مبين في الشكل 89: التحرير الإجمالي، يخبر النظام المستخدم بأن تسلسل الأحماض النووية فقط يمكن أن يكون له قيمة المعترف المحرر "mol\_type" (لأن القيمة نفسها لتسلسل الأحماض الأمينية تُعين بشكل تلقائي بواسطة النظام على أنها "protein").

(3) بعد اختيار نوع الجزيء، يطلب النظام من المستخدم اختيار نوع تسلسلات الأحماض النووية التي سينطبق عليها التحرير.

Type of bulk edit*	Select Range of Sequence IDs*				
Qualifier molecule type	3,7				
Select the type of bulk edit to continue	Use commas to separate individual sequences (for example: "2,5,8"); use a dash to indicate a range of sequences (for example: "2-8").				
Molecule Type*	Qualifier Molecule Type*				
DNA	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

الشكل 90: التحرير الإجمالي، تحديد المعرف "mol\_type"

وكما هو مبين في الشكل 90، ينبه النظام المستخدمين أيضاً إلى أن المعرف "mol\_type" للتسلسلات التي يكون فيها الكائن = "synthetic sequence" يجب أن يكون "other DNA" أو "other RNA"، وإذا قاموا بتغيير هذه القيم، فسيحدث خطأ عند تثبيت المشروع.

(4) ويعرض النظام اختيار تسلسلات من أجل تحريرها بشكل إجمالي.

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

الشكل 91: التحرير الإجمالي، المعرف "mol\_type" المحدث

وعند اختيار التحرير الإجمالي من أجل تحرير الكائن:

- (1) اختر نوع التحرير الإجمالي "Type of bulk edit" على أنه كائن "Organism" على النحو المبين في الشكل 92 (1).
- (2) يجب على المستخدم إدخال معرفات نطاق التسلسل المراد تحريرها (2). ثم إذا اختار المستخدم، على سبيل المثال، تعديل قيمة الكائن إلى "synthetic construct"، فسيقوم النظام بإعلامه بأن المعرف "mol\_type" سيتغير تلقائياً إلى "DNA other" أو "other RNA" بحسب نوع الجزيء. (3)

Type of bulk edit\*  
Organism

Select Range of Sequence IDs\*  
1-3

Select the type of bulk edit to continue

Organism name\*  
synthetic construct

The qualifier 'mol\_type' value will be automatically changed to 'other DNA' or 'other RNA'.

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

الشكل 92: التحرير الإجمالي للكائنات، الخطوة 1

وعندما يكون نوع التحرير الإجمالي هو "Features" (سمات):

- اختار نوع التحرير الإجمالي على أنه "Features" (سمات) (انظر الشكل 93) (1). ويحتاج المستخدم بعد ذلك إلى تحديد ما إذا يريد تحرير السمات القائمة أو إضافة سمات جديدة (2). ويجب على المستخدم إدخال المعرف "Molecule Type" (3) ونطاق معرفات التسلسل المراد تحريرها (4). وفي حال اختار المستخدم تحرير السمة "Edit feature" (2)، ثم اختار المستخدم تعديل قيمة موقع السمة (6) إلى "complement(join(1..30,61..90))"، فستحدث الأداة جميع سمات منطقة التشفير (5) من أجل التسلسلين 5 و8 لتصبح القيمة المقدّمة.

Type of bulk edit\*  
Feature

Select Range of Sequence IDs\*  
2,3

Select the type of bulk edit to continue

Molecule Type\*  
DNA

Feature Key\*  
CDS

Feature Location\*  
complement(join(1..30,61..90))

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

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism	Qualifier molecule type
1	QV_31K_Test_File_seq_2	20	AA	Saccharomyces cerevisiae	protein
2	inserted sequence	256	DNA	Wohlfahrtiopsis bishoppi	genomic DNA
3	QV_31K_Test_File_seq_3	90	DNA	Saccharomyces cerevisiae	genomic DNA
4	QV_31K_Test_File_seq_4	20	AA	Saccharomyces cerevisiae	protein
5	QV_31K_Test_File_seq_5	90	DNA	Saccharomyces cerevisiae	genomic DNA
6	Seq_9	26	DNA	Eacles sp.	other DNA

الشكل 93: التحرير الإجمالي للسمات، الخطوة 1

- وفي حال اختار المستخدم "Add feature" (إضافة سمة) كنوع للتحرير الإجمالي للسمة (انظر الشكل 94): سمة جديدة "CHAIN" (4)، بالترافق مع سمة الموقع "1..13" (5) التي ستضاف إلى معرفات التسلسلات المختارة 1، 2، و7 (3).

Type of bulk edit\*  
Features

Select the type of bulk edit to continue

Type of bulk feature edit\*  
Add feature

Feature Key\*  
CHAIN

Select Range of Sequence IDs\*  
1,2,7

Molecule Type\*  
AA

Feature Location\*  
1.13

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

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

الشكل 94: التحرير الإجمالي للسمات، إضافة سمة

(3) وفي حال اختار المستخدم "Bulk skip" (تخطي إجمالي) كنوع للتحرير الإجمالي للسمة (انظر الشكل 95)، فسيتم تحديد نطاق التسلسلات المراد تخطيها كنطاق لمعرفات التسلسلات (1).

Type of bulk edit\*  
Bulk skip

Select the type of bulk edit to continue

Select Range of Sequence IDs\*  
1

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

Cancel Edit sequences

الشكل 95: التحرير الإجمالي للسمة، التخطي الإجمالي

## تحرير التسلسل

لتحرير تسلسل ما، يجب أن ينقر المستخدم على رقم تعريف التسلسل المراد تعديله، كما هو موضح في الشكل 96 (رقم تعريف التسلسل هو '1').

### ملاحظة:

يجب أن تبدأ جميع الكشوف التسلسلية المتوافقة مع معيار الويبو ST.26 بمعرف التسلسل والرقم "1" "SEQ ID #1"، وترقم بالتوالي حتى نهاية التسلسل.

### 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

الشكل 96: تحرير التسلسل

سيؤدي ذلك إلى فتح قسم جديد في الإطار الخاص بتفاصيل المشروع أسفل قسم تسلسلات، كما هو موضح في الشكل 97. ويتألف قسم تسلسلات من نموذج تحرير المعلومات الأساسية "Basic Information" المظلل والظاهر أولاً، وجدول قائمة السمات "Features" الذي يظهر ثانياً، ونموذج تحرير بقايا التسلسل "Residues" في النهاية.

The screenshot displays a web interface for editing a sequence. It is divided into three main sections: 'GENERAL INFORMATION', 'SEQUENCES', and 'SEQUENCE 1'. Under 'SEQUENCE 1', there is a form with fields for 'Sequence Number (ID: 1)', 'Sequence Name (ST25\_221\_BINDING\_edited\_seq)', 'Length (10)', 'Molecule Type (AA)', and 'Organism (synthetic construct)'. Below this is the 'FEATURES' section, which includes an 'Add feature' button and a table with columns for 'Feature Key', 'Location', and 'Qualifiers'. The table contains one entry with 'source' as the key, '1..10' as the location, and 'mol\_type = protein' and 'organism = synthetic construct' as qualifiers. At the bottom, the 'SEQUENCE' section shows the amino acid sequence 'ACKEMRDKK' with a length of 10.

الشكل 97: تحرير التسلسل، نموذج التحرير

## السمات

ينص معيار الويبو ST.26 على أن كل تسلسل يجب أن تكون له على الأقل سمة واحدة مرتبطة به، ألا وهي: "source"، حسب نوع الجزيء. ويتعين أن تحتوي كل سمة مصدر على معزفين إلزاميين، وهما: "organism" والمعرف "mol\_type".

ويحتوي جدول السمات على ثلاثة أعمدة، هي: مفتاح السمة، وموقع السمة داخل التسلسل الجيني، والمُعزفات المرتبطة بكل سمة من سمات التسلسل.

ويشير موقع السمة إلى الجزء الذي توجد فيه السمة من أجزاء التسلسل. وترد في معيار الويبو ST.26 الأنساق المسموح بها لتحديد موقع السمة، وهي كما يلي:

- رقم بقية مفردة:  $x$
  - أرقام بقايا تُحدّد نطاق التسلسل:  $x..y$
  - بقايا ما قبل رقم البقية المُحدّدة الأولى أو ما بعد رقم البقية المُحدّدة الأخيرة:  $<x, >x, <x..y, x..>y, <x..>y$
  - موقع بين نوكلويدين متجاورين:  $x^y$
  - أرقام بقايا يربط بينها تشابك داخل السلسلة:  $x..y$
- ويمكن استخدام عوامل الموقع لتشكيل أوصاف مواقع معقدة:
- **Join (location, location,...location)**: تترابط المواقع (من طرف إلى طرف) لتشكيل تسلسل واحد متلاصق.
  - **order (location, location,...location)**: توجد العناصر بالترتيب المُحدّد، ولكن لا يُفهم ضمناً شيء بشأن ما إذا كان انضمام هذه العناصر منطقياً أم لا.

- "**complement (location)**": يشير إلى أن السمّة تقع على الشريط المُتمّم لنطاق التسلسل المُحدّد بواسطة واصف الموقع، عند قراءتها في الاتجاه من الذرة 5 إلى الذرة 3 أو في الاتجاه الذي يحاكي الاتجاه من الذرة 5 إلى الذرة 3. لإضافة سمّة جديدة إلى التسلسل، انقر على زر "Add feature" في قسم السمات الخاص بالتسلسل المُحدّد، وهو الزر المُوضّح أدناه في الشكل 98.

▼ **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

▼ **SEQUENCE**

gatagtatgt atatatagta gtatgatgat gatgatgga t 41

الشكل 98: إضافة سمّة إلى تسلسل

بعد ذلك، في الطبقة المُنبثقة التي تظهر (المُوضّحة في الشكل 99)، اختر أحد مفاتيح السمات<sup>8</sup> من القائمة المنسدلة، وحدّد موقع السمّة داخل التسلسل الذي تنطبق عليه السمّة.

▼ **FEATURES**

Add feature

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

▼ **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

الشكل 99: إضافة سمّة، الطبقة المُنبثقة

يمكن أيضاً إضافة مُعرّفات إلى السمّة في هذه المرحلة، ولكن سنتناول ذلك في القسم التالي.

<sup>8</sup> انظر معيار الويبو ST.26 – المرفق الأول، القسمان 5 و7 للاطلاع على جداول مفاتيح السمات الخاصة بالنوكليوتيدات والأحماض الأمينية

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 <a href="#">click here</a>	

الشكل 100: الرابط المنبثق الخاص بالشرح المفصل لموقع السمة

أضيف رابط للحصول على شرح مفصل لنسق موقع السمة. ويرد الرابط في نهاية الجملة "Click here". وقد وُضع خط تحت الرابط في الشكل 100 ليسهل على المستخدم التعرف عليه.

وفي النهاية، انقر على الزر الأزرق "Create Feature"، المُوضَّح في الشكل 99.

### سمات منطقة التشفير (CDS)

يُستخدم نوع سمات منطقة التشفير في وصف تسلسل الترميز لأحد البروتينات<sup>9</sup>. وقد تتضمن سمات منطقة التشفير بشكل اختياري ترجمة الحمض الأميني للتسلسل الذي تنتمي إليه، وإذا استوفى ذلك متطلبات الحد الأدنى من الطول، فستظهر ككشف تسلسلي منفصل في المشروع. ويرد الرقم المرجعي لتعريف تسلسل الأحماض الأمينية المُترجم في المُعرّف "protein\_id" داخل سمة منطقة التشفير الخاصة بالتسلسل الأصلي.

وعند إنشاء سمة منطقة التشفير "CDS" لتسلسل ما، يمكن إضافة مُعرّف "ترجمة" تلقائياً إلى سمة منطقة التشفير (بقيمة افتراضية للشفرة الجينية "Genetic Code" هي 1 - شفرة موحدة "Standard Code") إلى جانب قيمة مُعرّف للجزء المتبق المترجم من التسلسل على النحو المشار إليه في موقع السمة. ويمكن أيضاً توليد مُعرّف البروتين "protein id" وتسلسل منفصل للأحماض الأمينية من خلال تحديد خانة الخيارات في المعلومات الأساسية الواردة في أعلى صفحة تفاصيل المشروع (انظر الشكل 102). إلا أن هذا المُعرّف ليس إلزامياً، ويمكن حذفه بعد الإنشاء. ويمكن أيضاً للمستخدم أن يُنشئ مُعرّف "translation" ومُعرّف "protein\_id" يدوياً، وأن يشير إلى الرقم المرجعي للتسلسل ذي الصلة الذي أنشأه المستخدم.

#### ملاحظة:

إن خانة الاختيار "Automatically add a translation qualifier..." محددة بشكل افتراضي اعتباراً من الإصدار 2.1.0.

### إنشاء سمات منطقة التشفير تلقائياً

فيما يلي خطوات الإنشاء التلقائي لمُعرّف سمات منطقة التشفير:

(1) في الشاشة الخاصة بالتسلسل، انقر على زر "Add feature" واختر "CDS" كمفتاح السمة. وإذا تم تحديد خانة الاختيار الخاصة بإضافة مُعرّف الترجمة تلقائياً "automatically add a translation qualifier" في المعلومات الأساسية، فسيضاف تلقائياً مُعرّف الترجمة "translation" وقيمته ومُعرّف protein\_id وتسلسل الأحماض الأمينية المنفصل المرتبط به (إذا كان ذلك مناسباً) عند إضافة سمة منطقة التشفير إلى تسلسل النوكليوتيدات.

(2) وللمستخدم أيضاً خيار إنشاء مُعرّف الترجمة "translation" يدوياً.

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

▼ QUALIFIERS

Add qualifier

Qualifier Name *	Select Genetic Code
translation	1 - Standard Code
Sequence Name	Qualifier Value
Automatic Translation is ON. Leave this field blank to automatically generate the translation qualifier value, protein_id qualifier, and associated amino acid sequence.	

Cancel Create Qualifier

الشكل 101: إنشاء معرف للترجمة

3) وحينما ينتهي المستخدم من تحرير السمة وما يتعلق بها من مُعرِّفات، يجب عليه أن ينقر على زر "Create Feature" لحفظها. وتظهر في الشكل 102 سمة منطقة التشفير الناتجة عن ذلك.

▼ FEATURES

Add feature

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

« 1 »

الشكل 102: سمة منطقة التشفير الجديدة في جدول السمات

تقوم الأداة بعد ذلك بإنشاء تسلسل جديد\* للمشروع بالخصائص الآتية:

- رقم تعريف التسلسل = القيمة المتاحة التالية من أرقام تعريف تسلسلات
  - الطول = طول التسلسل المُترجم
  - اسم التسلسل = القيمة الواردة في حقل "Sequence Name" لمُعرِّف "translation" (انظر ...). وإذا لم يُقدَّم أي اسم، فسيُستخدم الاسم الافتراضي للتسلسل ('#\_Seq').
  - نوع الجزيء = "AA"
  - اسم الكائن = نفس القيمة المُقدَّمة للتسلسل الأصلي
  - نوع جزيء المُعرِّف = "protein"
  - بقايا التسلسل = القيم المُترجمة للتسلسل الأصلي
- ويظهر في الشكل 103 مثال على ما سوف تُسفر عنه هذه العملية بعد اكتمالها.

**SEQUENCE 3**

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

**FEATURES**

Add feature

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

« 1 »

الشكل 103: سمة منطقة التشفير، تسلسل أحماض أمينية تم إنشاؤه

**ملاحظة بخصوص إنشاء التسلسل المترجم:**  
لا يُنشأ التسلسل المترجم إلا إذا كان يحتوي على الأقل على 4 أربع عناصر متبقية محددة بشكل خاص (على سبيل المثال، يُعتبر AXTG على أنه 3 أحرف). وفي حالة تعديل المعرف "translation"، إذا قُلت قيمة المعرف عن 4 عناصر متبقية محددة بشكل خاص، فسوف تُحذف ترجمة التسلسل ذي الصلة، وسيُحذف كذلك المعرف "protein\_id".

WIPO | Sequence PROJECT DEMO VERIFICATION REPORT LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS IMPORT REPORT DISPLAY THE SEQUENCE LISTING HELP ▾ PREFERENCES E| ▾ 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

الشكل 104: التوليد الآلي لخانة اختيار معرف الترجمة، إزالة الاختيار من أجل إيقاف

نصائح حول سمات منطقة التشفير عند إدراج معرف مستعار أو معرف جيني مستعار:

تأكد من إيقاف تشغيل الترجمة التلقائية عند إضافة معرف مستعار أو معرف جيني مستعار إلى سمة منطقة التشفير.

وإذا لم يتم إيقاف تشغيل الترجمة الآلية (أي إذا كانت خانة الاختيار المحددة في الشكل 105 لا تزال تحمل علامة التشغيل) عند إضافة معرف مستعار أو معرف جيني مستعار إلى سمة منطقة التشفير، فسيتم إضافة معرف الترجمة تلقائياً عند تحديث سمة منطقة التشفير. ولتصحيح هذا الخطأ، قم بإيقاف تشغيل الترجمة التلقائية للمشروع، ثم افتح سمة منطقة التشفير واحذف الترجمة ومعرفات البروتين "protein\_id"، ثم قم بتحديث السمة.

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

GENERAL INFORMATION SEQUENCES

## PROJECT ...

Print
Export
Import Another Project
Validate
Generate Sequence Listing

Project Name project demo	Creation date 2022-01-12
Status modified	File Name
Description	Sequences 2
Original free text language code	Non English free text language code
Automatically add a translation qualifier when a CDS feature is created On	

الشكل 105: التوليد الآلي لمعرف الترجمة، تشغيل

وإذا كان المستخدم يرغب في إنشاء مُعرّف الترجمة تلقائياً، فيمكن تحديد قيمة جدول الترجمة واسم التسلسل من نموذج تحرير المُعرّف. وعندما يُنشئ المستخدم السمة، ستقوم الأداة بإجراء الترجمة ثم إضافة مُعرّف "protein\_id" إلى السمة وتسلسل جديد بقيمة الترجمة.

ولن تُجرى الترجمة مرة أخرى إلا إذا تغيرت قيم موقع السمة أو أحد مُعرّفات "transl\_table" أو "transl\_except" أو "codon\_start"، وفي هذه الحالة سيُحدّث التسلسل ذي الصلة.

#### ملاحظة:

إذا تغيرت قيمة الترجمة، ستقوم التسلسل ذي الصلة بتحديث قيمته تلقائياً. ولكن في حالة تعديل تسلسل النوكليوتيدات ذي الصلة، لن تتغير قيمة مُعرّف الترجمة. وإذا جرى تعديل المُعرّف "protein\_id" بعد الإنشاء، فسيُفقد التسلسل ذي الصلة ارتباطه بالتسلسل الأصلي.

#### نصائح حول استخدام كودون التوقف:

على النحو المعتاد، يجب أن يكون كودون التوقف في نهاية سمة منطقة التشفير فقط، للإشارة إلى نقطة نهاية تسلسل الأحماض الأمينية المشفرة. ولا ينبغي أبداً أن يكون في منتصف سمة منطقة التشفير ما لم يكن هناك المُعرّف "transl\_except" الذي يشير إلى وجوب ترجمة كودون التوقف في تسلسل حمض أميني معين.

وإذا كان كودون التوقف في منتصف سمة منطقة التشفير (المشار إليها باللون الأصفر أدناه)، ولم يكن هناك المُعرّف "transl\_except" الذي يشير إلى وجوب ترجمة كودون التوقف في تسلسل حمض أميني معين، كما هو موضح في الشكل 106، فيجب أن توقف الأداة الترجمة هناك وسيظهر شريط أحمر لإخبار المستخدم بأنه لن يتم إنشاء أي ترجمة.

**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 'trans\_except' or 'codon\_start' are required.

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

SEQUENCE

atgaaatca acccaagtagt actacaatca tgatcaacc agtagtacta caatcatgat caaccogta gtactacaat catgatcaac ccagtagtac tacaatcatg atcaaccag tagt

الشكل 106: التوليد الآلي لمعرف ترجمة نشط وتسلسل يحتوي على كودون توقف غير صحيح وسيدرج خطأ في تقرير التحقق لتنبيه المستخدم بوجود مشكلة في تسلسل الترميز الخاص به، كما هو موضح في الشكل 107.

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

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

Report generated on 2022-02-12

Delete selected sequences Print Report

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 'trans_except' or 'codon_start' are required.	CDS	Sequence 1

الشكل 107: خطأ في سمة منطقة التشفير يتعلق بكودون للتوقف الداخلي غير صحيح

## المعرفات

لعرض مُعرِّفات سمة ما، يجب على المستخدم أن يحدد أولاً تلك السمة المعنية من جدول السمات الخاص بالتسلسل المعني. وفي المثال الموضح في الشكل 108، أُحيطت أيقونة قلم الرصاص الخاص بسمة "source" بمستطيل أحمر.

The screenshot shows the 'FEATURES' section of a sequence viewer. The 'source' feature is listed with the location 1..237 and qualifiers 'mol\_type' and 'organism = Caballerocotyla biparasitica'. The edit icon for this feature is highlighted with a red box.

الشكل 108: معرف الإضافة/التحرير، الخطوة 1

سيؤدي النقر على زر قلم الرصاص المظلل في الشكل 108 إلى إظهار الطبقة المنبثقة الآتية الخاصة بالسمة، كما هو موضح في الشكل 109.

The screenshot shows the 'Feature 2' dialog box. The 'source' feature is selected, and the 'QUALIFIERS' section is expanded. The 'Add qualifier' button is highlighted with a red circle, and the 'Update feature' button is highlighted with a red circle.

الشكل 109: معرف الإضافة/التحرير، الخطوة 2

يمكن تحرير المُعرِّفات الحالية بالنقر على أيقونة القلم الموجودة عن يمين كل صف (1)، أو يمكن للمستخدم إضافة مُعرِّف جديد إلى السمة المُحدَّدة حالياً بالنقر على زر "Add qualifier" (2).

وعند تحرير أو إضافة مُعرِّف، سيظهر للمستخدم الحقلان الموضحان في الشكل 110، وهما: "Qualifier name" (يجب اختياره من قائمة منسدلة)، و"Qualifier value".

<sup>10</sup> انظر معيار الويبو ST.26 – المرفق الأول، القسمان 6 و8 للاطلاع على جميع المُعرِّفات الممكنة للنوكليوتيدات والأحماض الأمينية

The screenshot shows the 'QUALIFIERS' section of a software interface. At the top, there is a button labeled 'Add qualifier'. Below it, a table lists existing qualifiers:

Qualifier Name	Qualifier Value	
mol_type	genomic DNA	
organism	Tinarnus osgoodi	

Below the table is a form to create a new qualifier. It has two main input fields: 'Qualifier Name' and 'Qualifier Value'. The 'Qualifier Name' field has a dropdown menu with options: cell\_line, cell\_type, chromosome, clone, clone\_lib. The 'Qualifier Value' field is empty. At the bottom right of the form are two buttons: 'Cancel' and 'Create Qualifier'.

الشكل 110 نموذج تحرير المُعرِّف

سيختلف شكل الحقل الخاص بقيمة المُعرِّف حسب نوع المُعرِّف:

- **مُعرِّفات ذات قيم مُحدَّدة مسبقاً:** يتخذ حقل القيمة شكل قائمة منسدلة يختار منها المستخدم إحدى القيم المُحدَّدة مسبقاً للمُعرِّف، كما هو مُوضَّح في المثال الآتي في الشكل 111:

The screenshot shows a close-up of the 'Qualifier Value' field in the form. The 'Qualifier Name' field is set to 'organelle'. The 'Qualifier Value' field has a dropdown menu with the following options: chromatophore, hydrogenosome (highlighted in blue), mitochondrion, and nucleomorph.

الشكل 111 مُعرِّفات ذات قيم مُحدَّدة مسبقاً

- **مُعرِّفات ذات نصوص حرة:** يكون حقل القيمة من حقول النصوص الحرة. وبالإضافة إلى اسم المُعرِّف وقيمته، التي تكون بالإنكليزية فقط، يظهر حقلان إضافيان للسماح للمستخدم بإدخال رمز اللغة (على سبيل المثال "ru") وقيمة اللغة المقابلة في حقل قيمة مُعرِّف غير اللغة الإنكليزية، كما هو مُوضَّح في المثال الآتي في الشكل 112:

The screenshot shows a close-up of the form for creating a non-English qualifier. The 'Qualifier Name' field is set to 'note'. The 'Qualifier Value' field contains the text: 'NOTE: this value may require translation for National/Regional procedures.' Below this, there is a 'Language\*' field set to 'ru - Russian'. At the bottom right are 'Cancel' and 'Create Qualifier' buttons.

الشكل 112: قيم المُعرِّفات ذات نصوص حرة

ويجب ضبط حقل رمز اللغة بنفس قيمة رمز لغة النص غير الإنكليزية "Non English Free text language code" المشار إليه في المعلومات التفصيلية للمشروع.

ويمكن للمستخدم إدخال سلسلة من القيم بخلاف اللغة الإنكليزية لكل لغة محددة إما يدوياً وإما عن طريق استيراد اللغة المناسبة المرتبطة من ملف .XLIFF.

- **مُعَرِّفات ذات نسق مُحدَّد مسبقاً:** حقل القيمة من حقول النصوص الحرة، ولكن يجري التحقق من القيمة المُدخلة للتأكد من مطابقتها للقواعد المُحدَّدة الواردة في القسم 116 من المرفق الأول لمعيار الويبو ST.26. وفي المثال المُوضَّح في الشكل 113، لم يُكتب التاريخ بالنسق الصحيح:

Qualifier Name collection_date	Qualifier Value 2002-08-
Invalid qualifier value format. The value for the qualifier 'collection_date' must have the format 'YYYY-MM-DD', 'YYYY-MM' or 'YYYY'.	

الشكل 113: مُعَرِّفات ذات نسق مُحدَّد مسبقاً

- **مُعَرِّفات لا يُسمح بتقديم قيمة لها.** حقل قيمة المُعرِّف غير قابل للتعديل، كما هو مُوضَّح في المثال الآتي في الشكل 114:

Qualifier Name germline	Qualifier Value
----------------------------	-----------------

الشكل 114: مُعَرِّفات لا يُسمح بتقديم قيمة لها

ملاحظة:

لا يمكن تعديل موقع السمة بالنسبة إلى سمة المصدر بعد إنشائها، وأما مُعَرِّفات الكائن و *mol\_type* فيمكن تعديلها فقط ولا يمكن حذفها.

وعند الانتهاء، يجب على المستخدم أن ينقر على الزر الأزرق "Create Qualifier" لإضافة المُعرِّف الجديد، أو على "Save" لحفظ التغييرات التي أُدخلت على المُعرِّف الحالي.

والخطوة الأخيرة، فور إضافة أو تعديل مُعرِّف واحد أو أكثر، هي أن المستخدم يجب أن ينقر على زر "Update feature" الموجود في أسفل الطبقة المنبثقة الخاصة بالسمة، المُوضَّح في الشكل 115.

Feature 2	
Feature Key SOURCE	Feature Location* 1..339
For a detailed explanation of the format of the feature location please <a href="#">click here</a>	
QUALIFIERS	
Add qualifier	
Qualifier Name mol_type	Qualifier Value other DNA
Qualifier Name organism	Qualifier Value synthetic construct
Cancel	Update feature

الشكل 115: تحديث السمة بعد تحرير المُعرِّف

### تقرير التحقُّق

لفتح تقرير التحقُّق الخاص بالكشف التسلسلي لمشروع ما، يمكن للمستخدم أن ينقر من الإطار الخاص بتفاصيل المشروع على رابط "VERIFICATION REPORT" الموجود في شريط القوائم أعلى الإطار.

لمزيد من التفاصيل عن كيفية إنشاء تقرير التحقُّق، انظر القسم الشكل 34.

<sup>11</sup> انظر معيار الويبو ST.26 – المرفق الأول، القسم 6 للاطلاع على القواعد المتعلقة بهذه المُعَرِّفات.

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

GENERAL INFORMATION SEQUENCES

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

Project Name project demo	Creation date 2022-01-12
Status modified	File Name
Description	Sequences 2
Original free text language code	Non English free text language code
Automatically add a translation qualifier when a CDS feature is created On	

الشكل 116: عرض تقرير التحقق، الخطوة 1

سوف ينتج عن ذلك أحد إطارين حسب صلاحية الكشف التسلسلي للمشروع من عدمها، وهما: الشكل 117. في حالة وجود أخطاء/ تحذيرات، والشكل 118. في حالة النجاح في عملية التحقق.

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

Report generated on 2022-01-12 Delete selected sequences Print Report

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

الشكل 117: مثال على تقرير التحقق، أخطاء/تحذيرات

ويمكن تحويل تقرير التحقق إلى ملف PDF بالنقر على زر "Print Report" الموضَّح في الركن الأيمن العلوي من الشكل 117. وسيعرض التقرير الناتج في برنامج عرض ملفات PDF كما هو مبين في الشكل 9.

Report successfully generated on 2021-10-11

This project does not contain any errors or warnings.

الشكل 118: تقرير التحقق، لا توجد أخطاء/تحذيرات

## المُعَرِّفَات المعتمدة على اللغة

يتناول هذا القسم بالتفصيل الوظائف المتاحة في إطار المعرِّفات المعتمدة على اللغة. والمُعَرِّفَات التي يُسمح بأن تكون قيمتها "نصاً حراً" في المشروع ترد أيضاً في إطار "LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS" بصفحة المشروع.

وكما أُضيف أحد المُعَرِّفَات المعتمدة على اللغة إلى المشروع الحالي، سيعرض المُعَرِّف أيضاً في هذا الإطار، كما هو موضح في الشكل 119.

IMPORT FREE TEXT QUALIFIERS EXPORT FREE TEXT QUALIFIERS

## LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS

Source language code for free text qualifiers en Target language code for free text qualifiers

Sequence ID Number	Sequence Name	Feature Key	Feature Location	Qualifier ID	Qualifier Name	Qualifier Value	Non English Qualifier Value- <i>en</i>
1	transl_except_se q_1	source	1..64	q1	organism	Sialia currucoides	

الشكل 119: إطار المُعَرِّفَات المعتمدة على اللغة

ويمكن للمستخدم تعديل قيمة النص الحر المترجمة المرتبطة بالمُعَرِّف عن طريق النقر على Qualifier Name، كما هو موضح في الشكل 110، وسيؤدي ذلك إلى إظهار طبقة منبثقة بها نموذج تحرير أسفل الجدول.

وسيتعين على المستخدم توفير كود اللغة المصدر ورمز اللغة الهدف لتصدير ملف XLIFF من معرِّفات النصوص الحرة حيث يلزم توفير القيم المترجمة من قبل المترجمين قبل إعادة استيراد ملف XLIFF.

## استيراد معرِّفات النصوص الحرة

إذا نقر المستخدم على زر "IMPORT FREE TEXT QUALIFIERS"، ستفتح الأداة مستكشف الملفات لكي يتمكن من التصفح لإيجاد الملف (. XLIFF) الذي يريد استيراده ويختاره. وتُجرى عدة خطوات للتحقق من صحة إجراء المطابقات الصحيحة بين قيم اللغتين المصدر والهدف.

ويجب أن يحتوي الملف المحدد على عناصر البيانات التالية:

- اسم المشروع
- رمز اللغة المستهدفة
- رمز اللغة المصدر

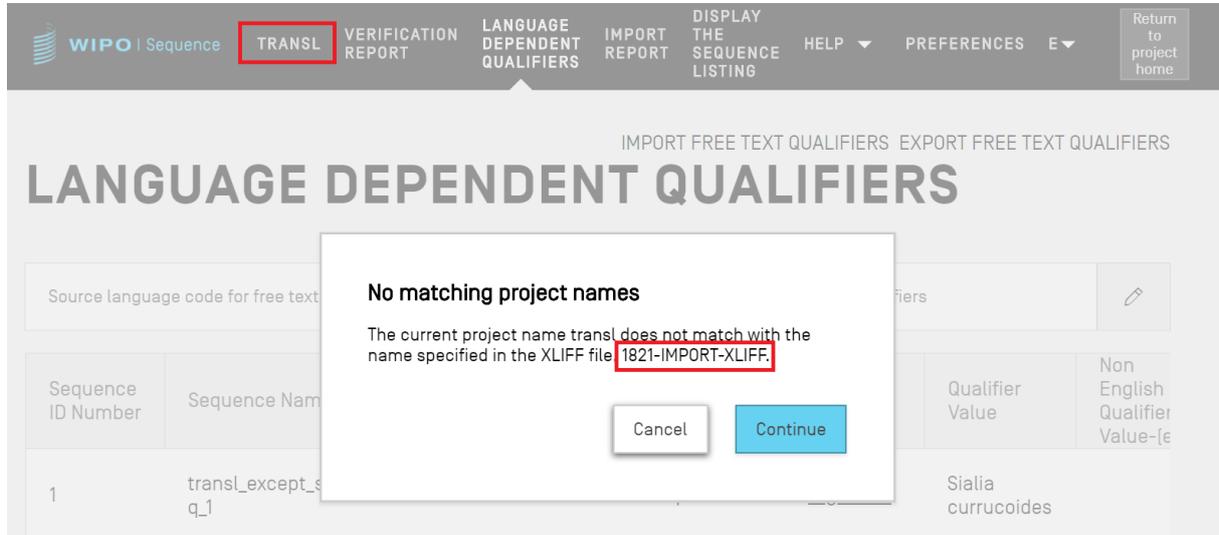
- لكل عنصر من عناصر وحدة XLIFF:
  - معرّف فريد للمعرّف (باتباع النسق: رقم مسبق بالحرف "q")
  - قيمة المعرّف في علامة اللغة المصدر
  - قيمة المعرّف في علامة اللغة المستهدفة

```
<xliff xmlns:xsi="http://www.w3.org/2001/XMLSchema-instance" xsi:schemaLocation="urn:oasis:names:tc:xliff:document:1.2 http://docs.oasis-open.org/xliff/v1.2/os/xliff-core-1.2.xsd" file:original="basic1" datatype="plaintext" source-language="en" target-language="fr">
  <body>
    <trans-unit id="q1" sequenceIDNumber="1" sequenceName="basic_seq_1" featureKey="source" featureLocation="1.26" qualifierName="organism">
      <source>Una virus</source>
      <target>organism fr</target>
    </trans-unit>
    <trans-unit id="q2" sequenceIDNumber="2" sequenceName="basic_seq_2" featureKey="source" featureLocation="1.26" qualifierName="organism">
      <source>Una virus</source>
      <target>organism fr</target>
    </trans-unit>
  </body>
</xliff>
```

الشكل 120: مثال عن ملف XLIFF مُتحقق منه

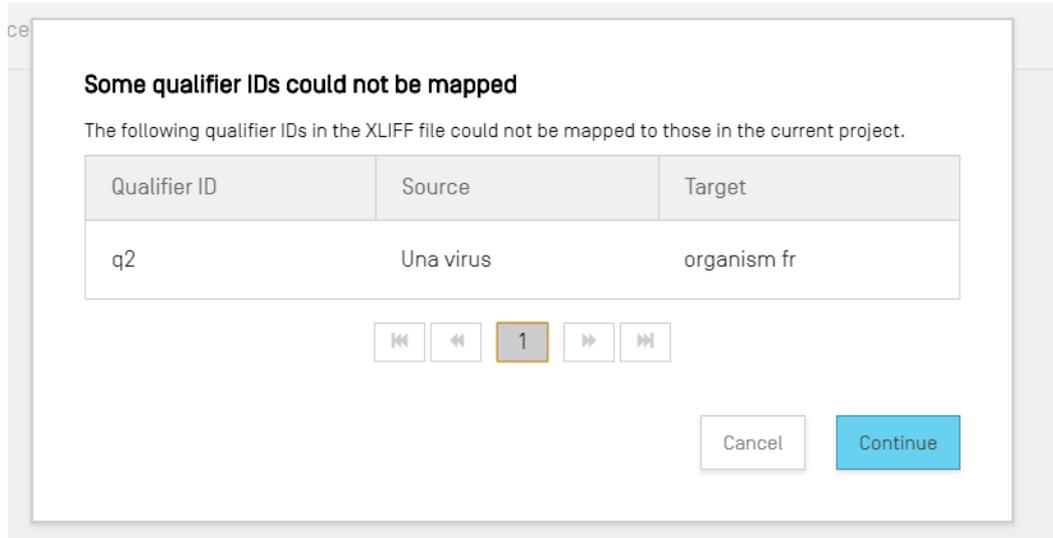
وبمجرد تأكيد المستخدم للملف المراد استيراده، ستطلب الأداة من المستخدم التحقق مما إذا كان يريد المتابعة بالفعل عن طريق تأكيد سلسلة خطوات التحقق (انظر الشكل 121 إلى الشكل 125).

- يقارن النظام اسم المشروع في الملف المصدر باسم المشروع المحدد:



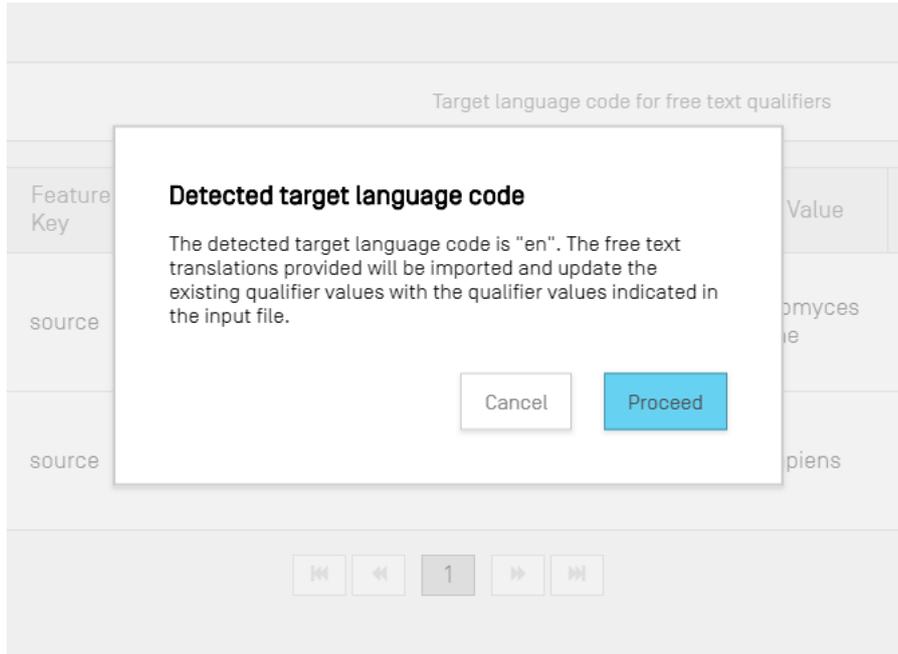
الشكل 121: التحقق من اسم المشروع

- وسيعلم النظام المستخدم إذ تعذر تطابق أي من المعرّفات:



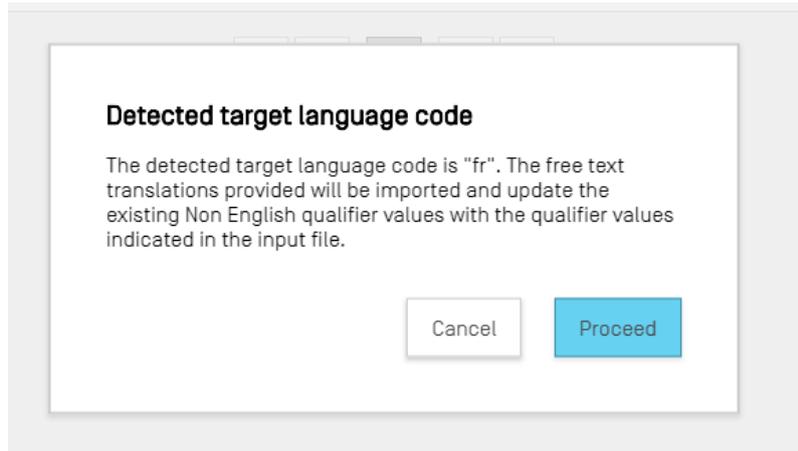
الشكل 122: التحقق من تطابق المعرفات، الخطوة

• وسيبلغ النظام المستخدم بالتغييرات المتعلقة باللغة المصدر وقيم المعرفات:



الشكل 123: التحقق من اللغة المصدر، الخطوة

• وسيبلغ النظام المستخدم بالتغييرات المتعلقة باللغة المستهدفة والقيم المترجمة المرتبطة بالمعرفات:



الشكل 124: التحقق من اللغة المستهدفة، الخطوة

وبعد ذلك، سوف تتلقى الشريط التالي الذي يُعرض في الجزء العلوي باللون الأزرق: "SUCCESS: THE FREE TEXT QUALIFIER HAS BEEN IMPORTED SUCCESSFULLY" إلى جانب تقرير يعرض بالتفصيل القيم المستوردة السابقة والحالية من أجل معرّفات النصوص الحرة المعتمدة على اللغة.

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		

الشكل 125: تقرير استيراد معرّف النص الحر

ويمكن للمستخدم الرجوع إلى شاشة معرّف النص الحر بالنقر على الزر "RETURN TO FREE TEXT QUALIFIER" المبين في الشكل 125.

### تصدير معرّفات النصوص الحرة

يمكن للمستخدم تصدير جميع مُعرّفات النصوص الحرة لمشروع ما إلى ملف بنسق XLIFF عن طريق النقر على زر "EXPORT FREE TEXT QUALIFIERS" في أعلى الإطار، وبعد ذلك يمكن للمستخدم أن يُحدّد اسم الملف والمكان الذي سيُحفظ فيه الملف النصي للمُعرّف.

ويتضمن الملف ما يلي:

- لغة مصدر المشروع.
- اللغة المستهدفة للمشروع.
- قيم معرّفات النصوص الحرة.
- قيم معرّف ترجمة النصوص الحرة.<sup>12</sup>
- معلومات المعرّفات والسمات ذات الصلة الواردة في الجدول المبين في الشكل 119.

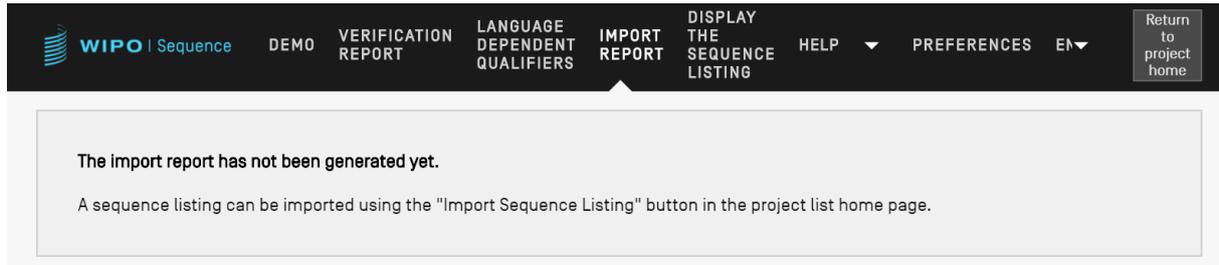
ويمكن عرض هذا الملف وتحريره واستيراده في الأداة مرة أخرى بعد تقديم الترجمة المناسبة باتباع الخطوات الموضحة في الأشكال الشكل 121 - الشكل 125.

### تقرير الاستيراد

يتناول هذا القسم تفاصيل الوظائف المتاحة في إطار تقرير الاستيراد.

وفي حالة استيراد مشروع من كشف تسلسلي (بنسق ST.25 أو ST.26) أو عندما يُستورد المستخدم تسلسلات متعددة من ملف (بنسق ST.26 أو ST.25 أو raw أو FASTA أو multi-sequence)، فإن تقرير ذلك الاستيراد سيتضمن جدولاً يحتوي على جميع التغييرات التي أُدخلت على البيانات المستوردة من أجل تكييفها مع النسق الصحيح لإدراجها في المشروع.

وإذا كان المشروع لم يُنشأ عن طريق عملية استيراد ولم يُستورد أي تسلسل إلى المشروع، فإن الإطار الخاص بتقرير الاستيراد سيعرض الشريط الظاهر في الشكل 126.



The screenshot shows the top navigation bar of the WIPO Sequence tool. The navigation bar includes the WIPO logo, 'Sequence', 'DEMO', 'VERIFICATION REPORT', 'LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS', 'IMPORT REPORT', 'DISPLAY THE SEQUENCE LISTING', 'HELP', 'PREFERENCES', and 'EN'. A 'Return to project home' button is also visible. Below the navigation bar, a message box states: 'The import report has not been generated yet. A sequence listing can be imported using the "Import Sequence Listing" button in the project list home page.'

الشكل 126: إطار تقرير الاستيراد، لم يُنقَد أي استيراد

وإذا اكتملت عملية الاستيراد بنجاح وتم إنشاء المشروع، فقد يعرض الإطار الجدولين التاليين:

- جدول تقرير الاستيراد (انظر الشكل 127)
- جدول تغييرات البيانات (انظر الشكل 128)

<sup>12</sup> ترجمة رمز لغة النص الحر المحدد بغير الإنجليزية والمتوافرة في المشروع أثناء التصدير.

## جدول تقرير الاستيراد

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.	

الشكل 127: مثال على تقرير الاستيراد

لا يظهر جدول تقرير الاستيراد إلا عندما يُسفر استيراد الملف عن أخطاء، ويحتوي الجدول على الأعمدة الآتية:

- **نوع الملاحظة:** "INDIVIDUAL" إذا كانت الرسالة تتعلق بتسلسل مُحدّد أو "GLOBAL" إذا كانت تتعلق بتسلسل واحد أو أكثر بوجه عام؛
- **Data element code:** من الملف المصدر، في حالة الكشوف التسلسلية بنسق ST.25؛
- **Message text:** رسالة تفصيلية بها معلومات عن المشكلة المُحدّدة المعنية والتغييرات التي أُجريت لتصحيحها (إن وجدت)؛
- **Detected sequence:** رقم التسلسل المستورد المتعلق بالرسالة (عندما يكون النوع "INDIVIDUAL"، وإلا يكون هذا الحقل فارغاً).

## جدول تغييرات البيانات

Global	<400>	Three-letter amino acid symbols have been replaced with their corresponding one-letter codes.					
<b>Changed Data</b>							
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

الشكل 128: مثال على جدول تغييرات البيانات

يعرض هذا الجدول أي بيانات خضعت لتحويل أو تغيير في أثناء عملية الاستيراد. وتُعرض البيانات الآتية في أعمدة الجدول (انظر الشكل 127):

- **Origin Tag**: رمز عنصر البيانات الخاص بنوع العنصر، للكشوف التسلسلية بنسق ST.25؛
- **Origin Element Name**: الاسم المقابل لنوع العنصر؛
- **Origin Element Value**: القيمة المقابلة للعنصر الأصلي في الملف المصدر
- **Target Element Name**: اسم عنصر ST.26 المكافئ الذي ستُحفظ فيه المعلومات في المشروع؛
- **Target Element Value**: قيمة اسم العنصر الهدف في المشروع؛
- **Transformation**: وصف ما خضع له العنصر من تغيير أو تحول واحد أو أكثر؛
- **Sequence ID Number**: رقم تعريف التسلسل ذي الصلة الخاص بالعنصر المُحوّل في المشروع.

## عرض الكشف التسلسلي

يتناول هذا القسم بالتفصيل الوظائف المتاحة في إطار عرض الكشوف التسلسلية.

وتسمح أداة الويبو للتسلسل للمستخدم بإنشاء كشف تسلسلي بنسق يكون أسهل على الإنسان قراءته مقارنةً بنسق XML. وعند الوصول إلى إطار "DISPLAY THE SEQUENCE LISTING"، ستجد أنه يعرض أولاً شريطاً أزرق يشير إلى أن ملف الكشف التسلسلي قد أُنتج بنجاح، إلى جانب خيارين لعرض الكشف التسلسلي المذكور في نسق (html.) أو (txt.) (انظر الشكل 129).

ولمزيد من التفاصيل عن كيفية إنشاء كشف تسلسلي، انتقل إلى الشكل 63.

The screenshot shows the top navigation bar with the following items: WIPO | Sequence, TESTSTRAIN, VERIFICATION REPORT, LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS, IMPORT REPORT, DISPLAY THE SEQUENCE LISTING (highlighted), HELP, PREFERENCES, and a 'Return to project home' button. Below the navigation bar, a blue message box states: 'ST.26 sequence listing file successfully generated on 12 Jan 2022, 13:15'. Below this, a light blue box contains the text: 'The sequence listing has been successfully generated in a human readable format.' At the bottom of the interface, two buttons are visible: 'Export Sequence Listing as .txt file' and 'Display Sequence Listing'.

الشكل 129: عرض الكشف التسلسلي، المنشأة بنجاح

إذا لم يتم إنشاء كشف تسلسلي بنجاح لمشروع معين، فإن الإطار الخاص بعرض الكشف التسلسلي سيجعل الزر "Display Sequence Listing" و"Export Sequence Listing as .txt format" معطلين، وسيظهر للمستخدم الخطأ الموضح في الشكل 130.

The screenshot shows the top navigation bar with the following items: WIPO | Sequence, PROJECT DEMO, VERIFICATION REPORT, LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS, IMPORT REPORT, DISPLAY THE SEQUENCE LISTING (highlighted), HELP, PREFERENCES, and a 'Return to project home' button. Below the navigation bar, a light gray message box states: 'File not found.' Below this, a light gray box contains the text: 'Sequences cannot be displayed in human readable format until a sequence listing has been generated in XML format. Please return to the project page and select 'Generate Sequence Listing'.' At the bottom of the interface, two buttons are visible: 'Export Sequence Listing as .txt file' and 'Display Sequence Listing'.

الشكل 130: عرض الكشف التسلسلي، لم يتم العثور على الملف

عندما ينقر المستخدم على زر "Display Sequence Listing"، سيُفتح ملف HTML في المتصفح الافتراضي. ويوفر ذلك عرضاً منسقاً لملف XML المتوافق مع معيار ST.26 لكي تكون قيم حقول معينة أكثر وضوحاً للمستخدم. ويرد مثال على ذلك في الشكل 131.

#### ملاحظة:

لعرض الكشف التسلسلي بلغة أخرى، يجب إنشاء الكشف التسلسلي مرة أخرى. ويجب أولاً تحديد الترميز الجديد للغة النصوص الحرة بغير اللغة الإنكليزية في قسم المعلومات العامة، وبعد ذلك يمكن تكرار الخطوات المذكورة أعلاه.



## Sequence Listing

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

الشكل 131: عرض الكشف التسلسلي، مثل على نسق HTML

ملاحظة:

ملاحظة: سيُعرض موقع ملف HTML في شريط العنوان بالمتصفح الخاص بالمستخدم، وبذلك يستطيع المستخدم الوصول إلى الملف إذا أراد نسخه إلى موقع مختلف.

عندما ينقر المستخدم على زر "Export Sequence Listing as .txt file"، سيتم فتح ملف بنسق .txt. ويقدم عرضاً منسقاً لملف XML المتوافق مع ST.26 بحيث تكون قيم الحقول الخاصة أكثر وضوحاً للمستخدم. ويرد مثال على ذلك في الشكل 130.

```

Sequence Listing Information:
  DTD Version: V1_3
  File Name: validSTS.xml
  Software Name: WIPO Sequence
  Software Version: 1.1.0-beta.7
  Production Date: 2021-07-06
General Information:
  Current application / IP Office: US
  Current application / Application number: 1231123343
  Current application / Filing date: 2019-05-02
  Current application / Applicant file reference: app_file_ref
  Earliest priority application / IP Office: US
  Earliest priority application / Application number: 1231123343
  Earliest priority application / Filing date: 2019-04-30
  Applicant name: Vault Tec
  Applicant name / Language: en
  Inventor name: Vault Tec
  Inventor name / Language: en
  Invention title: FEV ( en )
  Invention title: fdf' ( ru )
  Sequence Total Quantity: 3
Sequences:
  Sequence Number (ID): 1
  Length: 368
  Molecule Type: DNA
  Features Location/Qualifiers:
    - source, 1..368
      > mol_type, other DNA
      > organism, synthetic construct
    - STS, 1
    - STS, 2..4
  Residues:
  atcatgctaa  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
  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

```

الشكل 132: عرض الكشف التسلسلي، مثل على نسق TXT.

وإذا كان حجم الكشف التسلسلي الذي تم إنشاؤه، بنسق XML، أكبر من 100 ميغا بايت، ستُعرض صفحة HTML الواردة في الشكل 133 بدلاً من الكشف التسلسلي بنسق HTML.



الشكل 133: عرض الكشف التسلسلي، الملف بنسق HTML كبير جداً لكي يُعرض



>AJ011880.1 Artificial oligonucleotide sequence SSR primer  
(CAC13R)  
CTCAACAATCTGAAGCATCG

انظر <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/3724029?report=fasta> (تاريخ الاطلاع: 22 مايو 2017)

[نهاية الوثيقة]