

PatentIn 3.1 ユーザーズマニュアル

Computer Sciences Corporation
2611 Jefferson Davis Highway, Suite 10,000
Arlington VA 22202-4016

文書確認	
PatentIn 3.1 ユーザーズマニュアル	PTO-OP-07
USPTO Contract 50-PBPT-7-00004	システム開発・メンテナンス
文書名称	Web PatentIn 3.1
文書分類	独立
整理番号	CSC-01-11

バージョン管理記録

バージョン管理番号	変更有効日	変更の種類	変更した頁	署名管轄局
N/A	11/10/98	Lockheed Martin Corporation が silver coin 作成した最初の文書	全文書	J.Paccassi
草案 1.0	06/03/99	CSC が作成した最初の文書	全文書	J.Paccassi
バージョン 1.0	09/16/99	FQT による USPTO のコメントとアップデートを組み込む	i, ii, 1v, 3-5, 3-6, 4-2, 4-3, 4-5, 4-6, 5-2, 5-3, 5-5, 6-2, 6-4, 6-7, 7-2, 7-3, 8-3~8-9	J.Paccassi
バージョン 1.1	06/02/00	JAVA から C++ への変更に伴い文書をアップデートする	全文書	J.Paccassi
バージョン 1.2	06/22/00	FQT による USPTO のアップデートを組み込む	3-5, 3-10, 5-4, 5-10, 6-2, 8-4	J.Paccassi
バージョン 2.0	01/26/01	PatentIn 3.1 の公開	全文書	J.Paccassi
バージョン 2.1	04/27/01	PatentIn 3.1 の公開に伴うアップデート	全文書	

摘要

本ユーザーズマニュアルは、ユーザーズマニュアル PTO-OP-07 のデータ項目とは異なります。本ユーザーズマニュアルは、WPI タスク・マネジメント・プラン (TM02) 第 2.4.4.4 項の要求に従い、当初の文書形式に変更するものです。

本ユーザーズマニュアルは、タスクオーダーナンバー : CSC-01-11 に基づく USPTO の指示により、アップデートされています。

目次

セクション1 はじめに.....	11
1.1 目的.....	12
1.2 表記規則.....	12
1.3 概要.....	12
セクション2 システム必要条件と PatentIn 3.1 入手方法.....	14
2.1 システム必要条件.....	15
2.2 PatentIn3.1 入手方法.....	15
セクション3 起動	17
3.1 配列画面.....	18
3.2 プロジェクトメニュー.....	19
3.3 新規プロジェクトの作成と保存.....	20
3.4 プロジェクトを開く.....	21
3.5 プロジェクトの保存.....	22
3.6 ワークファイルの表示.....	23
3.7 進行状況の表示.....	23
3.8 配列表の表示.....	24
3.9 エラーレポートの表示.....	25
3.10 配列を別の名前で保存する	26
3.11 PatentIn の終了.....	26
3.12 オンラインヘルプの使い方.....	26
3.13 Message Dialog	27
セクション4 プロジェクトと出願者データ.....	28
4.1 Application Steps メニュー.....	29
4.2 Project Data.....	30
4.3 Prior Application Information.....	31
4.4 Applicant Data.....	32
4.4.1 Individual Applicant.....	34
4.4.2 Organization Applicants.....	35
セクション5 配列データ.....	38
5.1 配列.....	39
5.1.1 標準生物名の選択.....	40
5.1.2 配列の検索.....	41
5.1.3 画面のクリア.....	41
5.2 配列の追加.....	41
5.3 配列のインポート.....	42

5.3.1 PatentIn3.1 がインポートするマルチ配列データのファイル形式.....	43
5.3.1.1 配列見出し.....	43
5.3.1.2 配列データ.....	44
5.3.2 PatentIn 3.1 でインポートする単一配列データファイル.....	44
5.3.3 プロジェクトから配列をインポートする.....	46
5.3.4 2.1Project のインポート.....	47
5.4 配列のコピー.....	48
5.5 配列の貼り付け.....	49
5.6 配列の削除.....	49
5.7 配列の復元.....	49
5.8 配列の並べ替え.....	51
5.9 配列の確認.....	51
5.10 配列の保存.....	52
5.11 保存したプロジェクトのリロード.....	52
5.12 Custom Codons の追加.....	52
5.13 Custom Organism の追加.....	54
5.14 人工的な配列または未知の生物名.....	56
セクション 6 配列の特徴データ.....	58
6.1 配列の特徴.....	59
6.1.1 Feature Key 選択.....	61
6.1.2 Modified_Base に必要な情報の追加.....	61
6.1.3 CDS に関する情報の追加.....	62
6.1.4 『n』または『Xaa』の詳細な定義.....	62
6.1.5 アミノ酸の選択.....	63
6.1.6 MOD_RES に関する情報の追加.....	64
セクション 7 文献データ.....	67
7.1 文献の種類画面.....	68
7.2 Journal 文献情報.....	69
7.3 Database 文献情報.....	70
7.4 Patent 文献情報.....	71
7.5 Theses 文献情報.....	73
セクション 8 配列表プロジェクトファイルの作成.....	75
8.1 配列表ファイル.....	76
8.2 配列表ファイルの作成.....	76
8.3 配列表ファイルの表示.....	77
8.4 配列表をディスクにコピーする.....	78

付録 A	略語.....	80
付録 B	フィールドの識別名、長さ、タイプ.....	82
付録 C	国コード.....	84
付録 D	ヌクレオチドトリプレットと 1 文字および 3 文字アミノ酸コードの変換表.....	90
付録 E	ヌクレオチド配列の特徴.....	92
付録 F	アミノ酸配列の特徴.....	98
付録 G	MOD_RES 配列の特徴のデータ表.....	101
付録 H	追加の脂質配列の特徴.....	104
付録 I	配列明細フィールドで有効な文字.....	106
付録 J	追加の MODIFIED_BASE 配列の特徴.....	108
付録 K	技術注.....	111

表一覧

表 1-1 : 表記と意味.....	12
表 5-1 : 配列の見出し.....	43
表 B-1 : フィールド名、識別名、長さ、タイプ.....	83
表 C-1 : 国コード.....	85
表 D-1 : ヌクレオチド記号とアミノ酸記号の変換.....	91
表 E-1 : ヌクレオチド配列の特徴.....	93
表 F-1 : アミノ酸配列の特徴.....	99
表 G-1 : MOD_RES 配列の特徴に対応する最初のデータ表.....	102
表 G-2 : MOD_RES 配列の特徴に対応する第2のデータ表.....	102
表 H-1 : 追加の脂質配列の特徴.....	105
表 I-1 : 配列明細フィールドで有効な文字.....	107
表 J-1 : MODIFIED_BASE 配列の特徴.....	109

図一覧

図 3-1 : 配列画面.....	18
図 3-2 : プロジェクトメニュー.....	19
図 3-3: Save As 画面.....	20
図 3-4: Open 画面.....	21
図 3-5: Save As 画面.....	22
図 3-6: View Work in Progress ウィンドウ.....	23
図 3-7: View Sequence Listing ウィンドウ.....	24
図 3-8 : View Error Report ウィンドウ.....	25
図 3-9 : Rename Sequence 画面.....	26
図 3-10 : Exit PatentIn 画面.....	26
図 3-11 : Help 画面.....	27
図 3-12 : Message Dialog 画面.....	27
図 4-1 : Application Steps メニュー.....	29
図 4-2 : Project Data 画面.....	30
図 4-3 : Prior Application Information 画面.....	31
図 4-4: Applicant Data 画面.....	33
図 4-5 : Individual Applicants 画面.....	34
図 4-6 : Organization Applicants 画面.....	36
図 5-1 : 配列画面.....	39
図 5-2 : Selecting an Organism 画面.....	40
図 5-3 : Add A Sequence 画面.....	41
図 5-4 : Import Sequence(s)画面.....	42
図 5-5 : ASCII 配列データの例.....	44
図 5-6 : Sequence Type Selection 画面.....	45
図 5-7 : Sequence Being Imported 画面.....	45
図 5-8 : Validation Errors 画面.....	46
図 5-9 : Select Sequences From Project 画面.....	47
図 5-10 : 2.1Project Import のブラウザウィンドウ.....	48
図 5-11 : PatentIn 2.1 Project リスト.....	48
図 5-12: Edit メニュー.....	49
図 5-13 : Sequence Recovery 画面.....	50
図 5-14 : Reorder Sequences 画面.....	51
図 5-15 : Custom Codon 入力画面.....	53
図 5-16 : Amino Acid ドロップダウンリストの画面.....	54
図 5-17 : Custom Organism 入力画面.....	55

図 5-18: Artificial Sequence/Unknown Organism コメント画面	56
図 6-1 : Features 画面	59
図 6-2 : Feature Names/Key 選択画面	61
図 6-3 : Modified Base を表示した Future Names/Key Selection 画面	62
図 6-4 : LIPID を表示した Future Names/Key Selection 画面	63
図 6-5 : MOF_RES が選択された Future Names/Key Selection 画面	64
図 6-6 : 最初の MOD_RES プルダウンリスト	65
図 6-7 : 2 番目の MOD_RES プルダウンリスト	66
図 7-1 : 文献の種類画面	68
図 7-2 : Journal 文献情報画面	69
図 7-3 : Database 文献情報画面	70
図 7-4 : Patent 文献情報画面	72
図 7-5 : Theses 文献情報画面	73
図 8-1 : Sequence Generation 画面	76
図 8-2: 2 番目の Sequence Generation 画面	77
図 8-3 : 結果表示画面	77
図 8-4 : PatentIn 3.1 ディスクへのコピー画面	78

セクション1

はじめに

セクション 1 はじめに

1.1 目的

PatentIn は、遺伝子配列に関する特許出願書類の作成を支援するソフトウェアです。PatentIn は、特許出願書類のデータを受け付け、そのデータの有効性を確認し、提出する配列表ファイルを作成します。本マニュアルでは、PatentIn の使用方法を説明します。

1.2 表記規則

本マニュアルでは、一貫した表記と標準キーボード操作を用います。

表 1-1：表記と意味

表記	意味	実例
	マウスによるコマンド処理	 ファイルメニューから Open を選択する
	キーボードによるコマンド処理	 編集フィールドに変更を入力する
太字	機能名、ファイル名、メニュー項目名、プログラミング構造名	 Exit をクリックする
	ユーザーへの情報	 注：このフィールドは必須です。

1.3 概要

PatentIn は、米国特許商標庁（United States Patent and Trademark Office：USPTO）に提出する核酸やポリペプチド配列を含む特許出願書類の作成を迅速化するために設計されたコンピュータープログラムです。

PatentIn は、世界知的所有権機構（WIPO）標準 ST.25、及び関連する米国規則『ヌクレオチド又はアミノ酸配列の明細書を含む特許出願の要件』が定める全ての形式に準拠します。PatentIn は、Windows 95、Windows 98、Windows NT、Windows 2000 で動作します。言語表記は、英語で行なわれます。PatentIn が作成する配列表は、ST.25 と互換性があるため、本プログラムは、世界中で適用可能です。

PatentIn は、簡単に利用できるように、Windows 標準のユーザーインターフェースに従ってデザインされています。

PatentIn には次のツールが装備されています：

- ・ 配列エディター

PatentIn の最も重要なツールは、配列エディターです。このツールを使えば、核酸とタンパク質配列表を入力・修正できるだけでなく、他のエディターやワードプロセッサで作成した大切な配列表ファイル（ASCII テキストファイルで保存されている場合に限る）も編集することができます。

PatentIn では、データを任意の順序で入力できるうえ、配列表のデータはいつでも追加、削除、修正することができます。さらに、部分的に完成したプロジェクトを保存し、後から仕上げることもできます。PatentIn では、特定の機械または装置に、プロジェクトを置いておいたり残しておく必要はありません。ユーザーは、クライアントが検討／更新できるよう、クライアントへファイルを自由に E メール送信または受信できます。

- **配列ジェネレータ**

特許出願書類に必要なデータを全て入力すると、PatentIn により出願書類が作成されます。出願書類は、コンピューターで読み取れ、ST.25 に準拠しているファイルで構成されます。このファイルには、作成される配列表ファイルも含まれます。

セクション 2

システム必要条件と PatentIn 3.1 入手方法

セクション 2

システム必要条件と PatentIn 3.1 入手方法

2.1 システム必要条件

PatentIn は、必要な全ての機能を内蔵したソフトウェアで、米国特許商標庁 (USPTO) のウェブサイトからダウンロードすることができます。Windows95/98/NT/2000 で動作します。メモリは、64MB 以上を推奨します。大きな特許出願書類を作成する場合は、それ以上のメモリが必要です。配列が 100,000 あったり、1,000,000 に近いような大規模なプロジェクトの場合は、最低でも 128MB のメモリが必要です。PatentIn 3.1.16 をインストールするためにはハードディスクに 3.2MB の空領域が必要です。プロジェクトのファイルや配列表ファイルの保存には、それ以上の空領域が必要です。PatentIn2.1 のプロジェクトロード機能を使用するためには、機能拡張がなされている Microsoft[®] Access が必要です (配列データファイルのロードは、この制約を受けません)。

PatentIn を正しく動作させるために、『TMP』環境変数は有効なディレクトリを指し、『PATH』環境変数で指定されるパスには DOS バックアップコマンドが含まれている必要があります。大部分の Windows はこの条件を満たすようにインストールされています。

① 非常に大きな配列や多数の配列を処理する場合の特別注：

PTO は非常に大きなテキストファイルを処理するビューアをウェブサイトに置いています。ビューアの 60 日間評価バージョンが www.fileviewer.com <<http://www.fileviewer.com>>からダウンロードできます。ビューアの名前は『V』、バージョンは 2000 SR-1 です。PTO は、60MB と 120MB のファイルでこれをテストし、『動作良好』でした。ビューアは、ほぼ全てのサイズのファイルを管理できます。PTO は、テストにはラップトップ型 PC、Windows 98 を利用しました。(インストールには LocalAdmin が必要です。)

2.2 PatentIn 3.1 入手方法

PatentIn は、個人ユーザーの PC やネットワーク構成の PC にインストールするよう設定されています。

これは、USPTO のウェブサイトからダウンロードすることができます。入手先の URL は <http://www.uspto.gov/web/offices/pac/patin/patentinv31.htm> です。ウェブページの指示に従って PatentIn 3.1 をダウンロードし、ユーザーの PC にインストールしてください。インストールが完了すると、デスクトップ上にアイコンが

置かれます。アイコンをダブルクリックすれば、PatentIn 3.1 ソフトウェアを利用できます。

セクション 3

起動

セクション 3 起動

3.1 配列画面

デスクトップ上の PatentIn 3.1 アイコンをダブルクリックして、PatentIn を起動すると、配列画面がすぐに表示されます。

配列画面（図 3-1）がメイン画面です。

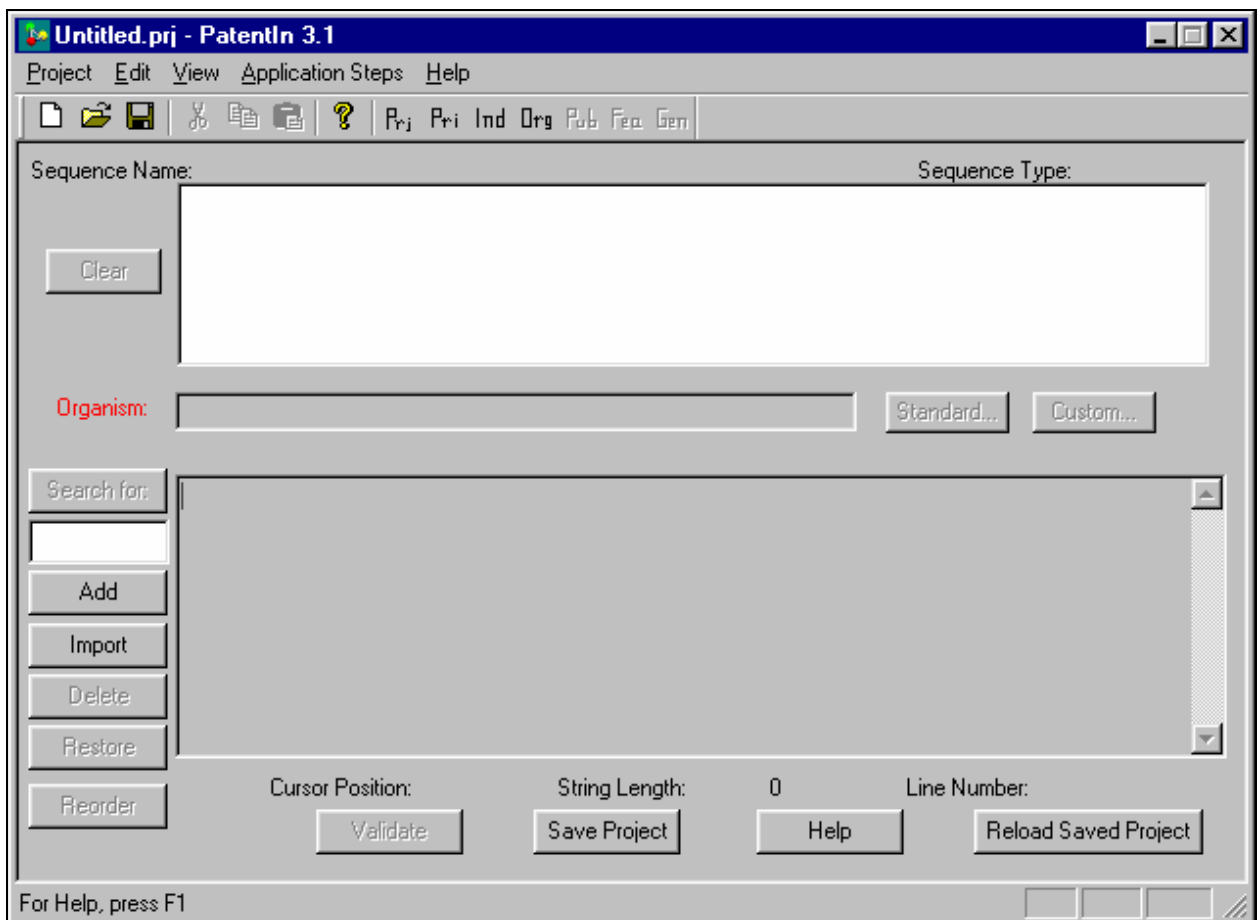


図 3-1 : 配列画面

配列画面（図 3-1）上には、5つのドロップダウンメニューがあります。そのうち3つのメニュー、Project、Application Steps、Helpからは、リアルタイムにシステムインタフェースにアクセスできます。あとの2つ、EditとViewは、一般的なMicrosoft® Windowsのメニューと同じです。プロジェクトは、3つのドロップダウンメニューのどれからでも開始することができます。PatentInでは、開始時に『Untitled』というタイトルの空白のプロジェクトが提示されます。Projectメニューから、既存のプロジェクトを開くこともできます（図 3-2）。

3.2 プロジェクトメニュー

プロジェクトメニュー（図 3-2）では、プロジェクトを作成し、保存することができます。『Save』を選択すると、Save As 画面が表示されます（図 3-3）。ここで、新規プロジェクトに名前を付けて保存します。『Open』を選択すると、Open 画面が表示されます（図 3-4）。ここですでに保存してあるプロジェクトを選択して開くことができます。『Exit PatentIn 3.1』を選択すると、ソフトウェアは終了します。プロジェクトを開いたり、ファイルを表示するメニュー項目は、利用できない場合にはグレーになっています。

下図は、プロジェクトメニュー（図 3-2）の選択項目です。プロジェクトメニューの下に選択できるメニュー項目が表示され、画面左上にアクティブ化しているプロジェクト名が表示されます。下図の Untitled は、まだプロジェクトを開いていないか、プロジェクトが保存されていないことを示しています。

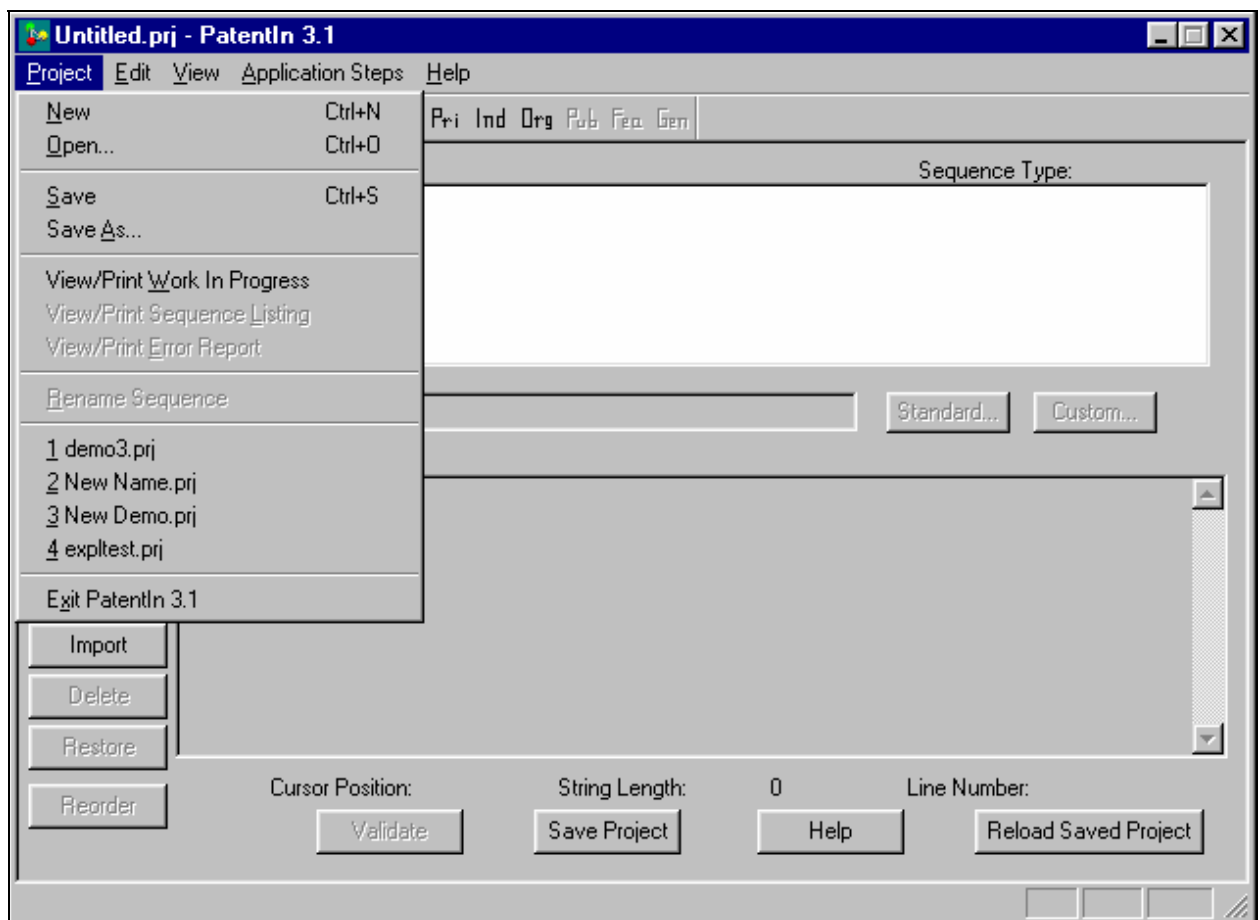


図 3-2 : プロジェクトメニュー

3.3 新規プロジェクトの作成と保存

新規プロジェクトの作成と保存方法：

メイン画面である配列画面を開いて、新規ファイルの作成を開始します。

1. **Project** メニューから **New** を選択すると、現在のプロジェクトデータが全てクリアされます。
2. **Project** メニューから **Save** を選択すると、**Save As** 画面（図 3-3）が表示されます。
3. **File Name** ダイアログボックスに新規ファイル名を入力してください。
4. **Save** をクリックすると、新規ファイルが作成されます。
5. 画面左上に新規プロジェクト名が表示されます。

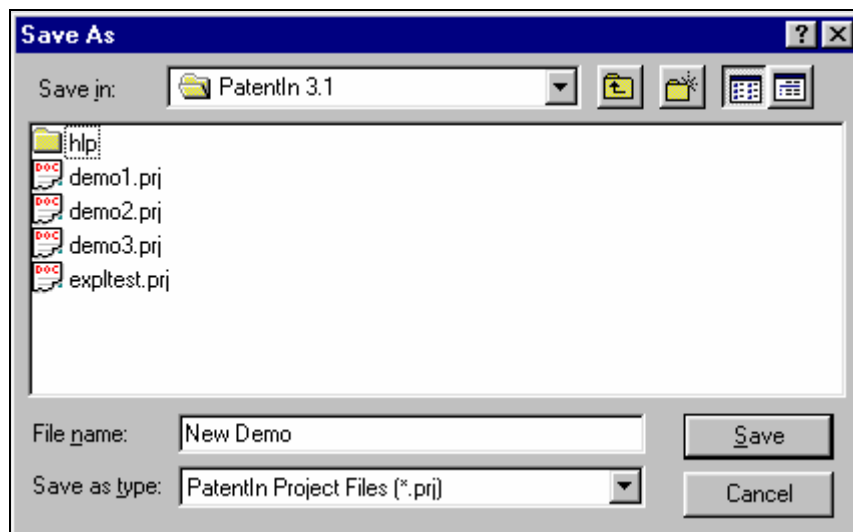


図 3-3 : Save As 画面

① 注： **Save** および **Save As** では、プロジェクトファイル (*.prj) しか保存しません。プロジェクトが作成されると、生成された配列表がテキストファイルで保存されます。このファイルは、プロジェクトファイルと同じファイル名で保存されます(ファイル名：『プロジェクトファイル名 ST25.txt』となります。)

3.4 プロジェクトを開く

既存のプロジェクトを開く方法：

1. **Project** メニューの **Open** を選択すると、**Open** 画面 (図 3-4) が表示されます。
2. ファイルの置かれているディレクトリを開いてください。
3. 開きたいファイル名をダブルクリックしてください。
4. メイン画面に戻ります。**PatentIn** の画面左上に開いたプロジェクトの名称が表示され、そのプロジェクトがアクティブ化したことを示します。

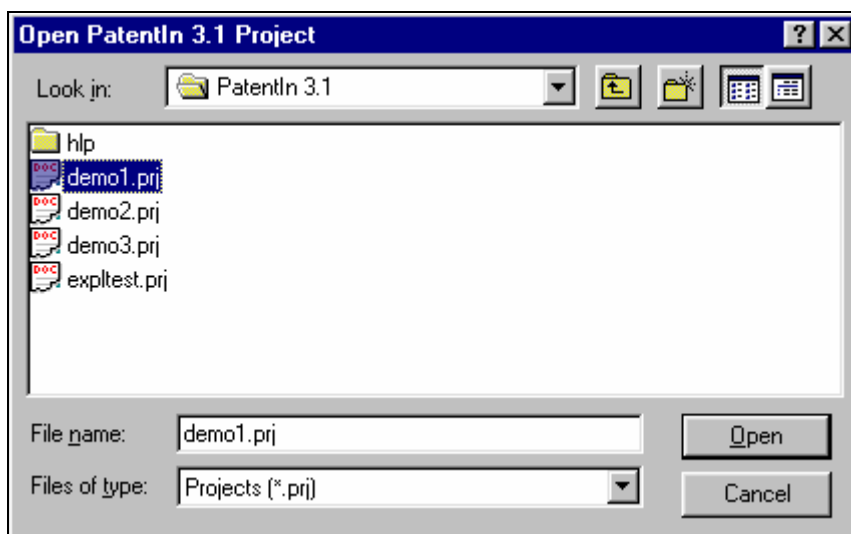


図 3-4 : Open 画面

① 非常に大きな配列および/または多数の配列を処理する場合の特別注：

大きなプロジェクトをメモリからクリアするには、多少の時間がかかります。プロジェクトをすぐに開き直す場合、特に注意してください。

3.5 プロジェクトの保存

プロジェクトの保存方法：

プロジェクトを初めて保存する場合、ファイル名を入力するように自動的に指示されます。

1. **Project** メニューの **Save** を選択してください。プロジェクトに名称が付けられていないと、**Save As** 画面（図 3-5）が表示されます。名称が付けられている場合は、その名称で保存されます。
2. ファイルを保存するディレクトリを選択してください。
3. **File Name** ダイアログボックスに新しいファイル名を入力してください。
4. **Save** をクリックすると、新しいファイル名でプロジェクトが保存されます。
5. **PatentIn** のメイン画面に戻ります。画面の左上に新しい名称が表示され、そのプロジェクトがアクティブ化したことを示します。

ファイル名を変えて保存する方法：

1. **Project** メニューの **Save As** を選択してください。**Save As** 画面（図 3-5）が表示されます。
2. ファイルを保存するディレクトリを選択してください。
3. **File Name** ダイアログボックスに新しいファイル名を入力してください。
4. **Save** をクリックすると、新しいファイル名でプロジェクトが保存されます。
5. **PatentIn** のメイン画面に戻ります。画面の左上に新しい名称が表示され、そのプロジェクトが有効になったことを示します。

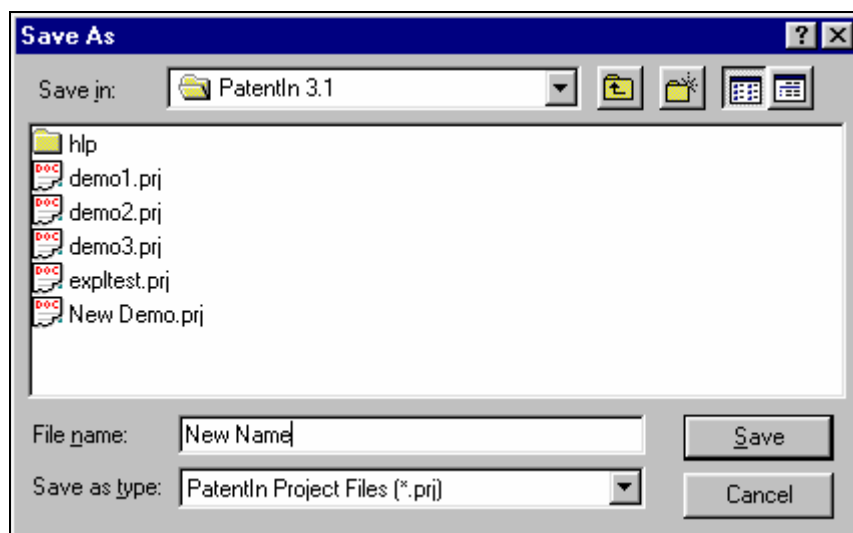


図 3-5 : Save As 画面

3.6 ワークファイルの表示

ワークファイルを作成して、現在の作業の進行状況を表示することができます。ワークファイルを利用すれば、個々の画面を見なくても、一度にプロジェクト全体のデータを表示させることができます。配列表とワークファイルを混同しないよう、注意してください。

ワークファイルを表示する方法：

Project メニューの **View/Print Work in Progress** を選択してください。

i注：このワークファイルは、**Create Work File** を選択して作成したものです。

3.7 進行状況の表示

PatentIn では、View Work in Progress ウィンドウ（図 3-6）に特許出願書類を表示することができます。

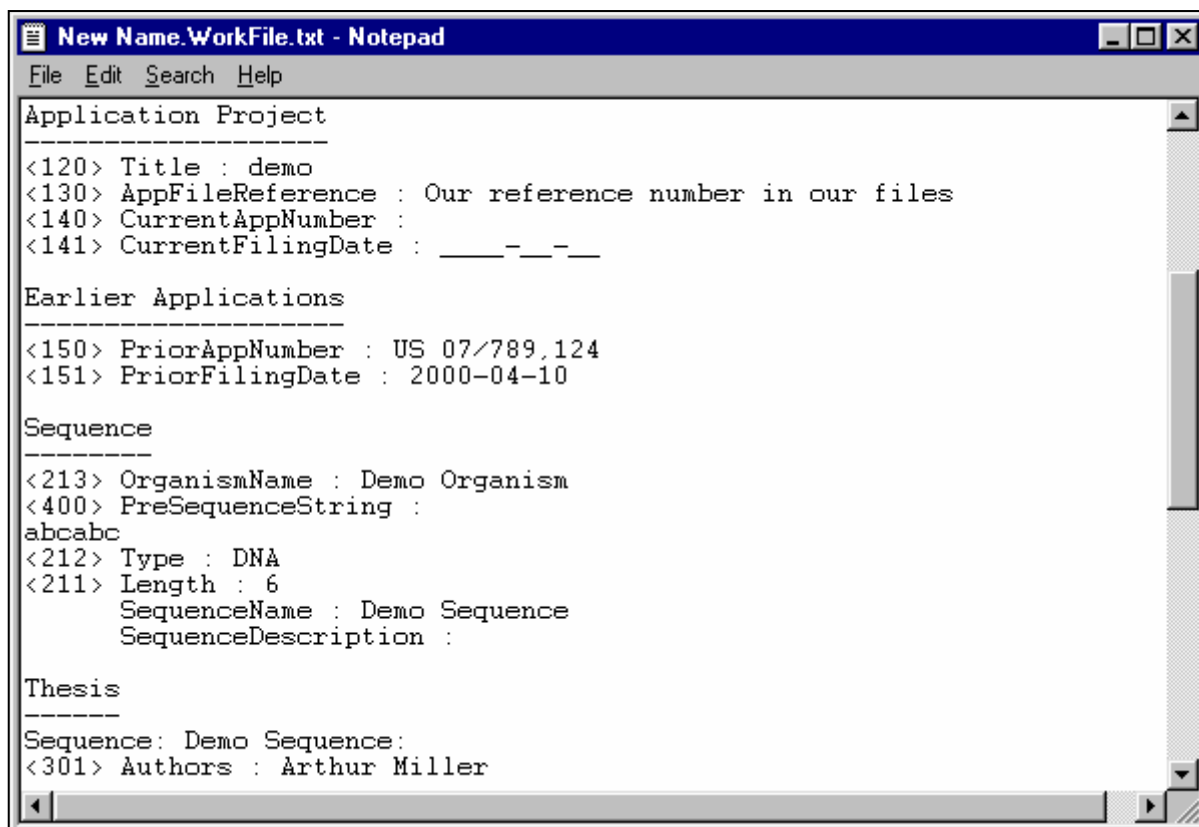


図 3-6 : View Work in Progress ウィンドウ

現在の特許出願を表示する方法：

1. Project メニューから **View Work in Progress** を選択してください。
2. エラーレポートを印刷するときは、**File** をクリックし、次に **Print** をクリックしてください。
3. 画面を閉じるときは、**File** をクリックし、次に **Exit** をクリックしてください。

3.8 配列表の表示

View Sequence Listing ウィンドウ (図 3-7) に、配列表を表示することができます。

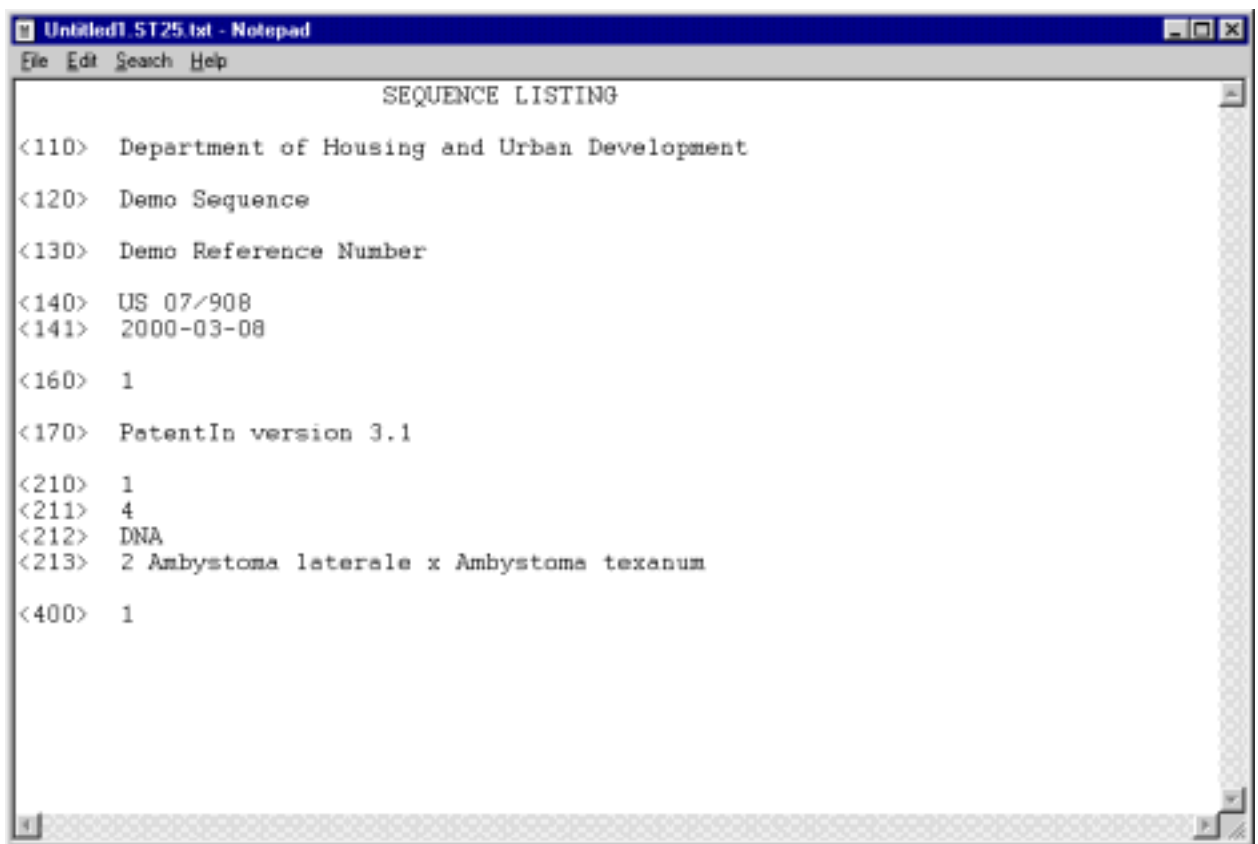


図 3-7 : View Sequence Listing ウィンドウ

配列表を表示する方法 :

1. Project メニューから **View Sequence Listing** を選択してください。
2. エラーレポートを印刷するときは、**File** をクリックし、次に **Print** をクリックしてください。
3. 画面を閉じるときは、**File** をクリックし、次に **Exit** をクリックしてください。

①注 : 最初に配列を作成する必要があります。

3.9 エラーレポートの表示

PatentIn では、開いているプロジェクトにエラーレポートがある場合、それを View Error Report ウィンドウ（図 3-8）に表示することができます。

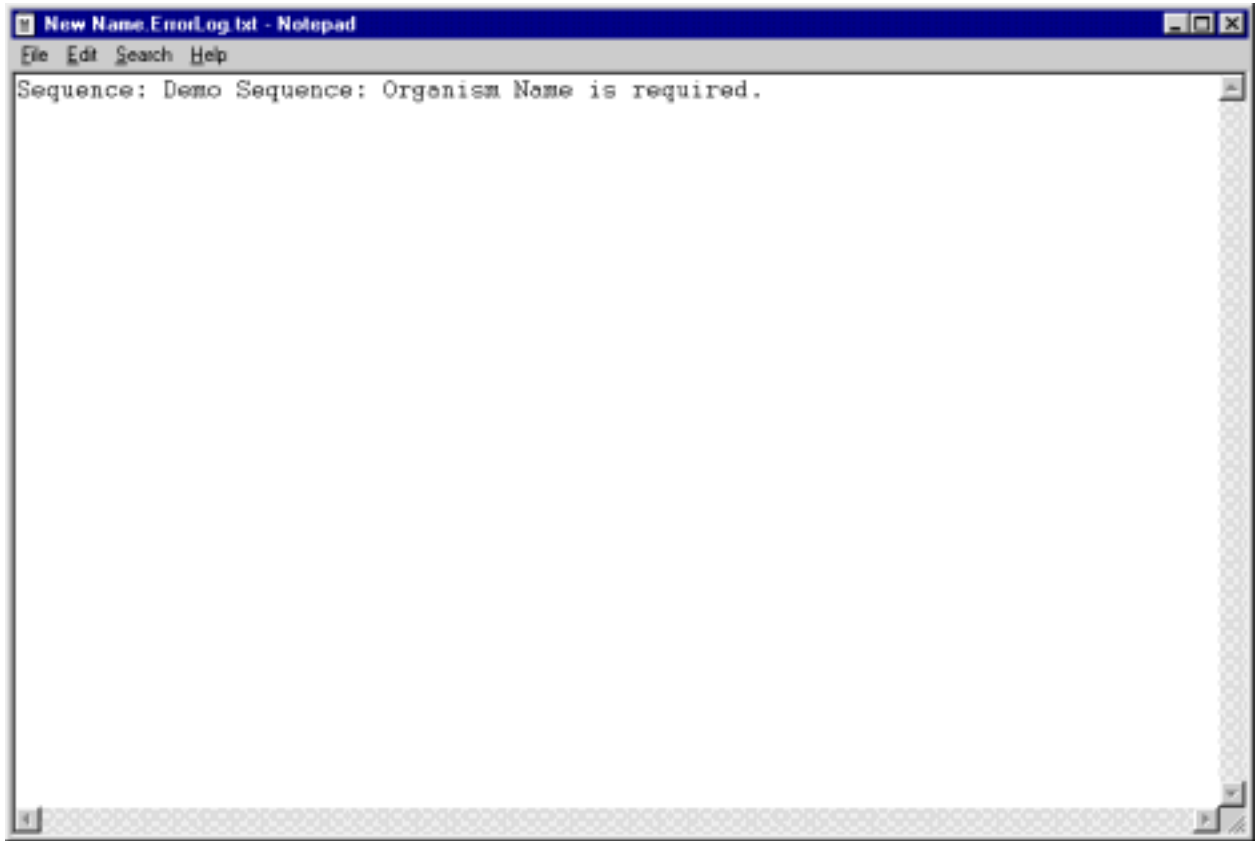


図 3-8 : View Error Report ウィンドウ

エラーレポートを表示する方法：

1. Project メニューから **View Error Report** を選択してください。
2. エラーレポートを印刷するときは、**File** をクリックし、次に **Print** をクリックしてください。
3. 画面を閉じるときは、**File** をクリックし、次に **Exit** をクリックしてください。

3.10 配列を別の名前で保存する

PatentIn の新機能は、配列名を変更できることです(図 3-9)。

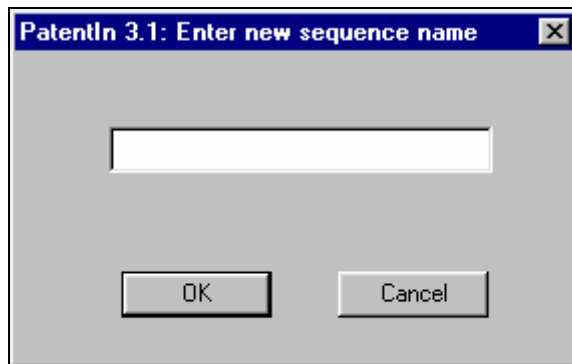


図 3-9 : Rename Sequence 画面

1. **Rename Sequence** ウィンドウを開きます。**Rename Sequence** をクリックしてください。
2. Project メニューから、**Rename Sequence** を選択してください。
3. 新しい規配列名を **Rename Sequence** ダイアログボックスに入力してください。
4. **OK** ボタンをクリックしてください。

3.11 PatentIn の終了

現在のプロジェクトを保存していない場合、Exit PatentIn 画面 (図 3-10) でプロジェクトを保存するかどうか聞かれます :

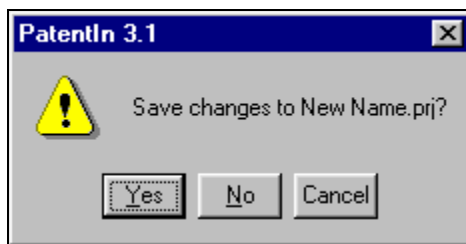


図 3-10 : Exit PatentIn 画面

3.12 オンラインヘルプの使い方

PatentIn では、画面上でオンラインヘルプを利用できます。Help 画面では、F1 キーまたはヘルプボタンを押すと、標準的なヘルプ画面が表示されます (図 3-11)。以下の例は、配列画面 (図 3-1) から入手できるヘルプ画面です。

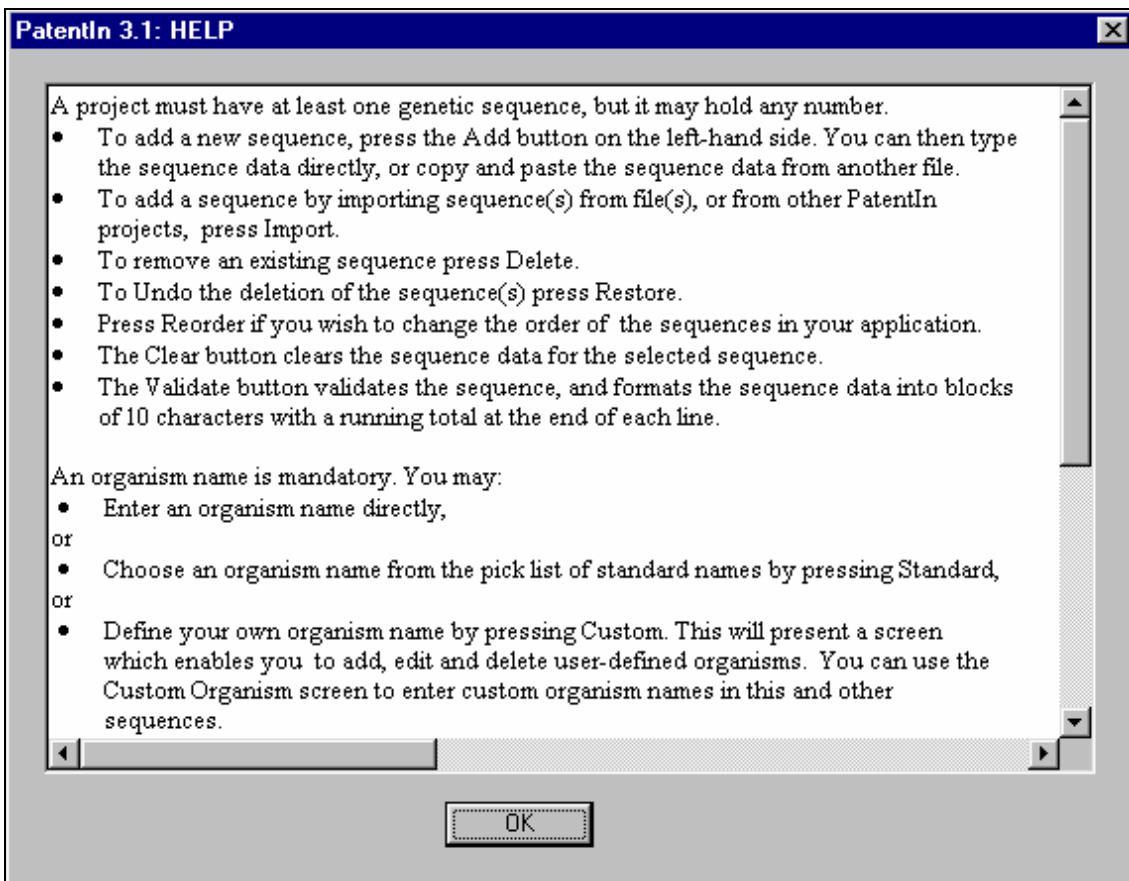


図 3-11 : Help 画面

1. Help 画面を閉じたいときは、**OK** ボタンをクリックしてください。

3.13 Message Dialog

Message Dialog 画面（図 3-12）は、画面の入力エリアにデータを入力せずに動作ボタン（セクション 4、プロジェクトと出願者データで説明する Add など）を押した場合に表示されます。

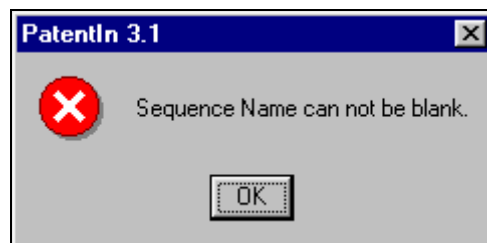


図 3-12 : Message Dialog 画面

セクション4

プロジェクトと出願者データ

セクション 4 プロジェクトと出願者データ

配列表のデータファイルが作成されると、データを追加することができます。

4.1 Application Steps メニュー

Application Steps メニュー（図 4-1）の選択項目は、プロジェクトを開始したり、プロジェクトを作成・選択した場合に有効となります。画面左上にはプロジェクト名が表示されます。下図の例では、既存のファイルを開いたため、New Name というプロジェクト名が表示されています。

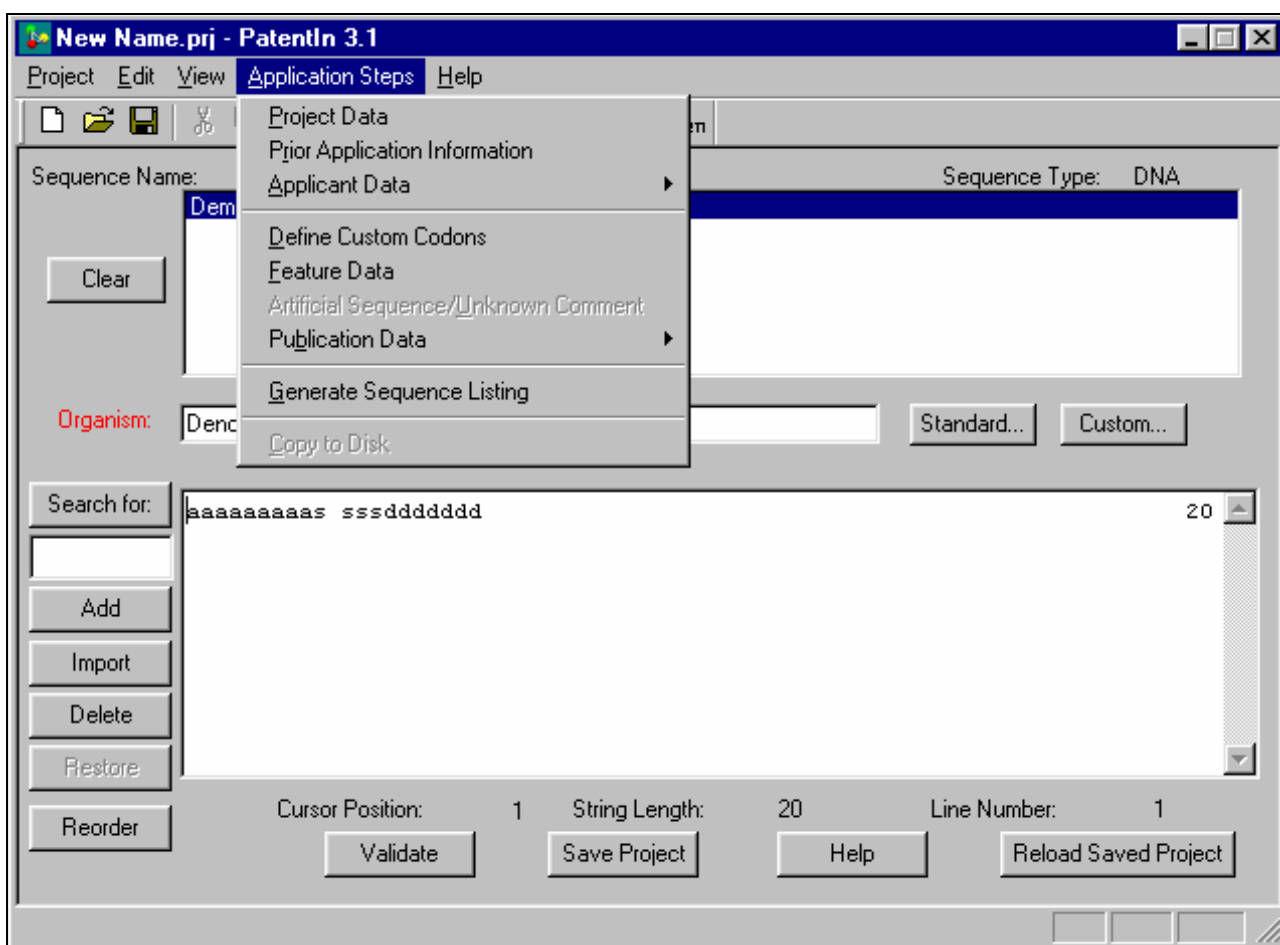


図 4-1 : Application Steps メニュー

4.2 Project Data

Project Data 画面（図 4-2）には、新発明に関するデータを識別するための入力フィールドが表示されます。これは、発明の名称と出願日を確認する重要なデータです。

①注：必須項目（Title of Invention および Application File Reference）は赤で表示されます。

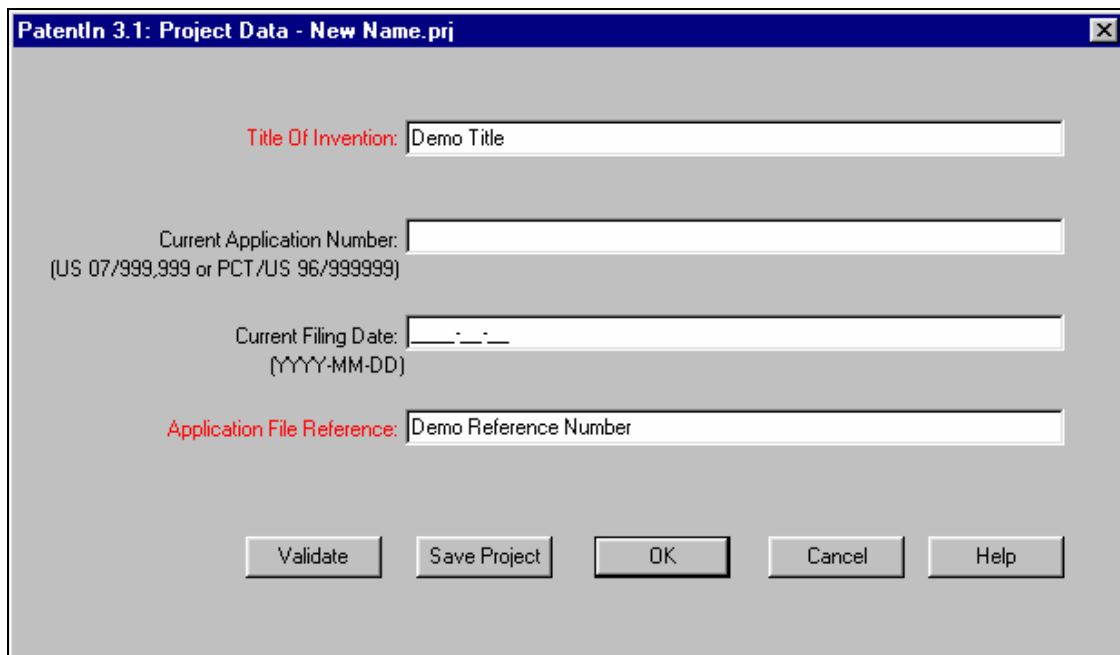








図 4-2 : Project Data 画面

Project Data の入力方法 :

1.  **Title of Invention** を入力してください。これは必須項目です。
2.  **Current Application Number** がある場合は入力してください。願書を入力する場合、Current Filing Date は必須です。
3.  **Current Filing Date** を入力してください。YYYY-MM-DD という形式で数字を使って入力してください。
4.  Application File Reference を入力してください。
5.  **Validate** をクリックして、入力したデータを有効にしてください。
6.  **Save Project** ボタンをクリックして、データを保存してください。

4.3 Prior Application Information


先願データは、出願記録のどこにあっても審査官が利用できるため、その入力
は任意です。先願は、いくつでも **Prior Application Information** 画面（図 4 - 3）
に入力することができます。入力したデータは、**Prior Application** 画面に入力順
に一覧表示されますので、任意のデータを選択して編集したり、削除したりす
ることができます。

Item	Application Number	Filing Date
1	US 07/789.124	2000-04-10

図 4-3 : Prior Application Information 画面

Prior Application データの入力方法 :

1. **Prior Application Number** を入力してください。Prior Application Number を入力すると、Prior Application Date が必須となります。
2. **Prior Application Filing Date** を入力してください。日付は YYYY-MM-DD という形で数字を使って入力してください。
3. **Edit Prior Application** エリアのデータをクリアするときは、**Clear** をクリックしてください。
4. リストにデータを挿入するときは、挿入したいデータ項目を選択し、**Prior Application Number** と **Prior Application Filing Date** を入力してから、**Insert**

- ボタンをクリックしてください。
5. リストのデータを更新するときは、項目を選択し、 **Prior Application Number** と **Prior Application Filing Date** を入力してから、 **Replace** ボタンをクリックしてください。
 6. リストからデータを削除するときは、項目を選択して、 **Delete** ボタンをクリックしてください。
 7. 入力したデータを有効にするときは、 **Validate** をクリックしてください。表に入力したデータが有効になります。まだ挿入していない編集エリアのデータは、有効ではありません。
 8. データを保存するときは、 **Save Project** ボタンをクリックしてください。
 9. 有効にして閉じるときは、 **OK** ボタンをクリックしてください。



PatentIn の新機能 : PatentIn 3.1 では、**OK** ボタンをクリックすると、編集フィールドのデータと選択されているデータ項目とが異なれば、編集フィールドのデータがリストに挿入されます。

4.4 Applicant Data

Sequence 画面 (図 4-4) には、Individual (個人) 出願者と Organizational (組織) 出願者の情報を入力する画面があります。Application Steps メニューから Applicant Data を選択し、次のメニューから Individual か Organization を選択してください。Individual を選択すると、Individual Applicants 画面 (図 4-5) が表示されます。Organization を選択すると、Organization Applicants 画面 (図 4-6) が表示されます。

4.4.1. Individual Applicant

Individual Applicants 画面（図 4-5）では、個人出願者のデータを入力することができます。配列表には出願者名のみが表示されますが、ユーザーが使用しやすいように、他の情報を書き込むスペースが設けられています。

i 注：赤で表示されているフィールド（Last Name と First Name）は必須項目です。


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


図 4-5 : Individual Applicants 画面

Individual Applicant データの入力方法 :

1. **Applicant Steps** メニューから **Applicant Data** を選択し、次に **Individual** を選択してください。
2. **Last Name** (名字) を入力してください。
3. **名前**に **Suffix** がある場合 (Jr.や III など) 入力してください。
4. **First Name** を入力してください。

5.  Middle Initial を入力してください。
6.  Street Address、City、State/Province、Country、Zip/Postal Code、Phone Number、Fax Number、Electronic Mail Address を入力してください。
7. Individual Applicant のデータをクリアするときは、 **Clear** をクリックしてください。
8. リストにデータを挿入するときは、 挿入したいデータの項目をクリックし、 **Edit Individual Applicant** にデータを入力してから、 **Insert** ボタンをクリックしてください。
9. リストの入力データを更新するときは、 項目を選択し、 **Edit Individual Applicant** にデータを入力してから、 **Replace** ボタンをクリックしてください。
10. リストの入力データを削除するときは、 リストから項目を選択して、 **Delete** ボタンをクリックしてください。
11. 入力したデータを有効にするときは、 **Validate** ボタンをクリックしてください。表に入力したデータが有効になります。編集エリアのデータは、挿入しないと有効になりません。
12. 有効にして閉じるときは、 **OK** ボタンをクリックしてください。
13. 別の出願者を表に追加するときは、ステップ 2～12 を繰り返してください。

 注：なお、電話番号、ファックス番号および郵便番号は、必須項目ではありません。

 PatentIn の新機能：PatentIn 3.1 では、**OK** ボタンをクリックすると、編集フィールドのデータと選択されているデータ項目とが異なれば、編集フィールドのデータがリストに挿入されます。

4.4.2. Organization Applicants

Organization Applicants 画面（図 4-6）では、組織出願者のデータを入力することができます。個人出願者同様、配列表には組織出願者名のみが表示されますが、ユーザーが使用しやすいように、他の情報を書き込むスペースが設けられています。

PatentIn 3.1: Organization Applicants - New Name.prj

Edit Organization Applicant

Organization:

Street Address:

City: State / Province:

Country: Zip Code:

Phone Number: Fax Number:

Electronic Mail Address:

Applicant List:

Item	Organization Name	Phone Number

Buttons: Clear, Insert, Replace, Delete, Validate, Save Project, OK, Cancel, Help

図 4-6 : Organization Applicants 画面

Organization Applicant データの入力方法 :

1. **Applicant Steps** メニューから **Applicant Data** を選択し、次に **Organization** を選択してください。
2. Organization 名を入力してください。
3. Street Address、City、State/Province、Country、Zip/Postal Code、Phone Number、Fax Number、Electronic Mail Address を入力してください。
4. Edit Organization Applicant エリアのデータをクリアするときは、**Clear** をクリックしてください。
5. リストにデータを挿入するときは、挿入したいデータの項目をクリックし、**Edit Organization Applicant** にデータを入力してから、**Insert** ボタンをクリックしてください。
6. リストの入力データを更新するときは、項目を選択し、**Edit Organization Applicant** にデータを入力してから、**Replace** ボタンをクリックしてください。
7. リストの入力データを削除するときは、リストから項目を選択して、**Delete** ボタンをクリックしてください。

8. 入力したデータを有効にするときは、☞ **Validate** ボタンをクリックしてください。表に入力したデータが有効になります。編集エリアのデータは、挿入しないと有効になりません。
9. ステップ 2~9 を繰り返して、全ての **Applicant** データを含めてください。
10. 有効にして閉じるときは、☞ **OK** ボタンをクリックしてください。

① 注：なお、電話番号、ファックス番号および郵便番号は、必須項目ではありません。

① **PatentIn** の新機能：PatentIn 3.1 では、**OK** ボタンをクリックすると、編集フィールドのデータと選択されているデータ項目とが異なれば、編集フィールドのデータがリストに挿入されます。

セクション5

配列データ

セクション 5 配列データ

5.1 配列

配列画面（図 5-1）は、配列を作成・修正する画面です。この画面で、ユーザーのコードンや生物名を作成したり、編集したりすることができます。また、検索機能も用意されており、遺伝子配列を入力してこのプロジェクトのファイルを検索することができます。この画面は PatentIn を起動すると最初に表示されます。

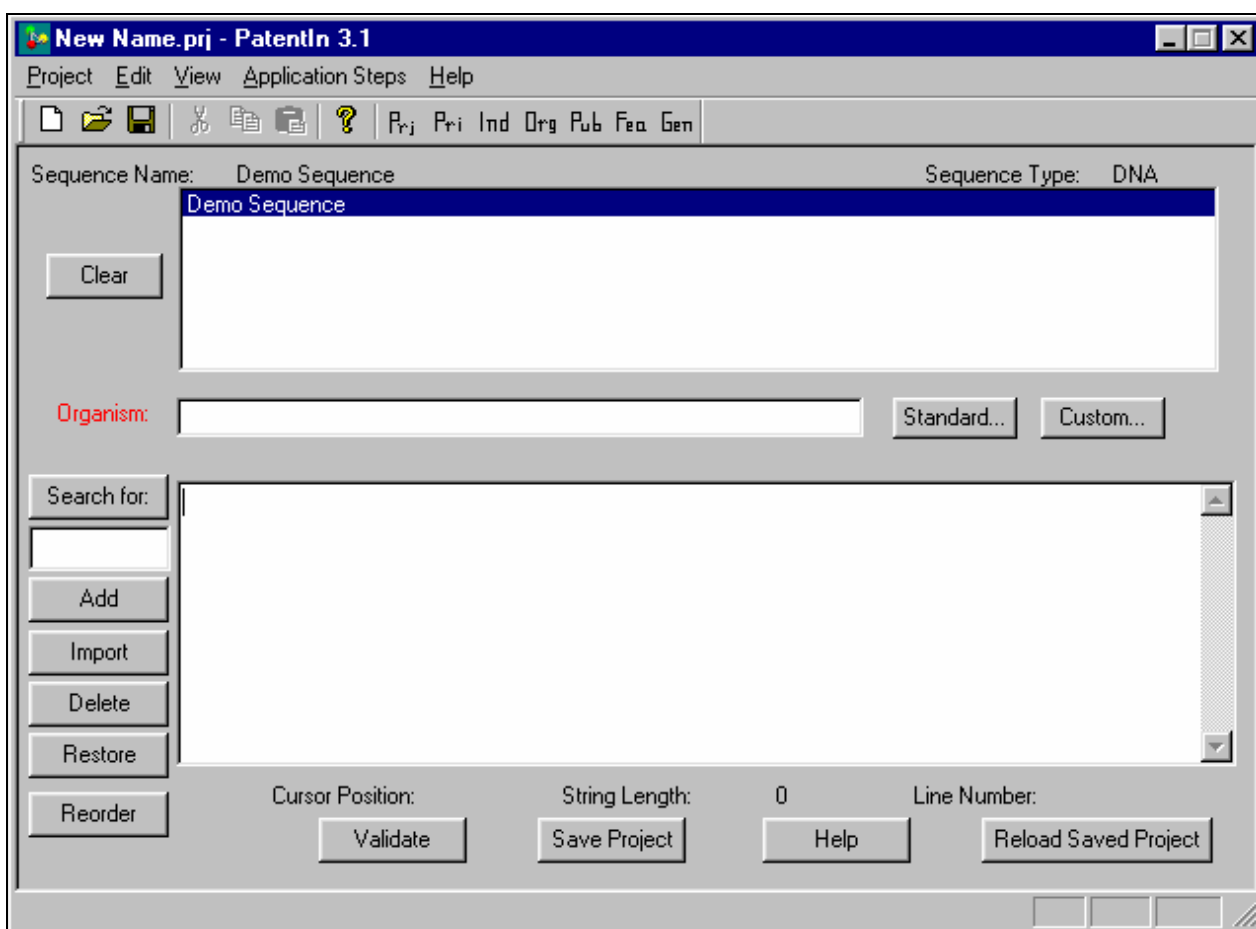


図 5-1 : 配列画面

①注：新規配列を入力する前に、配列名を入手しなければなりません。セクション 5.2 を参照のこと。

編集する配列の選択方法：

④配列のリストから配列名を 1 つ選択してください。

以下の配列の特徴が表示されます：

Cursor Pos カーソルの現在位置を示します。配列がない場合このフィールドは空欄です。

String Length 配列の長さを示します。

Line Number カーソルが置かれている配列頭の行番号を示します。

5.1.1 標準生物名の選択

この画面（図 5-2）では、共通の生物名から特定の生物名を選択することができます。名称の一部を入力して検索することもできます。

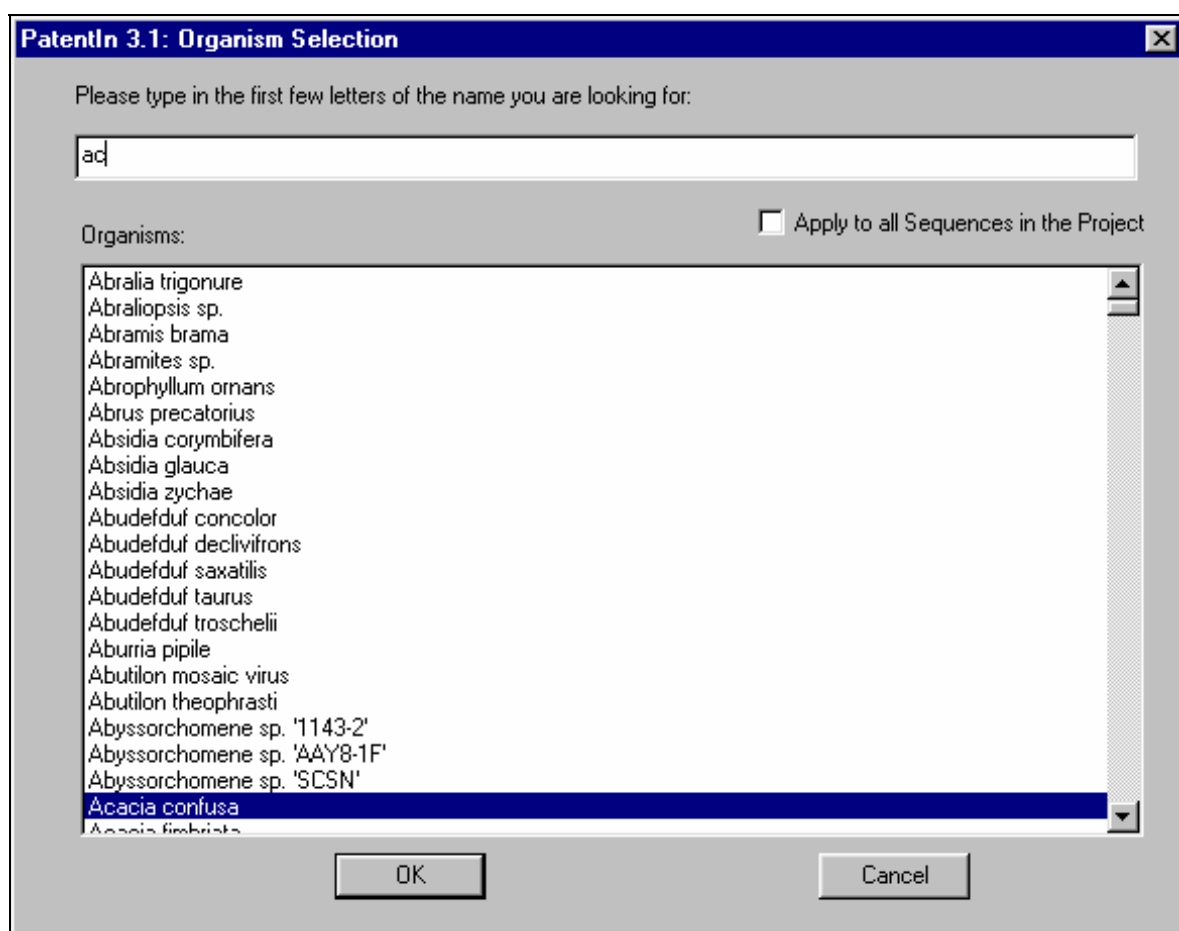


図 5-2 : Selecting an Organism 画面


生物名の選択方法：


1. **Standard** ボタンをクリックしてください（図 5-1）。
2. 必要な生物名の最初の何文字かを入力してください。
3. **Apply to all Sequences in the Project** チェックボックスをクリックすると、プロジェクトに表示されている配列すべてにこの生物名を付けることを有効又は無効にすることができます。

4. **OK** ボタンをクリックすると、選択した生物名が表示されます。

5.1.2 配列の検索

配列の検索方法：

1. **Search for** ボタンの下の編集フィールドに、配列の部分文字列（特徴部分など）を入力してください（図 5-1）。
2. **Search** ボタンをクリックしてください。現在のカーソル位置から見て、入力した部分配列が最初に現れる位置に、カーソルが移動します。

注：1 回の検索は 60 文字までです。

5.1.3 画面のクリア

1. 選択した特定の配列が表示されている画面すべてをクリアするときは、**Clear** ボタン（図 5-1）をクリックしてください。

5.2 配列の追加

配列画面の **Add** ボタン（図 5-1）では、配列名を入力し、ラジオボタンのリスト（図 5-3）から配列の型を選択することができます。

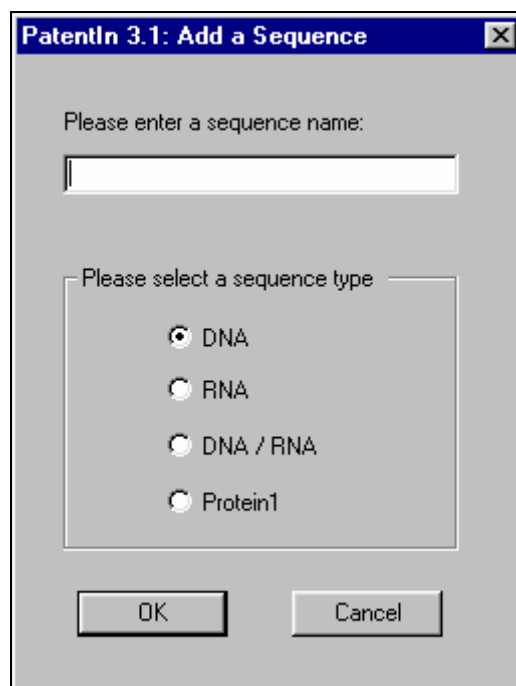


図 5-3 : Add A Sequence 画面

配列の追加方法：

1. 配列画面から、**Add** ボタンを選択してください。Add a Sequence 画面が表示されます（図 5-3）。

2. 画面上のダイアログボックスに配列名を入力してください。
3. 該当する配列の型のラジオボタンをクリックして、配列の型を選択してください。
4. OK をクリックして下さい。

画面下の編集フィールドに配列を入力することができます。Windows 95 では、最大約 6,400 文字まで、フィールドに表示できます。Windows NT、Windows 98、Windows 2000 では、1,000,000 文字以上表示することができます。

配列エディターではなく、インポートファイルを使ってこの制限ぎりぎりで作業し、配列を作成・編集することができます。

5.3 配列のインポート

配列画面の **Import** ボタン (図 5-1) を使って、複数の配列をインポートすることができます。インポート元は、file、project、または 2.1project の、3つのラジオボタンのいずれかから選択します。

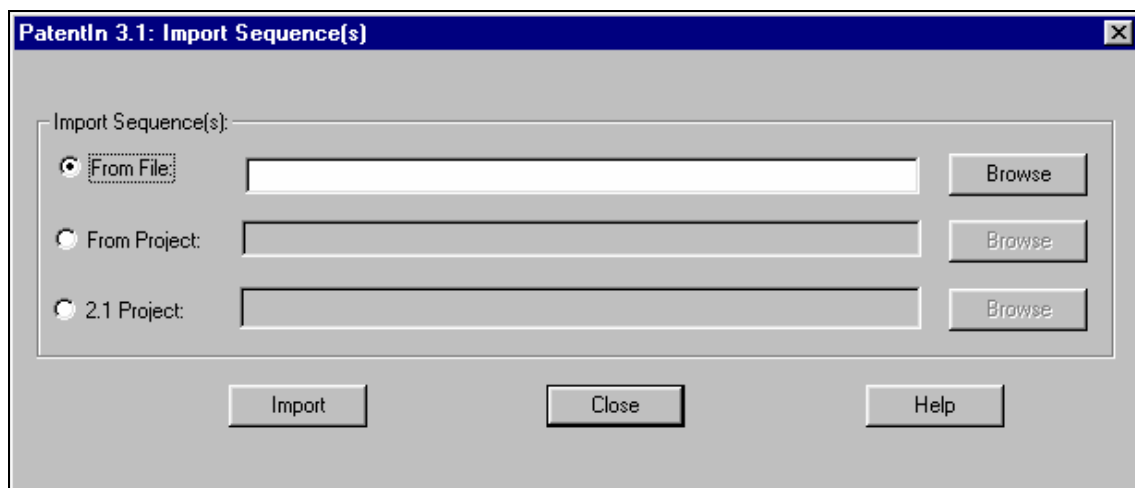


図 5-4 : Import Sequence(s)画面

1. テキストファイルの配列を使うときは、Sequence 画面の **Import** ボタンをクリックしてから、**From File** ラジオボタン (5.3.1 を参照) をクリックしてください。
2. 他のプロジェクトの配列を使うときは、Sequence 画面の **Import** ボタンをクリックしてから、**From Project** ラジオボタンをクリックしてください (5.3.3 を参照)。
3. PatentIn2.1 のプロジェクトの使用には、Sequence 画面の **Import** ボタンをクリックします。次に **2.1Project** ラジオボタンをクリックしてください (5.3.4 を参照)。

4. ファイルフォルダーとファイル名を参照したいときや複数ファイルを選択したいときは、ラジオボタンの **Browse** ボタンを使ってください。

①注：2.1Project のインポートには、別のソフトウェアのインストールが必要です。セクション 5.3.4.を参照してください。

①注：Protein/3 については、インポート元のテキストファイルは、付録 D 「ヌクレオチドトリプレット（コドン）と、1文字および3文字アミノ酸コードの変換」の「PRT/3」列に記載したアミノ酸省略名しか収録していません。PRT/3 の文字列はその後に配列エディタで使用するために PRT/1 の記号に変換されます。

5.3.1 PatentIn3.1 がインポートするマルチ配列データのファイル形式

配列ファイルは、1つ以上の配列を含む ASCII テキストファイルです。各マルチ配列データファイルの初めには、セクション 5.3.1.1 に記されているように、次の形式の見出しを付けます。見出しを空白にすることはできません。

5.3.1.1 配列見出し

見出しは、必ず一行以内にしてください（表 5-1）。

<配列名；配列の型；生物名>

表 5-1：配列の見出し

配列名	配列の名称
配列の型	次の中から 1 つを選択します： <ul style="list-style-type: none"> • DNA • RNA • DNA/RNA • Protein/1 • PRT • PRT/1 • PRT • Protein/3 • PRT/3 • PRT3
生物名	生物の名称。任意。省略する場合、見出しは次のようになります： <配列名；配列の型；>

①注：セミコロンで区分されていることに注意が必要です。セミコロンは、必須です。

5.3.1.2 配列データ

配列データは、見出しのすぐあとに続けます。配列データは、配列の型に応じた文字列で、複数行にわたることができます。間にスペースを入れることはできません。スペースを入れると、配列データが終ったこととなります。

配列データは、1つ以上のスペースを入れるか、次の見出しを始めることによって終了させます。配列データの最後と次の配列データの最初は、1行以上の空行で区切ることができます。

下図は、2つの配列を収録した ASCII 配列データファイルの例です (図 5-5) :

```
< First Sequence;DNA;Abies alba>
ttttcttattgtttctcctactgcttatcataatgattgtcgtagtggcttcctcatcgt
ctccccaccgcctaccacaacgactgccgcagcggattactaatagtatcaccaacagc
ataacaaaaagaatgacgaagagggttgctgatggtgtcgccgacggcgtagcagaagga
gtggcggagggg

< Second Sequence;RNA; >
uuuuuuuuuuuuuuccuacugcuuaucauaauggauugucguaguggcuuccucaucgu
cucucccaccgccuaccacaacgacugccgcagcggauuacuaauaguaucaccaacagc
auaacaaaaagaaugacgaagagggguugcugauggugucgccgacggcguagcagaagga
guggcggagggg
```

図 5-5 : ASCII 配列データの例

5.3.2 PatentIn 3.1 でインポートする単一配列データファイル

配列ファイルは、ASCII テキストファイルです。これには1つ以上の配列が収録されています。単一配列データファイルには、配列表見出しは必要ありません。見出しが見当たらない場合、ユーザーが配列の型を照会すると (図 5-6)、ファイルが単一配列データファイルかどうか分かります。

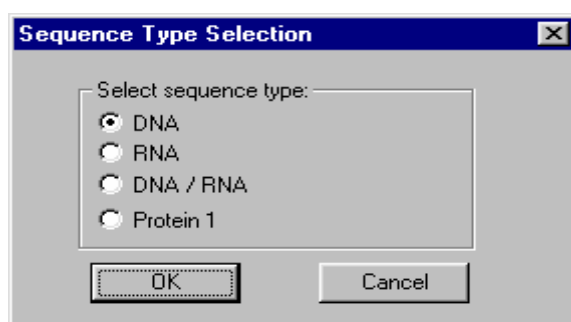


図 5-6 : Sequence Type Selection 画面

① 注: PatentIn 2.1 の ASCII テキストファイルでは、配列ファイルの拡張子は、「.gbs」が使用されました。

配列の特徴のインポートが行なわれている間、画面にはその時点で分析された配列の合計数が表示されます。下記の図 5-7 は、SEQ1000.txt というマルチ配列ファイルが表示されています。この画面では、この時点で 513 配列が分析されています。

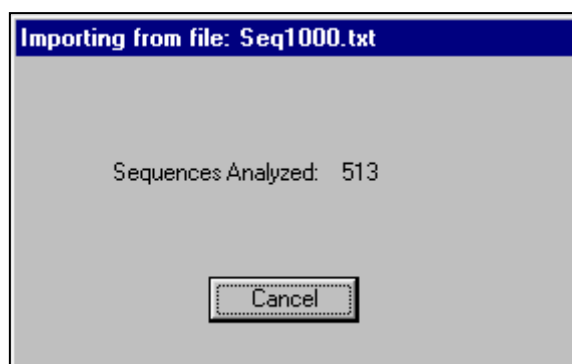


図 5-7 : Sequences Being Imported 画面

エラーになった場合、Validation Errors の画面が表示されます。下記の例では (図 5-8)、singlefilenoheader というファイルが、Protein 1 でなく DNA と特定されています。Nucleo は、配列ではなく、実際はヌクレオチドの名前が記されているファイルです。

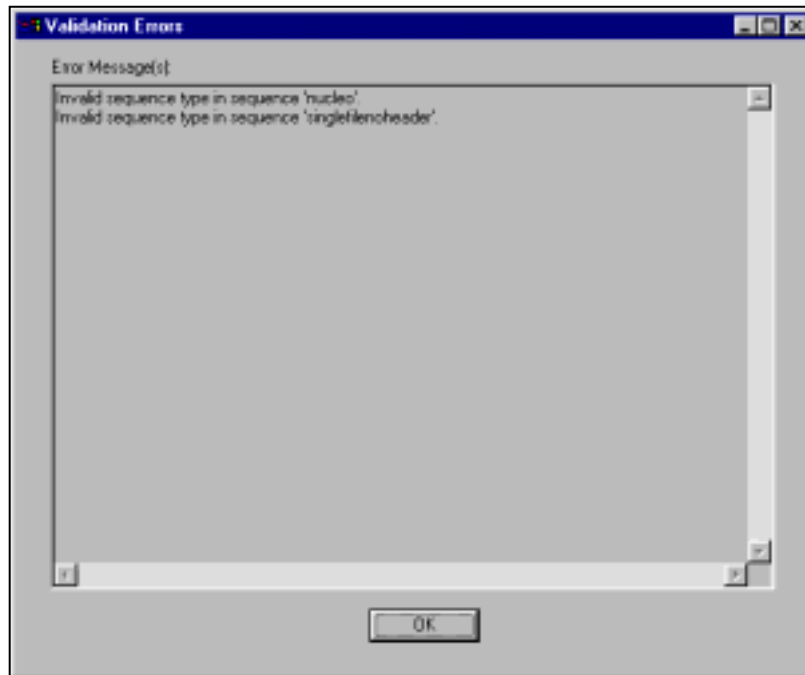


図 5-8 : Validation Errors 画面

5.3.3 プロジェクトから配列をインポートする

PatentIn は、PatentIn3.1 のプロジェクトから配列をインポートできるよう設定されています（図 5-4 : Import Sequence(s) Screen を参照）。

1. プロジェクトファイルからの配列を使用するには、配列画面の **Import** ボタンをクリックしてください（図 5-1）。次に、**From Project** ラジオボタンをクリックしてください。
2. ユーザーが、ファイルホルダーとファイル名を表示できるよう **Browse** ボタンが表示されます。
3. プロジェクトを選択すると、そのプロジェクトの配列表が表示されます。
4. インポートする配列（複数可）をクリックしてください。

i注: コントロールキーを押しながら選択すると、複数の配列が選択できます。

5. すべての配列を選択する場合は、**Select All** ボタンを選択してください。

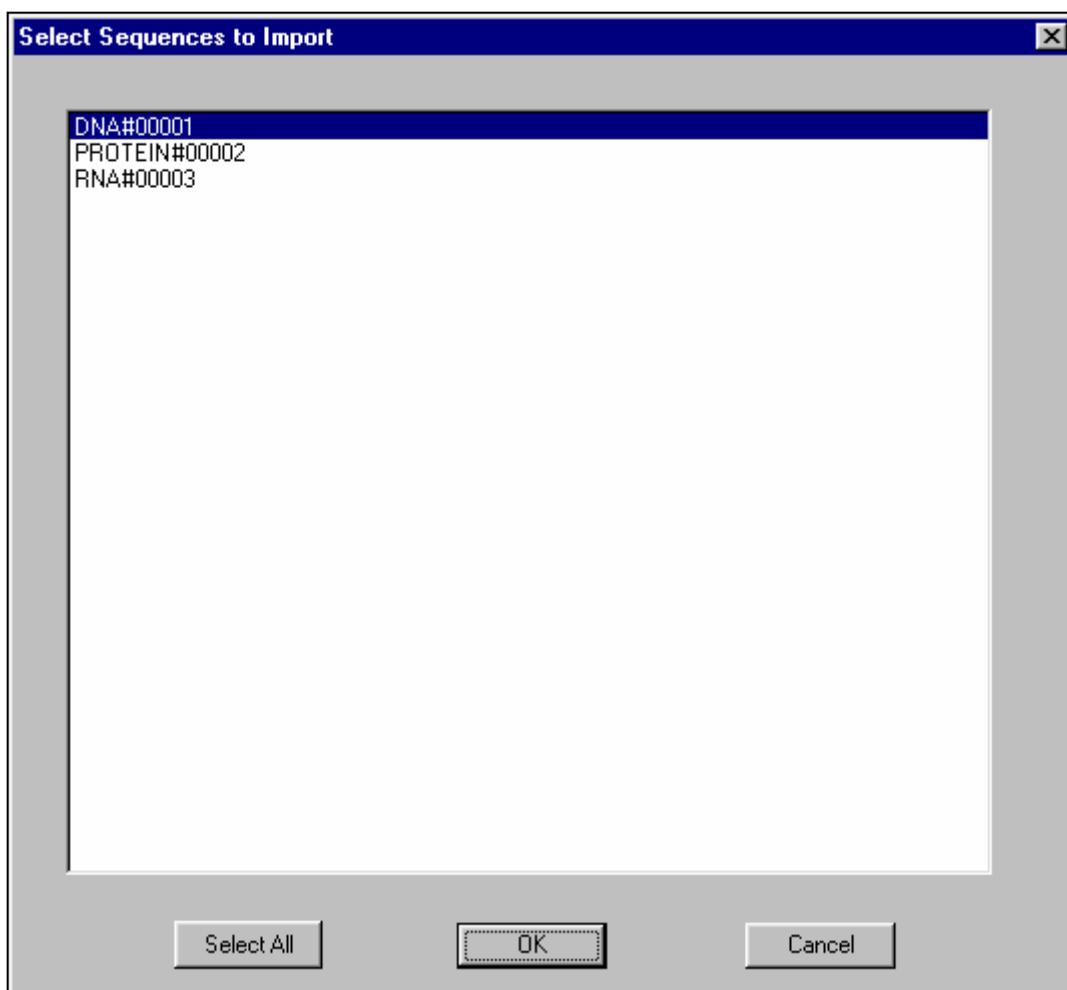


図 5-9 : Select Sequences From Project 画面

5.3.4. 2.1Project のインポート

1. PatentIn2.1 のプロジェクトファイルから配列を使用するには、配列画面の **Import** ボタンをクリックしてから、**2.1Project** ラジオボタンをクリックします。
2. ユーザーがファイルフォルダーおよびファイル名を表示できるように、**Browse** ボタンが表示されます。プロジェクトまたはテキストファイルでなく、「.dbf」ファイルを選択した場合には注意が必要です。図 5-10 を参照ください。

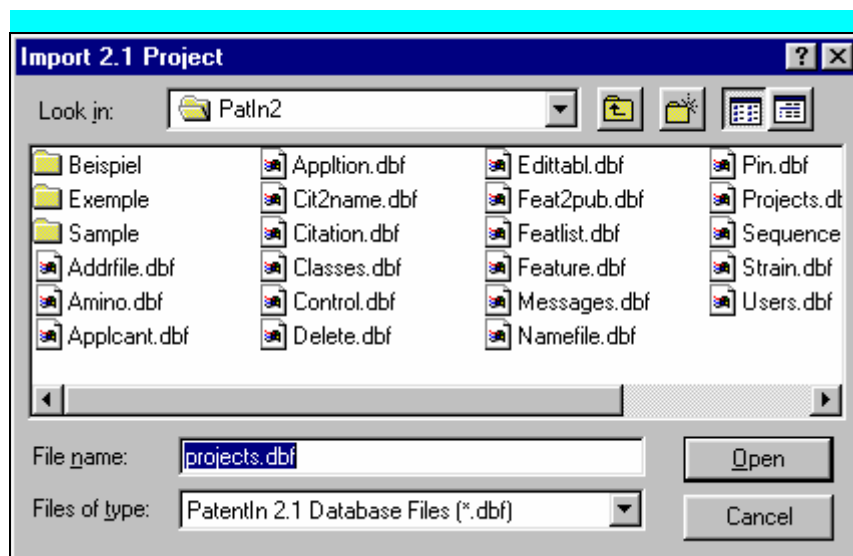


図 5-10 : 2.1Project Import のブラウズウインドウ

3. PatentIn 2.1 プロジェクトファイルが識別されると、長いプロジェクト名のリストが表示されます。図 5-11 を参照ください。

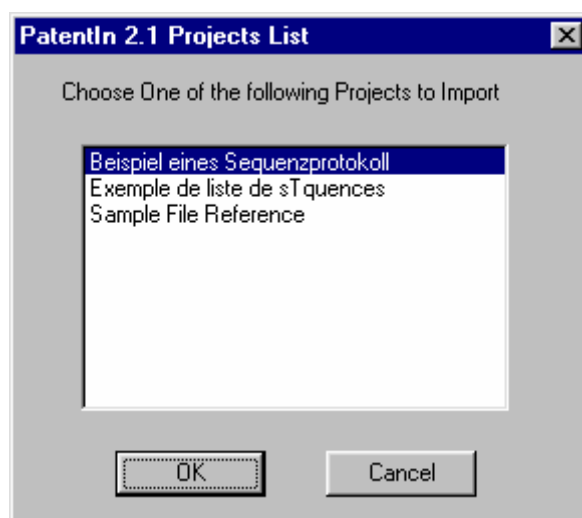


図 5-11 : PatentIn 2.1 Project リスト

4. ④インポートするプロジェクトをクリックしてください。
5. ④OK ボタンをクリックしてください。

5.4 配列のコピー

PatentIn では、Windows 標準の編集機能を利用します。

配列のコピー方法：

1. ④コピーする配列を強調表示させてください。
2. ④Edit メニューをクリックしてから、④Copy をクリックしてください (図 5-12)。

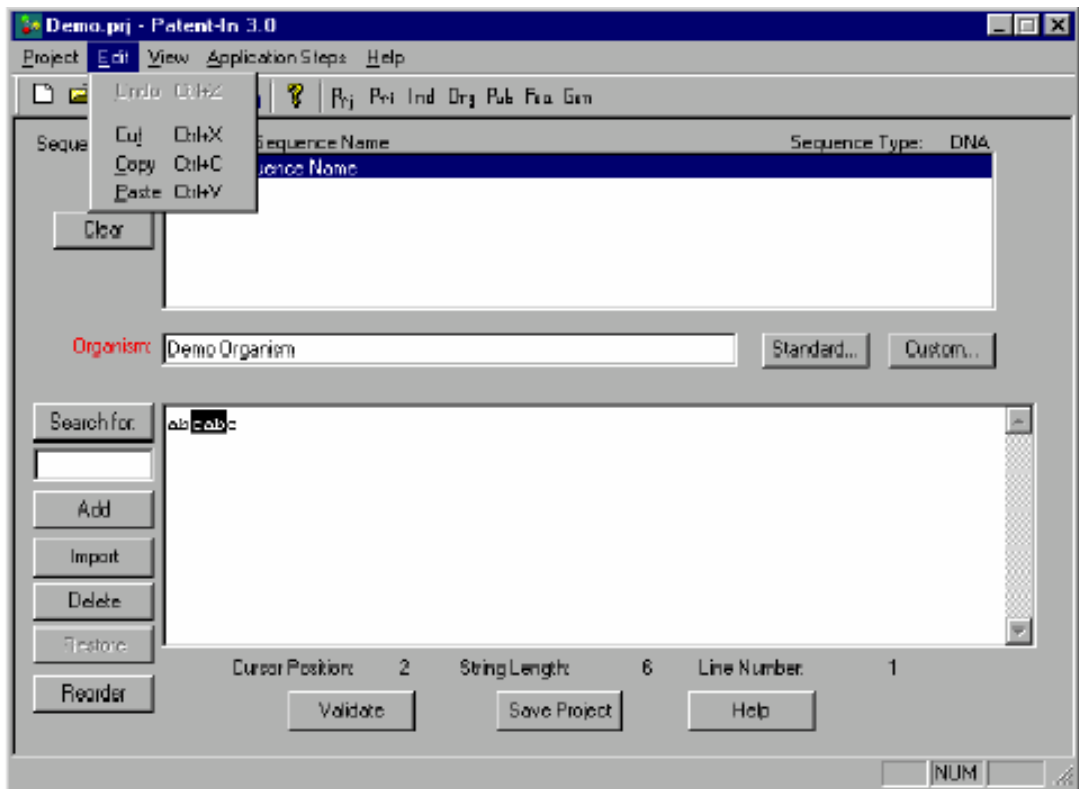


図 5-12 : Edit メニュー

5.5 配列の貼り付け

配列の貼り付け方法：

1. コピーした配列を挿入する位置にカーソルを持ってきてください。
2. **Edit** メニューをクリックしてから、**Paste** をクリックしてください。

5.6 配列の削除

配列の削除方法：

1. 削除する配列に、カーソルをもっていきます。
2. **Delete** ボタンをクリックしてください。

5.7 配列の復元

配列を削除しても、カレントプロジェクトの更新を終らせるまでは復元することができます。

配列の復元方法：

1. メイン画面の **Restore** ボタンをクリックしてください。Sequence Recovery 画面 (図 5-13) が表示されます。
2. 復元したい配列を選択してください。
3. **Restore** ボタンをクリックしてください。

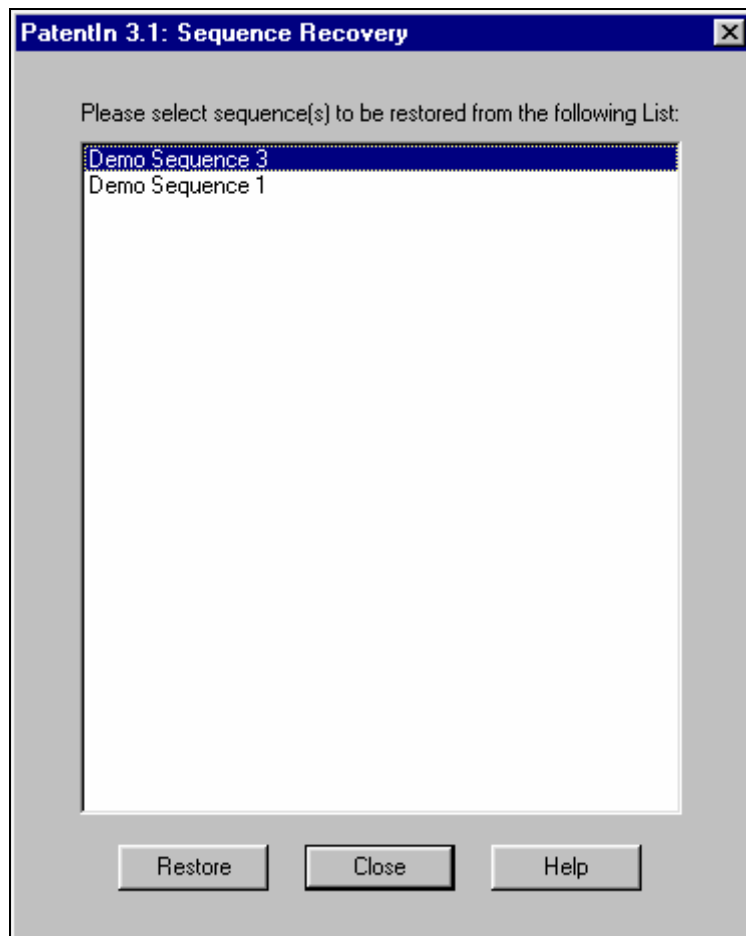


図 5-13 : Sequence Recovery 画面

5.8 配列の並べ替え

Reorder Sequences 画面（図 5-14）では、現在の配列順序と新しい配列順序を比べることができます。現在の配列順序は画面の左に表示されます。これは配列をアプリケーションに入力した順番で表示します。新しい配列順序は右に表示されます。これは、ユーザーが、連続した配列群を左側から選択し、その配列群が後におかれる配列を一つ右側から選択することによって特定した順序で、配列を表示します。

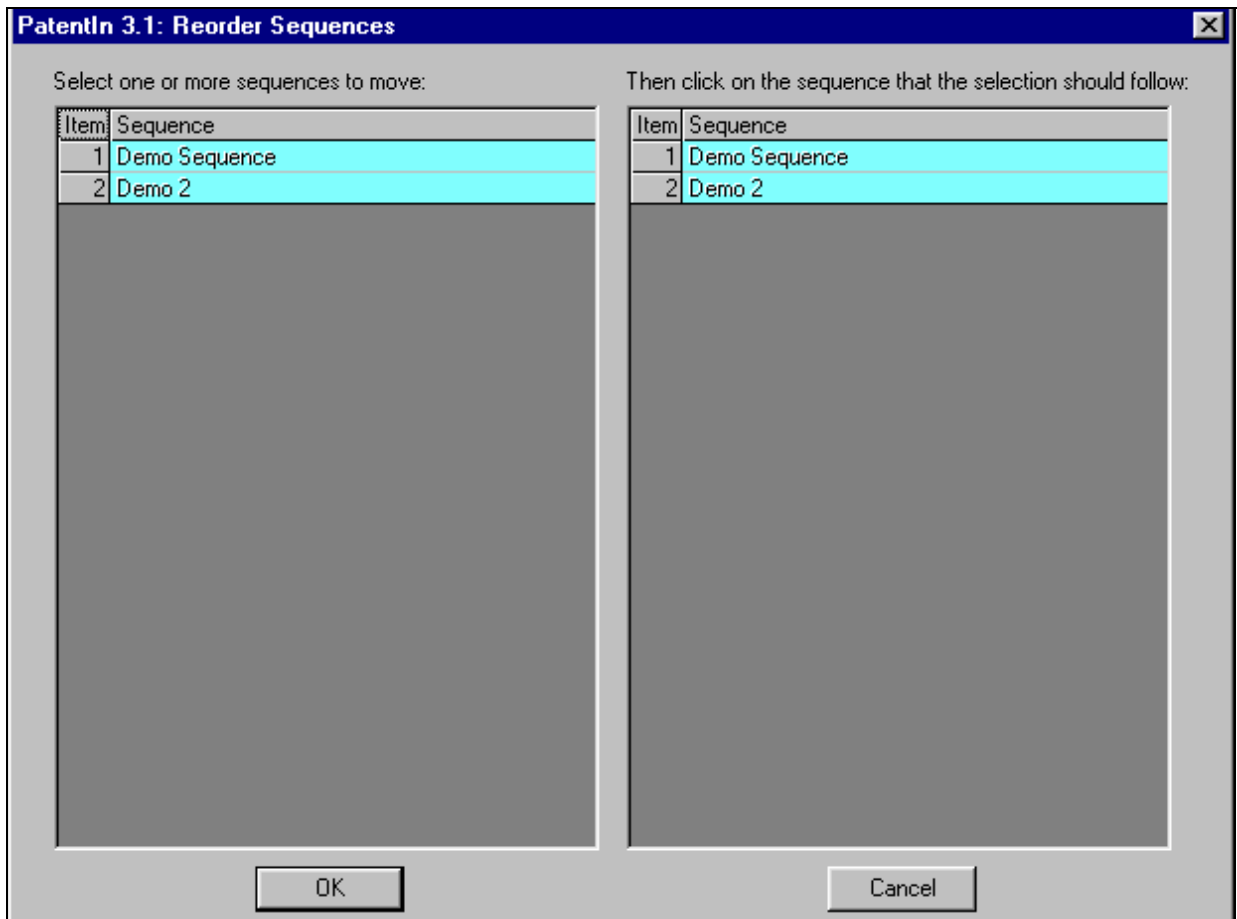


図 5-14 : Reorder Sequences 画面

配列の並べ替え方法：

1. 左側のメニューから配列（複数指定可）を選択してください。
2. 配列を挿入したい前の行をクリックしてください。
3. 1 と 2 を繰り返し、好きな順序に並べ替えてください。

5.9 配列の確認

配列の確認方法：

1. 配列画面（図 5-1）で、**Validate** ボタンをクリックしてください。エラーがあるとメッセージが表示され、エラーがなければステータスバーに **Validation**

OK と表示されます。

①注：配列データの確認は、選択した配列名に対して実行されます。

5.10 配列の保存

配列の保存方法：

1. 配列画面（図 5-1）で、**Save Project** ボタンをクリックしてください。現在の状態で保存されます。

①注：大きく複雑なプロジェクトを用いて作業する際は、システムの不具合などで再度作業することにならないよう、こまめに保存することが重要です。

5.11 保存したプロジェクトのリロード

ユーザーは、**Reload Saved Project** ボタンにより、最後に保存した状態からカレントプロジェクトを速やかにロードできます（図 5-1）。

5.12 Custom Codons の追加

Custom Codons 入力画面（図 5-15）では、ユーザーのワークステーションの標準コドンリストに Custom Codons を追加することができます。この画面を表示するには、Application Steps メニュー（図 4-1）から **Define Custom Codons** を選択してください。

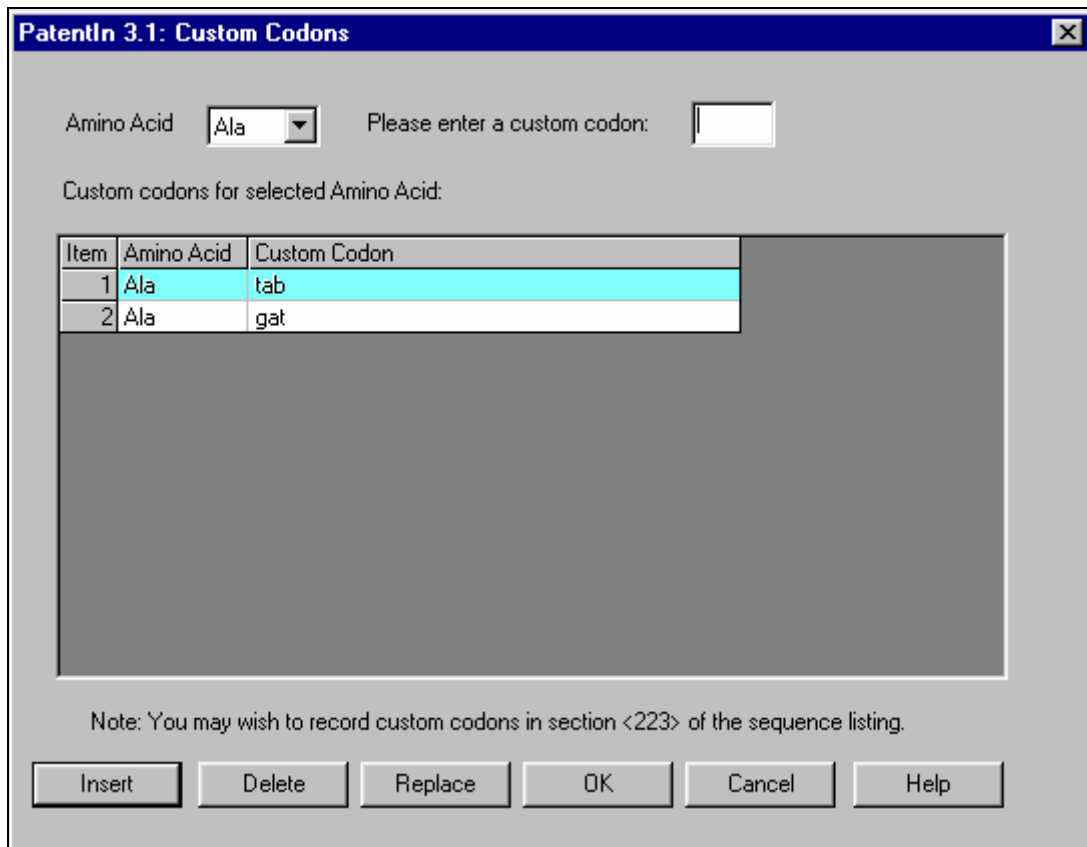


図 5-15 : Custom Codon 入力画面

Custom Codon の追加方法 :

1. Application Steps メニュー (図 4-1) から **Define Custom Codons** を選択してください。
2. ドロップダウンリスト (図 5-16) から **Amino Acid** を選択してください。
3. Custom Codon を入力してください。
4. Insert ボタンをクリックしてください。

①注 : この画面のフォーマットは、変更になりました。アミノ酸をそれぞれ選択する必要はなくなり、1つの画面で custom codons を見ることができるようになりました。

Custom Codon の削除方法 :

1. リストの Custom Codon をクリックしてください。
2. Delete ボタンをクリックしてください。

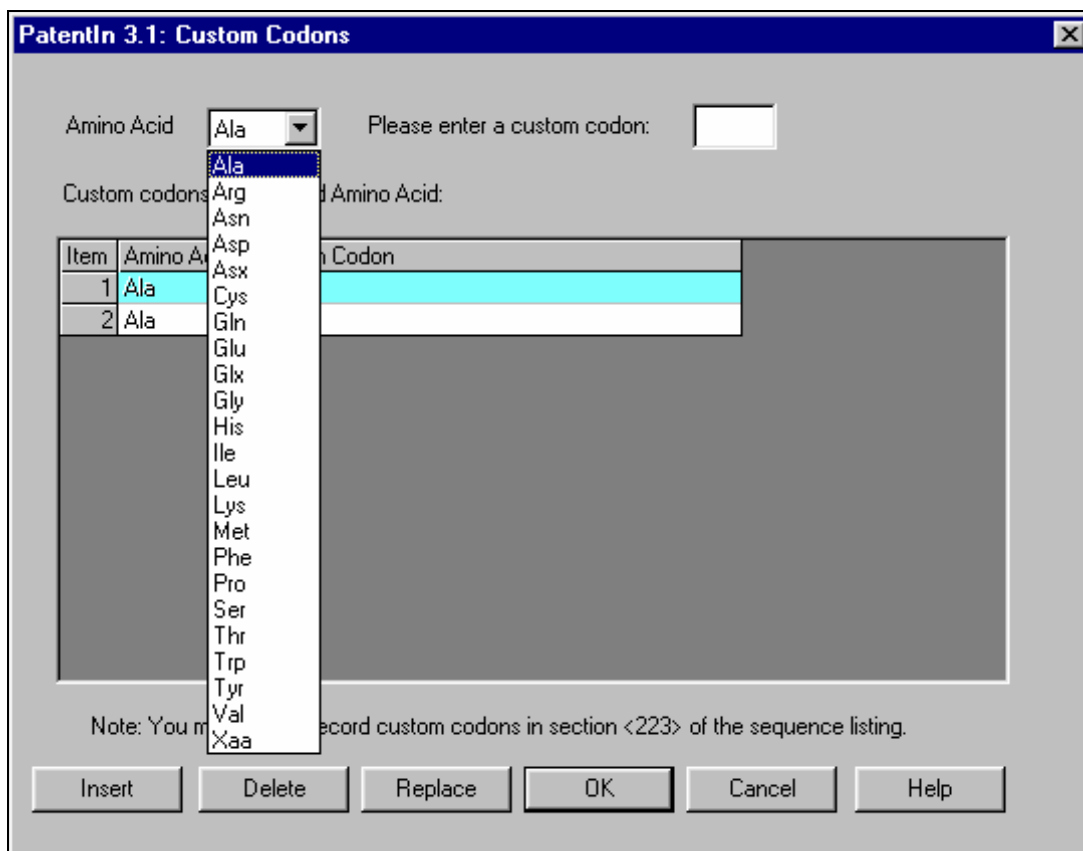


図 5-16 : Amino Acid ドロップダウンリストの画面

5.13 Custom Organism の追加

Custom Organism 入力画面（図 5-17）では、ユーザーの生物名リストに Custom Organism を追加することができます。また、Custom Organism を選択して、配列画面に挿入することもできます。Custom Organism 入力画面を表示するには、Sequence 画面（図 5-1）から **Custom** ボタンを選択してください。画面に Custom Organism を入力すれば、リストに生物名を追加したり削除したりすることができます。

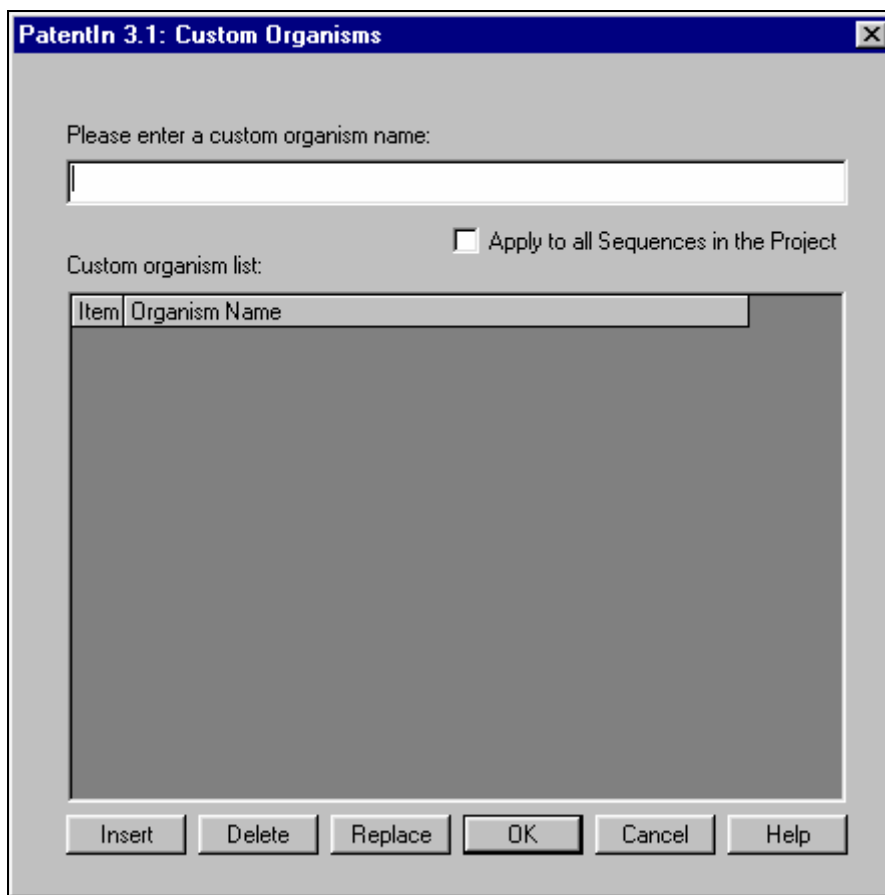


図 5-17 : Custom Organism 入力画面

Custom Organism 追加方法 :

1. 配列画面から **Custom** ボタンを選択してください。
2. Custom Organism を入力してください。
3. **Insert** ボタンをクリックしてください。

Custom Organism 削除方法 :

1. リスト中の Custom Organism をクリックしてください。
2. **Delete** ボタンをクリックしてください。

Custom Organism 更新方法 :

1. リスト中の Custom Organism をクリックしてください。
2. Custom Organism を入力してください。
3. **Replace** ボタンをクリックしてください。

配列画面に Custom Organism を挿入する方法 :

1. Organism を選択して、『Please enter a custom organism name』ボックスに生物名を表示させてください。
2. **OK** ボタンをクリックしてください。

プロジェクトのすべての配列へ Custom Organism を使用する方法

1. ☑ **Apply to all Sequences in the Project** と表示されたチェックボックスをクリックしてください。
2. ☑ **OK** ボタンをクリックしてください。

5.14 人工的な配列または未知の生物名

人工的な配列または未知の生物名は、その生物に関しコメントを記入しなければなりません。Artificial Sequence または Unknown どちらかを Organism Name フィールドに入力してから、別のフィールドに移動すると、自動的にポップアップボックスが現れます。

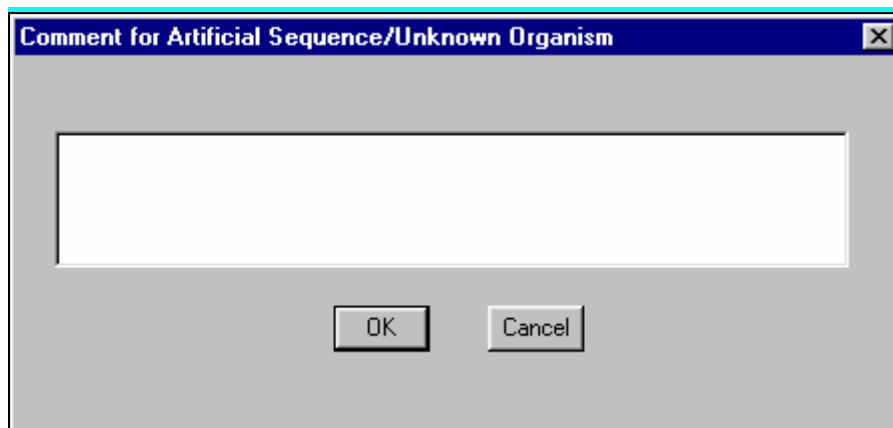


図 5-18 : Artificial Sequence/Unknown Organism コメント画面

1. ☑ Sequence 画面 (図 5-1) から、**Standard** ボタンを選択してください。
2. ☑ Standard Organisms リストから Unknown または Artificial どちらかを選択してください。
3. 別のセルに移動します。生物の定義を入力する際、自動的にコメントボックス (図 5-18) が現れます。
4. ☑ 生物に適したコメントを記入します。配列表が作成されると、この情報は <223>フィールドに置かれます。

①注：なお、Application Steps/Artificial Sequence/Unknown Organism を選択しても、このフィールドにアクセスできます。

①注：このボックスの内容は、出来るだけ詳細にかつ出来るだけ簡潔に記入してください。

①注：Artificial Sequence/Unknown Organism または misc_feature のいずれかを使

用すると、配列表の<223>セクションが更新できます。<223>セクションは、それぞれコメントまたは他の情報向けのセクションです。

セクション 6

配列の特徴データ

セクション 6 配列の特徴データ

6.1 配列の特徴

Features 画面（図 6-1）では、配列の特徴を作成・修正することができます。この画面を表示するには、Application Steps メニュー（図 4-1）から **Feature Data** を選択するか、PatentIn ツールバーの Fea ボタンを選択します。表示されている特徴は、Sequence 画面で現在選択している配列に適用されます。

PatentIn 3.1: Features - Demo Sequence

Sequence Type: DNA Sequence String Length: 0

Edit Feature

Join All CDSs

Feature Name / Key: Names

Relevant Residues From: To:

Other Information:

Clear

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

Feature List:

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

Insert

Replace

Delete

Validate Save Project OK Cancel Help


図 6-1 : Features 画面


配列の特徴についてのデータの入力方法：


1. 配列に1つ以上の CDS が含まれているか、複数の CDS を結合する場合、**Join All CDSs** ボックスをクリックしてください。
2. **Names** ボタンをクリックすると、**Feature Name/Key** に入力するヌクレオチド名のリストが表示されます。
3. 『**Relevant Residue From**』と『**To**』に配列位置番号を入力してください。
4. **Other Information** ボックスの中でクリックすると、他の情報が入力できます。ここで、プロテイン配列の x や基本配列の n を詳細に記録します。Feature

Name/Key を、misc_feature にする必要があります。

5. 画面上の **Edit Feature** をクリアするときは、☞**Clear** ボタンをクリックしてください。
6. **Feature List** のデータを挿入するときは、そのデータを強調表示してから☞**Insert** ボタンをクリックしてください。
7. **Feature List** のデータを更新するときは、そのデータを強調表示してから☞**Replace** ボタンをクリックしてください。
8. **Feature List** のデータを削除するときは、そのデータを強調表示してから☞**Delete** ボタンをクリックしてください。
9. 入力したデータを有効にするときは、☞**Validate** をクリックしてください。表に入力したデータが有効になります。編集エリアのデータは、挿入しないと有効となりません。
10. データを保存するときは、☞**Save Project** ボタンをクリックしてください。
11. 有効にして閉じるときは、☞**OK** ボタンをクリックしてください。
12. データをキャンセルするときは、☞**Cancel** ボタンをクリックしてください。
13. 情報を見るときは、☞**Help** ボタンをクリックしてください。

 注： Feature List に CDS が 2 つ以上ある場合、**Joint All CDSs** が点減することがあります。

 注： Artificial Sequence/Unknown または misc_feature のいずれかを用いて、配列表の <223> セクションを更新することができます。 <223> セクションは、それぞれコメントまたは他の情報向けのセクションです。

 **PatentIn** の新機能： **PatentIn3.1** では、『**Xaa**』と入力すると、自動的に検索範囲を広げて予想される検索結果を表示します。

6.1.1 Feature Key 選択

Feature Names/Key 選択画面（図 6-2）では、ヌクレオチド名を選択することができます。

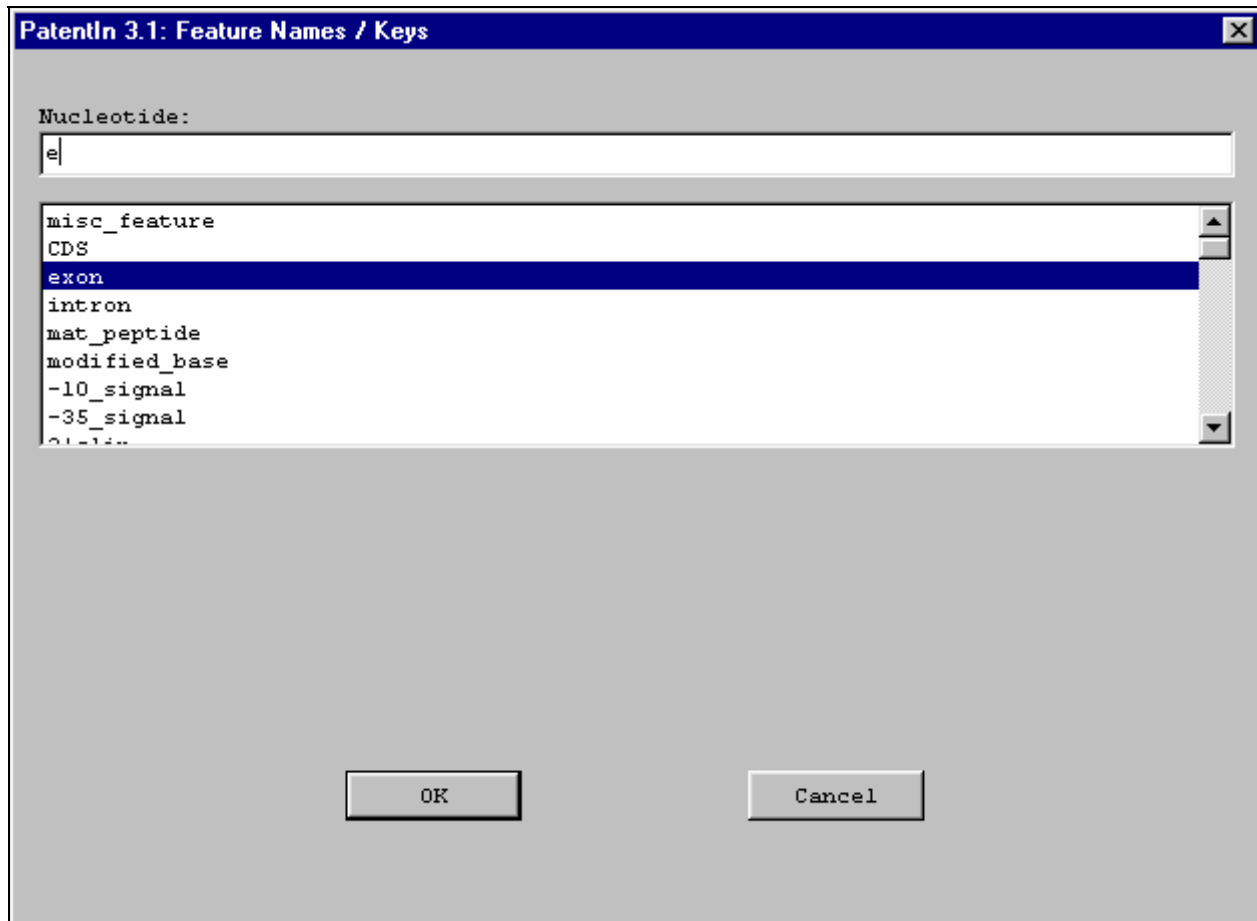


図 6-2 : Feature Names/Key 選択画面

ヌクレオチド名の選択方法：

1. ④Features 画面（図 6-1）の **Names** ボタンを選択してください。
2. Nucreotide フィールドに入力してください。
3. ④アローボタンをクリックすると、ドロップダウンリスト（図 6-2）が表示されます。次にリストから名称を選択してください。
4. ④OK をクリックすると、その選択が受理され、Features 画面（図 6-1）にもどります。

6.1.2 Modified_Base に必要な情報の追加

Feature Names/Key Selection 画面（図 6-3）では、modified_base を選択すると自動的に別のウインドウを開きます。

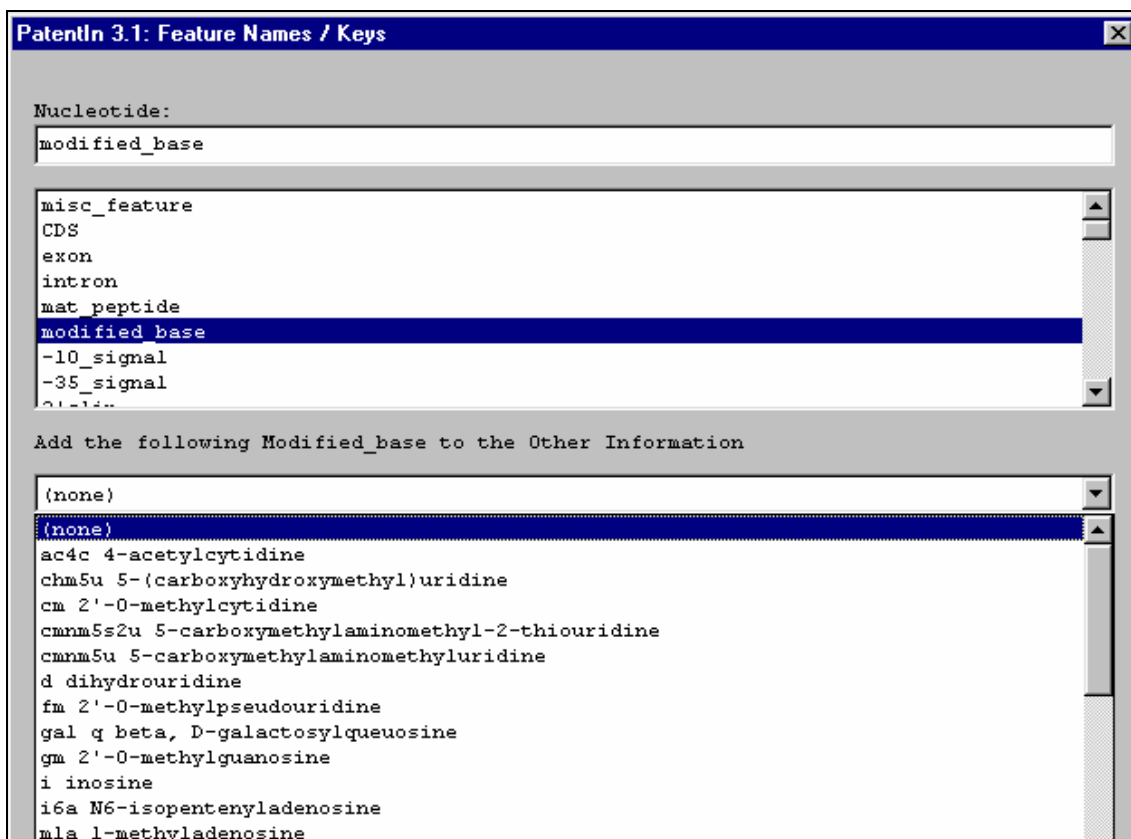


図 6-3 : Modified Base を表示した Future Names/Key Selection 画面

修飾塩基の情報を追加する方法

1. ☞ 「Add the following modified_base to the Other Information」と示されているボックスのアローボタンをクリックしてください。
2. ☞ リストから **modified_base** を選択してください(図 6-3)。
3. ☞ **OK** をクリックしてください (図 6-2)。

6.1.3 CDS に関する情報の追加

ポリヌクレオチド配列のコード配列が特定している場合、DNA 配列は、コドンに分割された DNA と、各コドン下にある適切なアミノ酸とが「混ざった」形で表示されます。これは、まさに『エキソン』に特徴のある明細書に記載されることです。しかし CDS を選択すると、PatentIn 3.1 では、ポリペプチド配列が「補足 (supplemental)」配列として自動的に表示されます。

6.1.4 『n』または『Xaa』の詳細な定義

未知の『n』がポリヌクレオチド配列に表示されている場合、または未知の『Xaa』がポリペプチド配列に表示されている場合、ST.25 では詳細な定義が必要です。これは、Misc_Feature を用いた Other Information フィールドで提示されます。PatentIn では、『n』の定義を補足的なポリペプチド配列へコピーし、『Xaa』に

翻訳されます。

6.1.5 アミノ酸の選択

Feature Names/Key Selection 画面（図 6-4）では、**LIPID** を選択すると自動的に別のウインドウを開きます。

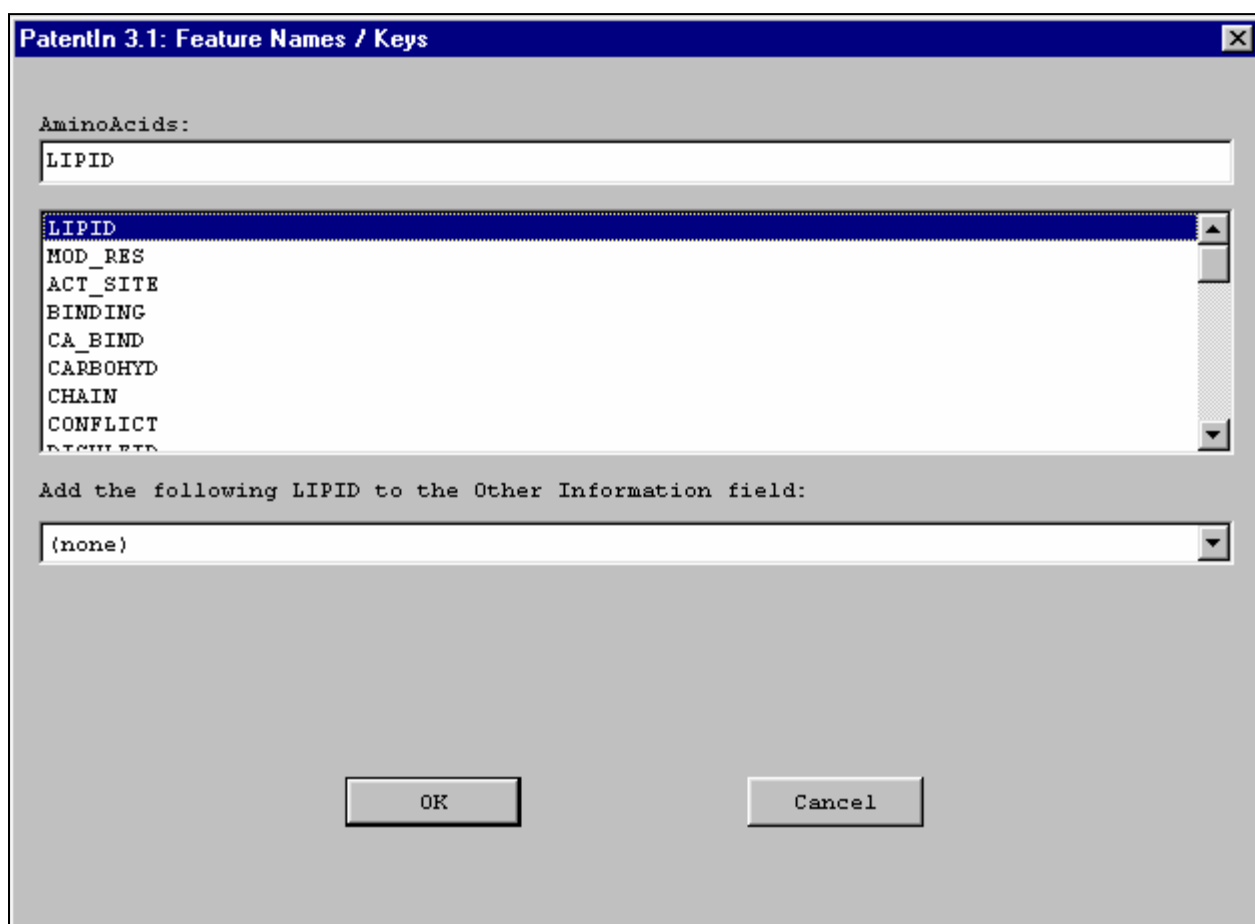


図 6-4 : **LIPID** を表示した **Feature Names/Key Selection** 画面

アミノ酸名を選択する方法

1. **Feature** 画面の **Names** ボタンを選択してください（図 6-1）。
2. **AminoAcids** フィールドを入力してください。
3. アローボタンをクリックすると、ドロップダウンリスト（図 6-5）が表示されます。次にリストから名称を選択してください。
4. **OK** ボタンで選択を有効にすると、**Feature** 画面に戻ります（図 6-4）。

LIPID に関する情報を追加する方法

1. **Add the following LIPID to the Other Information** と示されているボックスのアローボタンを選択してください。

2. **LIPID** 情報をリストから選択してください。
3. **OK** をクリックしてください (図 6-4)。

6.1.6 MOD_RES に関する情報の追加

Feature Names/Key Selection 画面 (図 6-5) では、**MOD_RES** を選択すると自動的に別のウインドウが2つ開きます。

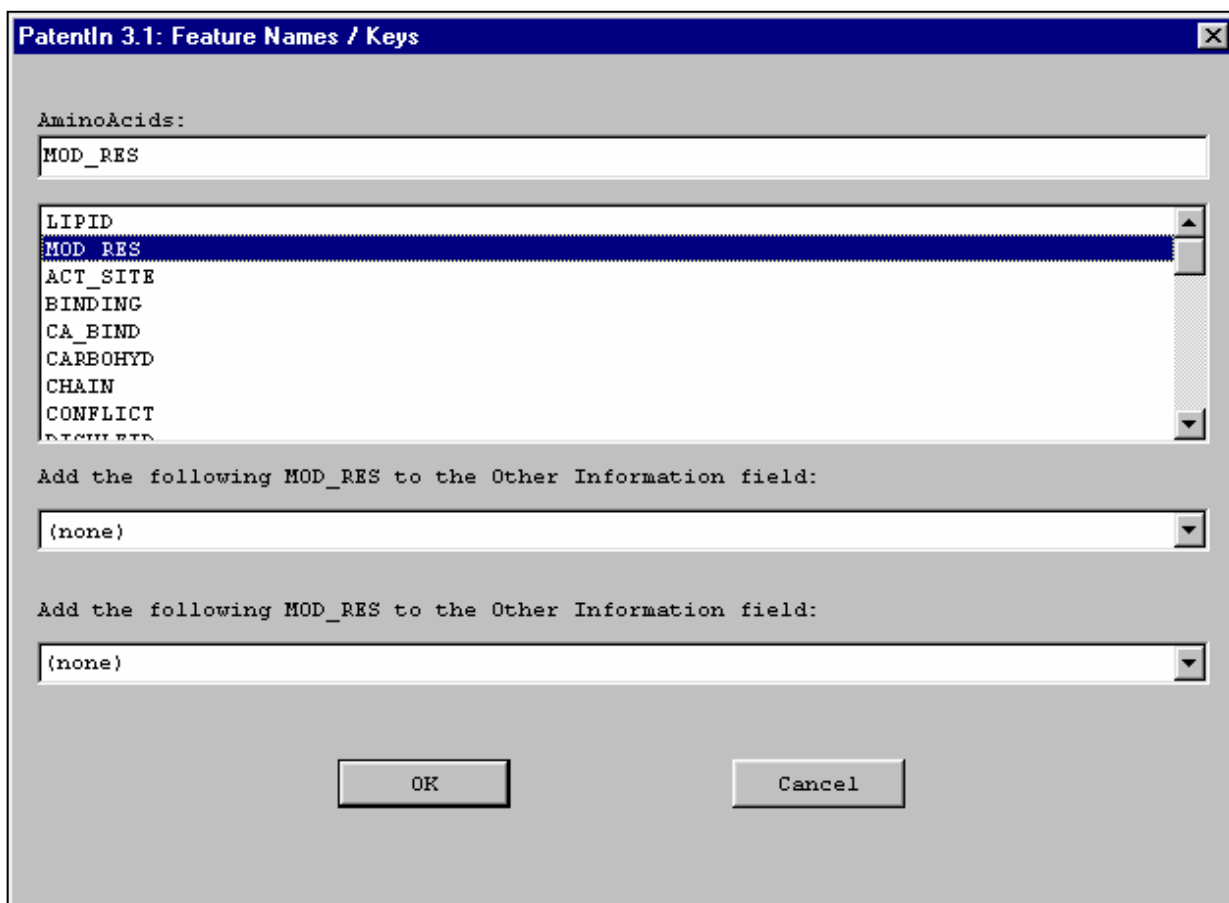


図 6-5 : MOD_RES が選択された **Feature Names/Key Selection** 画面

アミノ酸名を選択する方法

1. **Feature** 画面 (図 6-2) の **Names** ボタンを選択してください。
2. アミノ酸フィールドに入力してください。
3. **アロー** ボタンを選択し、ドロップダウンリストを開いて下さい (図 6-2)。リストからアミノ酸名を選択します。
4. **OK** ボタンをクリックすると、**Feature** 画面に戻ります (図 6-4)。

MOD_RES に関する情報を追加する方法

1. 『**Add the following MOD_RES to the Other Information field**』の、最初のボックスの**アロー** ボタンをクリックしてください。
2. リストから適切な情報を選択してください (図 6-6)。

3. **OK** をクリックしてください (図 6-5)。

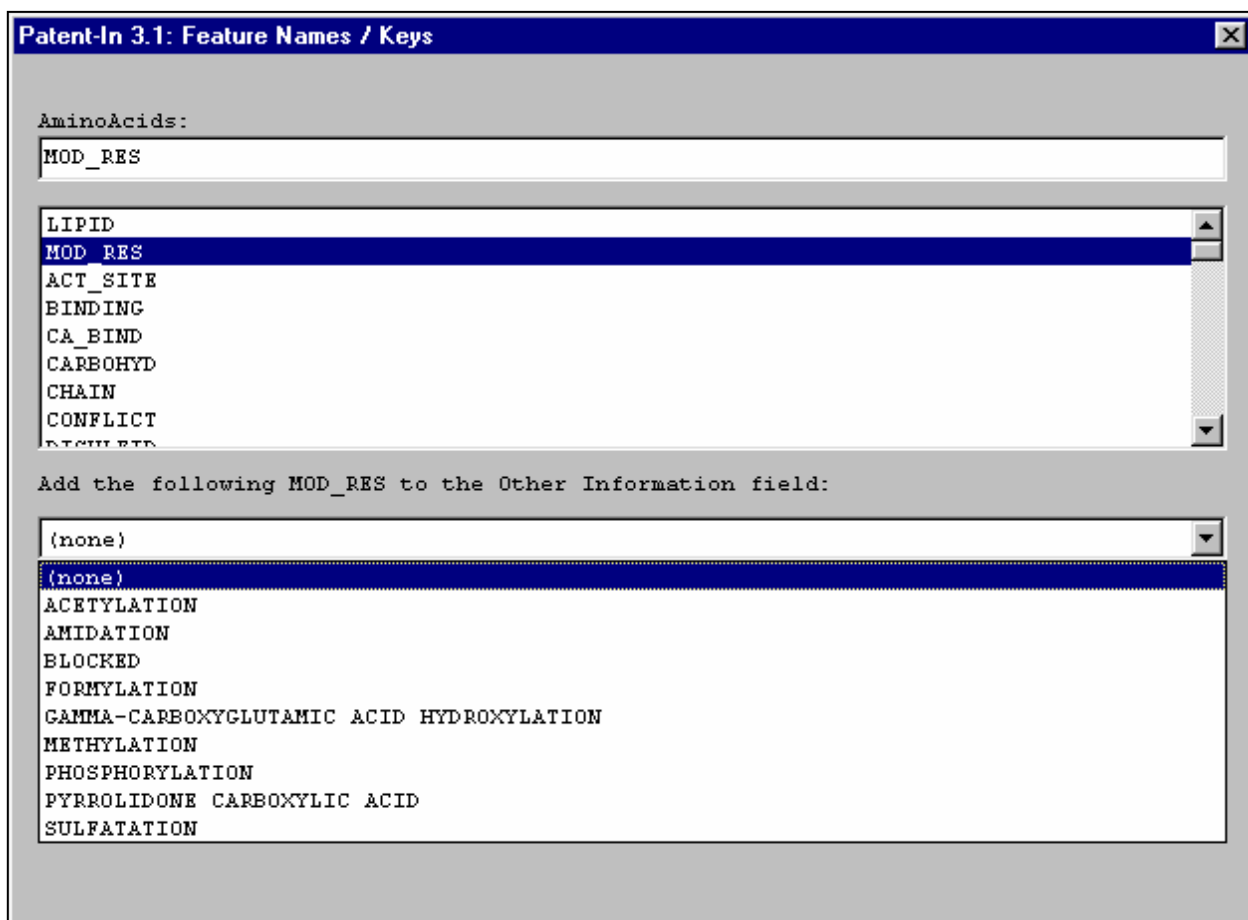


図 6-6 : 最初の MOD_RES プルダウンリスト

4. 『Add the following MOD_RES to the Other Information field』 のアローボタンをクリックしてください。
5. リストから適切な情報を選択してください (図 6-7)。
6. **OK** を選択してください (図 6-5)。

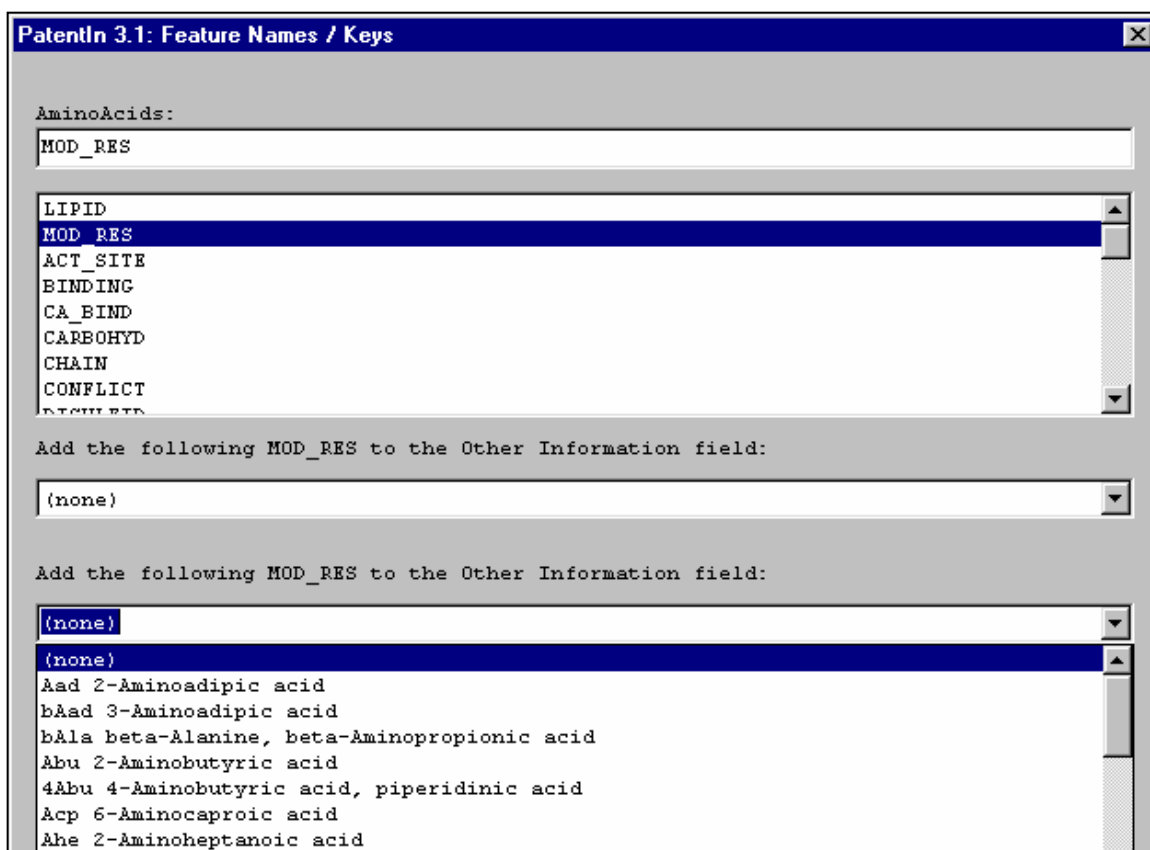


図 6-7 : 2 番目の MOD_RES プルダウンリスト

セクション 7

文献データ

セクション7 文献データ

7.1 文献の種類画面

文献の種類画面（図 7-1）では、文献情報を入力するための4種類の画面を表示することができます。表示できる画面は Journal、Database、Patent、Thesis です。これらの画面を表示するには、Application Steps メニューから Publication Data を選択します。

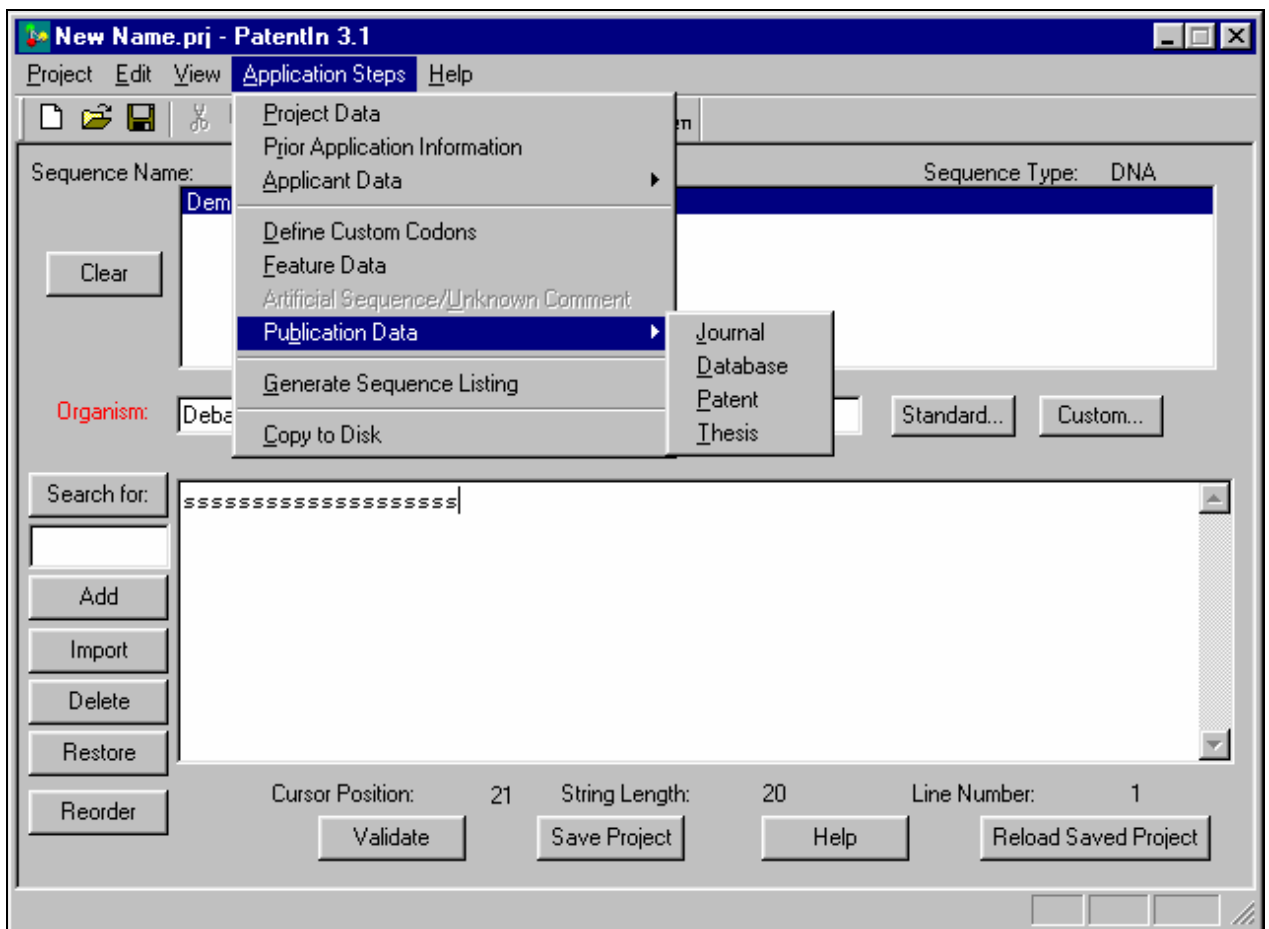


図 7-1 : 文献の種類画面

文献の種類を選択方法：

1. **Application Steps** のプルダウンメニューから、**Publication Data** をクリックしてください。

7.2 Journal 文献情報

Journals 文献情報画面（図 7-2）では、参考にした科学文献を入力することができます。

PatentIn 3.1: Journals - Demo Sequence

Sequence Type: DNA Sequence String Length: 20

Journal Publications

Database Name / Accession Number: Database Entry Date:

Clear Author(s):

Publication Title:

Journal:

Volume: Issue:

Publication Date: Page Ranges:

Relevant Residues From: To:

Journal List:

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

Insert

Replace

Delete

To Databases-->

Validate Save Project OK Cancel Help

図 7-2 : Journal 文献情報画面

Journal 文献に関する情報の入力方法：

1. Application Steps メニューから **Publication Data** を選択し、次に **Journal** を選択してください。
2. **Database Name/Accession Number** を入力してください。
3. **Database Entry Date** を入力してください。
4. **Author(s)** を入力してください。
5. **Publication Title** を入力してください。
6. ドロップダウンリストから **Journal** 名を選択してください。リストに必要な Journal 名がない場合は、キーボードから入力することができます。
7. **Volume** を入力してください。
8. **Issue** を入力してください。
9. **Publication Date** を入力してください。
10. **Page Ranges** を入力してください。

11. 『**Relevant Residue From**』と『**To**』に配列位置番号を入力してください。
12. **Clear** ボタンをクリックすると、画面上の **Journal Publications** がクリアされます。
13. **Journal List** にデータを挿入するときは、**強調表示**してから、**Insert** ボタンをクリックしてください。
14. **Journal List** のデータを更新するときは、**強調表示**し、画面最上部のデータを変更してから、**Replace** ボタンをクリックしてください。
15. **Journal List** のデータを削除するときは、削除したいデータを**強調表示**してから、**Delete** ボタンをクリックしてください。
16. 入力したデータを有効にするときは、**Validate** をクリックしてください。表に入力したデータが有効になります。**Journal Publications** 編集エリアの情報は、挿入しないと有効となりません。
17. 情報を保存するときは、**Save Project** ボタンをクリックしてください。
18. 有効にして閉じるときは、**OK** ボタンをクリックしてください。
19. 次の **Publication Data**、**Database** に進むときは、**To Databases**→ボタンをクリックしてください。

7.3 Database 文献情報

Database 文献情報画面（図 7-3）では、参考にした科学データベースを入力することができます。

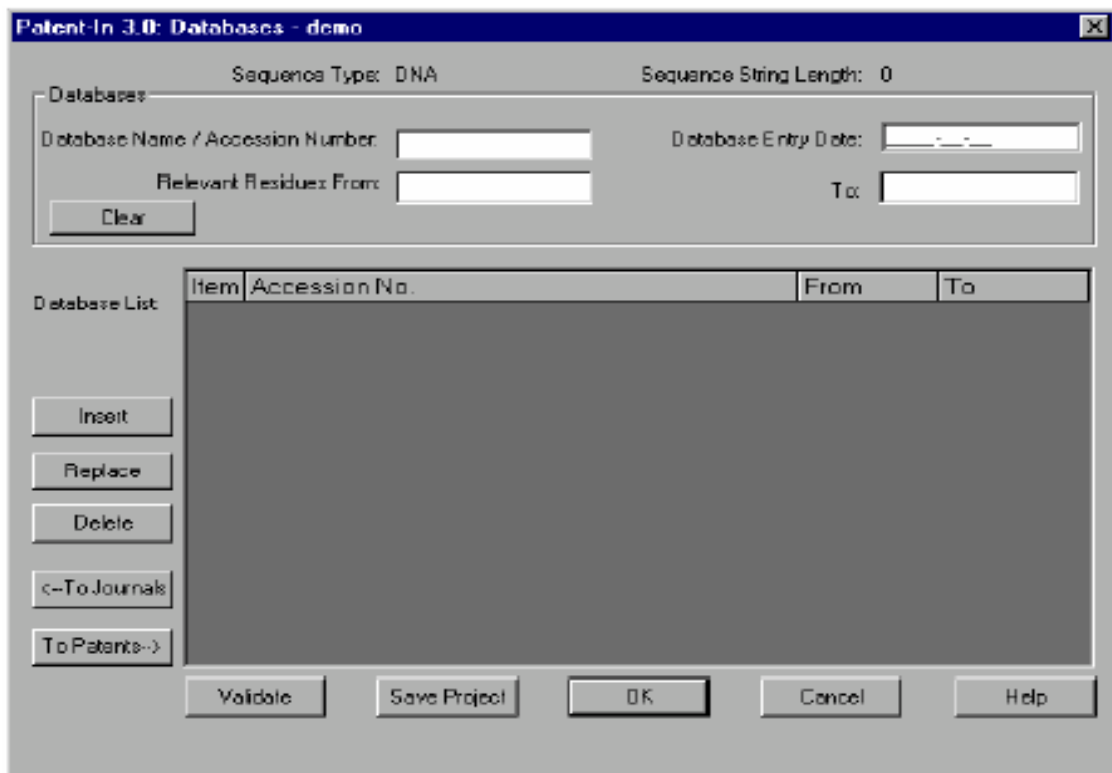


図 7-3 : Database 文献情報画面

Database 文献に関する情報の入力方法：

1. Application Steps メニューから **Publication Data** を選択し、次に **Database** を選択してください。
2. **Database Name/Accession Number** を入力してください。
3. **Database Entry Date** を入力してください。
4. 『**Relevant Residue From**』と『**To**』に配列位置番号を入力してください。
5. **Clear** ボタンをクリックすると、画面上の **Database** のエリアがクリアされます。
6. **Database List** にデータを挿入するときは、強調表示してから、**Insert** ボタンをクリックしてください。
7. **Database List** のデータを更新するときは、強調表示し、画面最上部のデータを変更してから、**Replace** ボタンをクリックしてください。
8. **Database List** のデータを削除するときは、強調表示してから、**Delete** ボタンをクリックしてください。
9. 入力したデータを有効にするときは、**Validate** をクリックしてください。表に入力したデータが有効になります。編集エリアの情報は、挿入しないと有効となりません。
10. 情報を保存するときは、**Save Project** ボタンをクリックしてください。
11. 有効にして閉じるときは、**OK** ボタンをクリックしてください。
12. 前の **Publication Data**、**Journal** に戻るときは、**←To Journals** ボタンをクリックしてください。
13. 次の **Publication Data**、**Patent** に進むときは、**To Patents→** ボタンをクリックしてください。

7.4 Patent 文献情報

Patent 文献情報画面（図 7-4）では、参考にした特許文献情報を入力することができます。

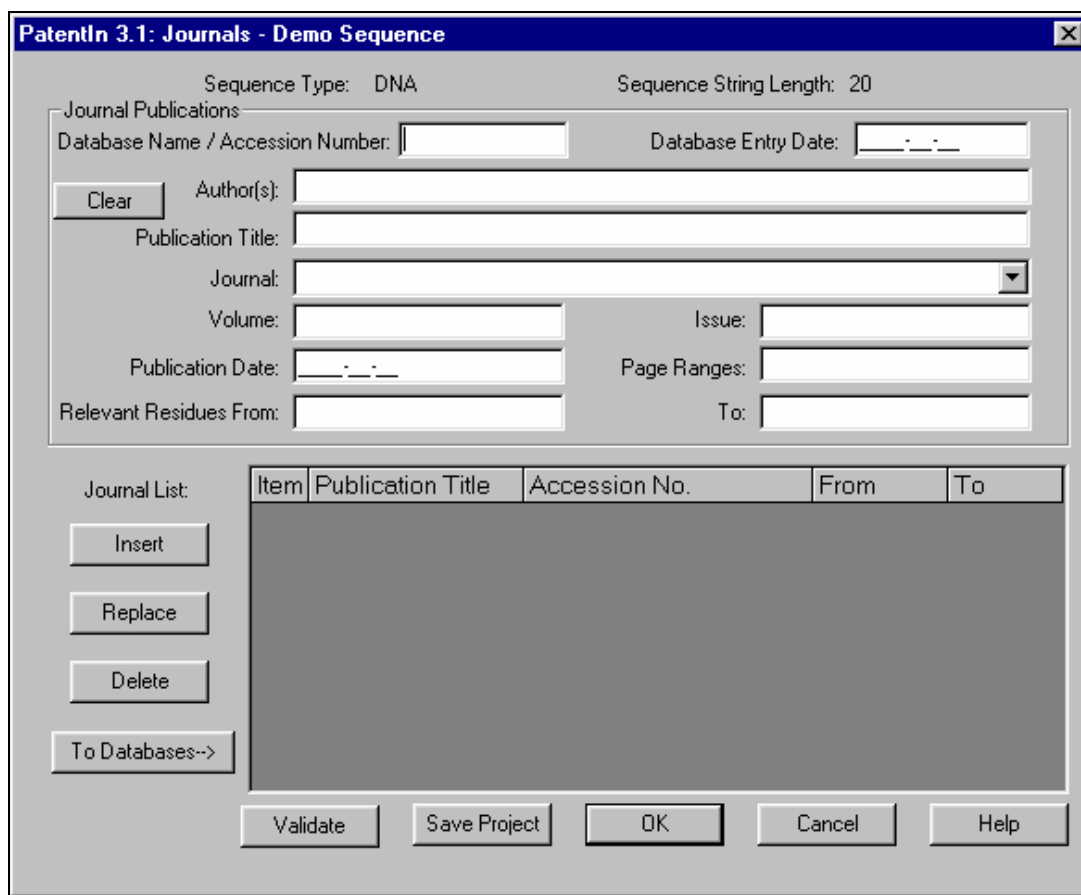


図 7-4 : Patents 文献情報画面

Patent 文献に関する情報の入力方法 :

1. **Application Steps** メニューから **Publication Data** を選択し、次に **Patent** を選択してください。
2. **Database Name/Accession Number** を入力してください。
3. **Database Entry Date** を入力してください。
4. **Document Number** を入力してください。
5. **Filing Date** を入力してください。
6. **Publication Date** を入力してください。
7. **Title** を入力してください。
8. 『**Relevant Residue From**』と『**To**』に配列位置番号を入力してください。
9. **Clear** ボタンをクリックすると、画面上の **Patents** のエリアがクリアされます。
10. **Patent List** にデータを挿入するときは、**Insert** ボタンをクリックしてください。
11. **Patent List** のデータを更新するときは、強調表示し、画面最上部のデータを変更してから、**Replace** ボタンをクリックしてください。
12. **Patent List** のデータを削除するときは、強調表示してから、**Delete** ボタン

をクリックしてください。

13. 入力したデータを有効にするときは、**Validate** をクリックしてください。
表に入力したデータが有効になります。編集エリアの情報は、挿入しないと有効なりません。
14. 情報を保存するときは、**Save Project** ボタンをクリックしてください。
15. 有効にして閉じるときは、**OK** ボタンをクリックしてください。
16. 前の **Publication Data**、**Database** に戻るときは、**←To Databases** ボタンをクリックしてください。
17. 次の **Publication Data**、**Thesis** に進むときは、**To Theses→** ボタンをクリックしてください。

7.5 Theses 文献情報










Theses 文献情報画面（図 7-5）では、参考にした論文文献情報を入力することができます。

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

図 7-5 : Theses 文献情報画面

Thesis 文献に関する情報の入力方法：

1. **Application Steps** メニューから **Publication Data** を選択してから **Thesis** を選択してください。
2. **Database Name/Accession Number** を入力してください。
3. **Database Entry Date** を入力してください。
4. **Author Name** を入力してください。
5. **Title** を入力してください。
6. **Publication Date** を入力してください。

7.  **Page Ranges** を入力してください。
8.  『**Relevant Residue From**』と『**To**』に配列位置番号を入力してください。
9.  **Clear** ボタンをクリックすると、画面上の **Theses** のエリアがクリアされます。
10. **Thesis List** にデータを挿入するときは、**Insert** ボタンをクリックしてください。
11. **Thesis List** のデータを更新するときは、強調表示し、画面最上部のデータを変更してから、 **Replace** ボタンをクリックしてください。
12. **Thesis List** のデータを削除するときは、強調表示してから、 **Delete** ボタンをクリックしてください。
13. 入力したデータを有効にするときは、 **Validate** をクリックしてください。表に入力したデータが有効になります。編集エリアの情報は、挿入しないと有効となりません。
14. 情報を保存するときは、 **Save Project** ボタンをクリックしてください。
15. 有効にして閉じるときは、 **OK** ボタンをクリックしてください。
16. 前の **Publication Data**、**Patent** に戻るときは、 **←To Patent** ボタンをクリックしてください。

セクション 8

配列表プロジェクトファイルの作成

セクション 8 配列表プロジェクトファイルの作成

8.1 配列表ファイル

配列表ファイルには、標準ST.25が要求する全ての情報が含まれます。PatentIn 3.1は、ファイル名として『プロジェクト名 ST25.txt』といった配列表を作成します。

8.2 配列表ファイルの作成

Sequence Generation 画面（図 8-1）は、ファイル作成処理が開始されることをユーザーに知らせます。処理中にエラーが発生すると、それを通知します。

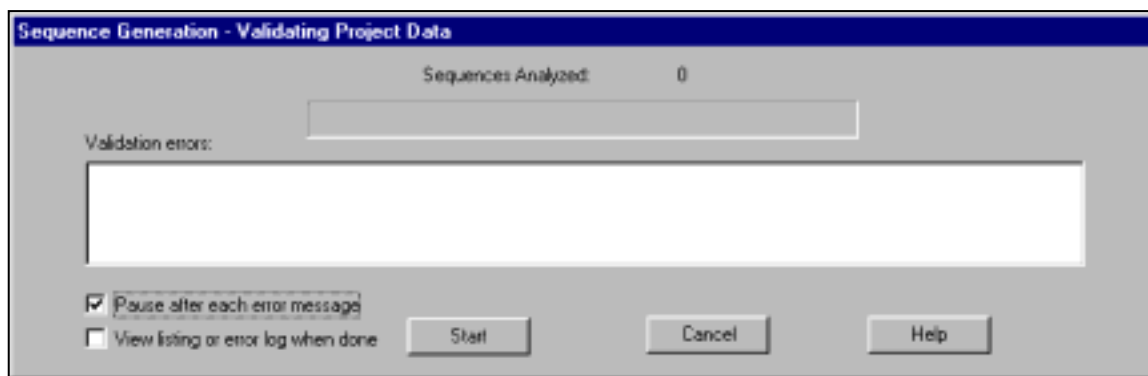


図 8-1 : Sequence Generation 画面

配列表の作成方法 :

1. Application Steps メニュー（図 4-1）から **Generate Sequence Listing** を選択してください。または、PatentIn ツールバーの **Gen** ボタンを選択してください。
2. 配列データのエラーを通知させたいときは、『Pause after each error message』の横のボックスをクリックしてください。
3. 作成後すぐに配列表またはエラーログを見たい場合は、『View listing or error log when done』の横のボックスをクリックしてください。作成が終了すると、配列表／ログが自動的に作成されます。
4. 配列作成 **Start** をクリックしてください。

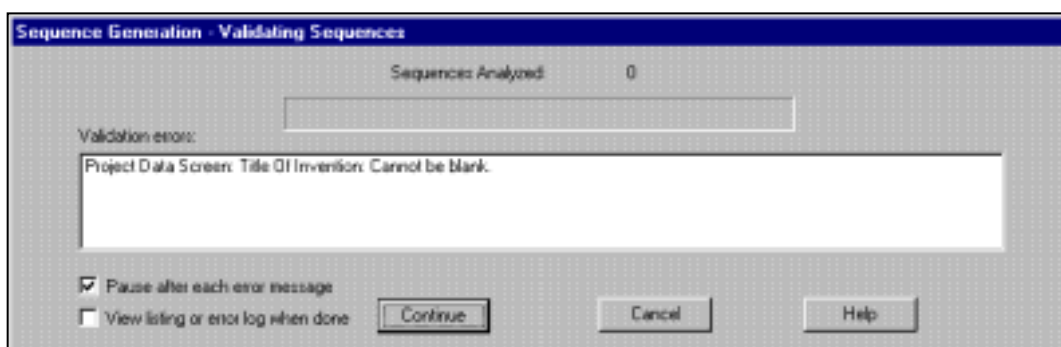


図 8-2 : 2 番目の Sequence Generation 画面

5. **Continue** ボタンをクリックすると、確認が続行されます。
6. **Cancel** ボタンをクリックすると、確認がキャンセルされます。
7. 『Pause after each error message』を選択している場合、エラーメッセージが表示されると、確認が中断します。

8.3 配列表ファイルの表示

配列表プロジェクトファイルの表示方法：

1. 『View Listing or error log when done』を選択している場合、配列作成が成功すると、自動的に配列表が表示されます。『View Listing or error log when done』を選択していない場合は、**Project** メニューから **View Sequence Listing** を選択すると、配列を表示させることができます。

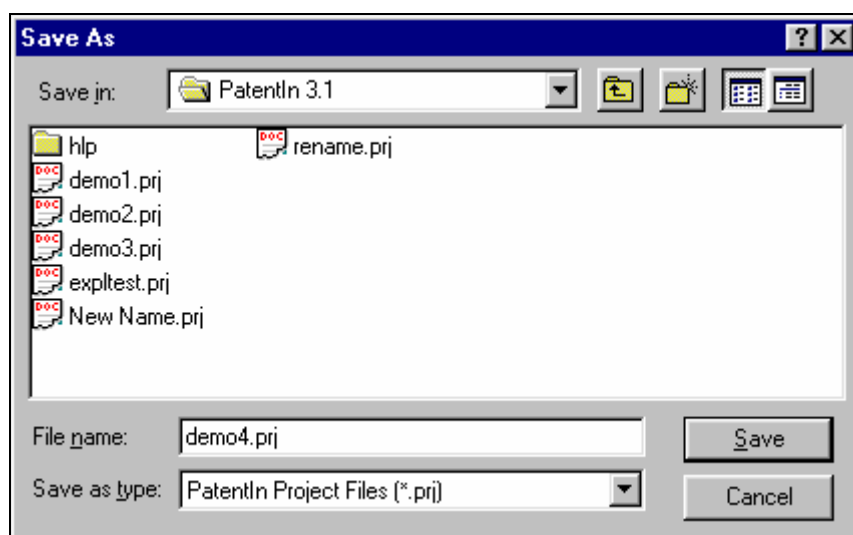


図 8-3 : 結果表示画面

① 非常に大きな配列や多数の配列を処理する場合の特別注：

USPTO は、非常に大きなテキストファイルを速やか処理するビューアを、ウェブサイトに置いています。ビューアの 60 日間評価バージョンが www.fileviewer.com <<http://www.fileviewer.com>> からダウンロードできます。ビューアの名前は『V』、バージョンは 2000 SR-1 です。60MB と 120MB のファイルでテストし『動作良好』でした。ビューアは、ほぼ全てのサイズのファイルを管理できます。テストにはラップトップ型 PC、Windows98 を利用しました (インストールには LocalAdmin が必要です)。USPTO は、本製品を推奨してはいませんが、このビューアに適している製品例として挙げています。

8.4 配列表をディスクにコピーする

ディスクへのコピー画面（図 8-4）では、ファイルコピー先のドライブ名、コピーしたファイルの名称、コピーしたファイルの形式を指定することができます。

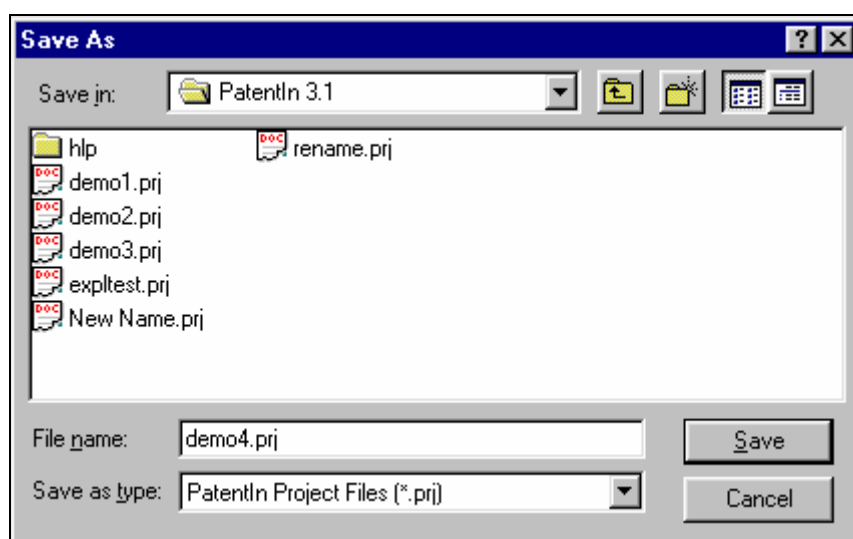


図 8-4 : ディスクへのコピー画面

配列表のコピー方法 :

1. **Application Steps** メニュー（図 4-1）から **Copy to Disk** を選択してください。
2. **Save in** フィールド（図 8-4）にドライブ名を入力してください。
3. **File Name** フィールドにファイル名を入力してください。
4. **Save in :** フィールドに **.txt** か **.zip** を選択してください。
5. **Save** をクリックするとサブミットします。

.txt を選択すると、PatentIn はディスクに配列ファイルを保存する十分な空領域があるかどうかチェックします。空領域があると、ファイルを選択した場所にコピーします。空領域が足りない場合は、**.zip** 形式で保存するように提案します。

①注 : **.zip** 形式はフロッピーディスクのみでの利用となります。また、ディスクに書き込みをする前にフォーマットします。

①注 : 通常、ハードドライブを選択すると、このコピーのターゲットとして、削除可能な媒体を選択することになります。

①注 : **CD** に保存するには、他のドライブと同様の機能を持つ **CD** が必要です。つまり、**CD** がディスクドライブ（例 : **F** ドライブ）であるかのように、エクスプローラタイプのコマンドを行なうことができるものがが必要です。このドライ

ブがなくても、ファイルを作成するとハードドライブにそのファイルを置くことができます。ファイル名は、『プロジェクト名 ST25.txt』となります。

付録 A

略語

付録 A
略語一覧

ARIPO	アフリカ地域工業所有権機関
ASCII	米国情報交換用標準コード
CDS	コーディング配列
CSC	コンピュータ・サイエンス・コーポレーション
DLL	ダイナミックリンクライブラリ
DNA	デオキシリボ核酸
EPO	欧州特許庁 (EPO)
FQT	機能品質テスト (Functional Qualification Test / Functional Quality Testing)
GPI	グリコシルホスファチジルイノシトール
LTR	末端反復配列
MB	メガバイト
MHz	メガヘルツ
PC	パーソナルコンピューター
PCR	プライマリ・コーディング・リージョン
PTO	特許商標庁
RNA	リボ核酸
scRNA	細胞質低分子 RNA
STS	配列標識部位
TM02	Task Management Plan
URL	URL
USPTO	米国特許商標庁
UTR	非翻訳領域
WIPO	世界知的所有権機構
WPI	Web PatentIn
WWW	World Wide Web

付録 B

フィールドの識別名、長さ、タイプ

付録 B

フィールドの識別名、長さ、タイプ

下表 B-1 は、データ入力画面に表示される全フィールドの名称、長さ、タイプの一覧です。フィールドの識別名は、未処理のデータファイルと配列表プロジェクトファイルの WPI データを区別するために用います。

表 B-1：フィールド名、識別名、長さ、タイプ

フィールド識別名	フィールド名	フィールドの長さ	フィールドタイプ A-アルファベット N-数字
N/A	プロジェクト名	8	AN
<110>	出願人氏名又は名称	1200	AN
<120>	発明の名称	240	AN
<130>	整理番号	60	AN
<140>	出願国及び番号	23	AN
<141>	出願日	8	N
<150>	優先権のもととなった出願をした国名及び番号	23	AN
<151>	優先日	8	N
N/A	配列ファイル名	8	AN
<160>	配列の総数	5	N
<170>	ソフトウェア	60	AN
<210>	配列番号	5	N
<211>	配列の長さ	6	N
<212>	配列の型	3	A
<213>	生物名	60	AN
<220>	配列の特徴	0	B
<221>	配列の特徴を表わす記号	20	AN
<222>	存在位置	12	N
<223>	他の情報	260	AN
<300>	文献情報	0	B
<301>	著者	120	AN
<302>	(文献) 名	120	AN
<303>	刊行物 (名)	40	AN
<304>	巻数	5	AN
<305>	号数	5	AN
<306>	ページ	20	AN
<307>	発行年月日	30	AN
<308>	データベース アクセッション番号	45	AN
<309>	データベース入力日	8	N
<310>	文献番号	18	AN
<311>	出願日	8	N
<312>	公開日	8	N
<313>	対応配列番号	20	N
<400>	配列明細	100,000	AN

付録 C

国コード

付録 C 国コード

表 C-1 は、**Project Data** 画面（図 4-2）の **Current Application Number** のフィールド、及び **Prior Application Information** 画面（図 4-3）の **Prior Application Number** のフィールドを入力する際に使用する国コードの一覧です。

表 C-1 : 国コード

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

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

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

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

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

付録 D

ヌクレオチドトリプレット（コドン）と

1文字および3文字アミノ酸コードの変換表

付録 D

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

表 D-1 は、PRT/1 データを配列明細フィールドにキー入力したり、PRT/3 データをインポートしたり、配列明細フィールドの PRT/1 データを変換したりするために用いることのできる文字の一覧です。対応するヌクレオチドトリプレットデータは、配列表プロジェクトファイルの生成過程で、CDS の特徴を持つコドン (ヌクレオチドトリプレット) 全てがアミノ酸配列記号 (PRT/3) に変換されるときに用いられます。

表 D-1 : ヌクレオチド記号とアミノ酸記号の変換

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

付録 E

ヌクレオチド配列の特徴

付録 E
ヌクレオチド配列の特徴

表 E-1 は、**Sequence Type** に DNA か RNA を選択して **Names** ボタンをクリックしたときに配列画面に表示される、ヌクレオチド配列の特徴の一覧です（アルファベット順）。ヌクレオチドの選択リストは、**Nucleotide** ボックス端のアーロボタンをクリックすると表示されます。選択リストの配列の特徴をクリックすると、**Feature Name/Key** フィールド（<221>）に配列の特徴名が表示されます。

表 E-1：ヌクレオチド配列の特徴

記号	説明
allele	関連する個体又は系統がこの存在位置(及び他の位置の場合もある)に提示されている配列とは異なる同一の遺伝子の安定した別の形を含んでいる。
attenuator	(1) 転写終了の調整が行われる DNA 領域、いくつかの細菌オペロンの発現を制御する。 (2) プロモーターと、部分的な転写の終了を引き起こす最初の構造遺伝子の間にある配列部位。
C_region	免疫グロブリンの軽鎖及び重鎖、T 細胞レセプターのアルファ、ベータ、ガンマ鎖の不動領域。鎖によっては 1 又は 2 以上のエクソンを含む。
CAAT_signal	CAAT ボックス：RNA ポリメラーゼ結合に関与できる真核生物の転写単位の開始点から約 75bp 上流に位置する保存配列の一部。共通配列=GG(C 又は T)CAATCT
CDS	コーディング配列：タンパク質中のアミノ酸配列に一致するヌクレオチドの配列(存在位置は終止コドンを含む)。特徴はアミノ酸の概念翻訳を含む。
conflict	「同一」配列の独自の決定がこの存在位置又は領域で異なる。
D-loop	置換ループ：RNA の短い部分が DNA 鎖と対をつくるミトコンドリア DNA 内の領域であり、ここで元のパートナーの DNA 鎖と置き換わる。RecA タンパク質による触媒反応において単鎖インバーダーによる 2 本鎖 DNA の 1 本の鎖の領域の置換を説明するためにも使用される。
D-segment	免疫グロブリンの重鎖及び T 細胞レセプターのベータ鎖の相

	違部位
enhancer	(いくつかの)真核生物プロモーターの利用を増やすシス形作用の配列であり、プロモーターを基準として、いずれの方位及び存在位置(上流又は下流)にも機能することができる。
exon	スプライスされた mRNA の一部についてコーディングするゲノム領域。5'UTR、すべての CDS、3'UTR を含むことができる。
GC_signal	GC ボックス：複数コピーも又はどちらの方位にも可能な真核生物の転写単位の開始点の上流に位置する保存 GC に富む領域。共通配列=GGGCGG
gene	遺伝子として特定され、それに対して名称が割り当てられている生物学的に重要な領域。
iDNA	介在 DNA：何種類かの組換えによって排除される DNA。
intron	転写される DNA の部位だが、いずれかの側の配列(exons)と共にスプライスすることによって転写の範囲から取り除かれる。
J_segment	免疫グロブリンの軽鎖及び重鎖並びに T 細胞レセプターのアルファ、ベータ、ガンマ鎖の結合部位。
LTR	長い末端リピート。定義された配列の両端で直接繰り返される配列、レトロウイルスに一般的に見うけられる種類のもの。
mat_peptide	成熟ペプチド又は成熟タンパク質のコーディング配列; 翻訳後の修飾体に続く成熟又は最終ペプチド又はタンパク質に関するコーディング配列。存在位置は終止コドンを含まない(対応する CDS と異なる)。
misc_binding	他の結合記号(primer_bind 又は protein_bind)では記述できないもう 1 つの部分を共有又は非共有結合する核酸の場所。
misc_difference	特徴を有する配列が、記載の際に提示されたものと異なり、他の相違記号(conflict, unsure, old_sequence, mutation, variation, allele 又は modified_base)によって記述することができない。
misc_feature	他の特徴を表す記号では記述できない生物学的に重要な領域。新しい又はまれな特徴。
misc_recomb	他の組換え記号(iDNA 及び virion)又はソース記号のクオリファイアー(/insertion_seq, /transposon, /proviral)では記述できない 2 本鎖 DNA の切断及び再結合がある場合、一般化された、その場所特有の又は複製にかかわる組換え部位
misc_RNA	他の RNA 記号(prim_transcript, precursor_RNA, mRNA, 5'clip, 3'clip, 5'UTR, 3'UTR, exon, CDS, sig_peptide, transit_peptide, mat_peptide, intron, polyA_site, tRNA, scRNA, snRNA)では定義できない転写又は RNA 生成物。

misc_signal	他のシグナル記号 (promoter, CAAT_signal, TATA_signal, -35_signal, -10_signal, GC_signal, RBS, polyA_signal, enhancer, attenuator, terminator, rep_origin)では記述できない遺伝子機能又は発現を制御又は変更するシグナルを含む領域。
misc_structure	他の構造記号(stem_loop 及び D_loop)では記述できない 2 次構造、3 次構造又は配座。
modified_base	表示されたヌクレオチドが修飾ヌクレオチドであり、指定された分子(mod_base クオリファイアードで示される)と置換されなければならない。
mRNA	メッセンジャー(伝令)RNA ; 5'の翻訳されていない領域(5'UTR)、コーディング配列(CDS, exon)及び3'の翻訳されていない領域(3'UTR)を含む。
記号	説明
mutation	関連系統が、この存在位置の配列に遺伝する突然変異を有する。
N_region	転位された免疫グロブリンの部位の間に挿入される余剰ヌクレオチド
old_sequence	与えられた配列がこの存在位置で配列の全バージョンを改定
polyA_signal	ポリアデニレーションの前に生じる RNA 転写のエンドヌクレアーゼによる切断に必要な認識領域。
polyA_site	転写後ポリアデニレーションによりアデニン残基が追加される RNA の写しの場所。
precursor_RNA	まだ成熟 RNA になっておらず、5'のクリップされた領域(5'clip)、5'の翻訳されていない領域(5'UTR)、コーディング配列(CDS, exon)、介在配列(intron)、3'の翻訳されていない領域(3'UTR)、3'のクリップされた領域(3'clip)を含むことができる RNA 種。
prim_transcript	第 1 の(最初の、未処理の)写し ; 5'のクリップされた領域(5'clip)、5'の翻訳されていない領域(5'UTR)、コーディング配列(CDS, exon)、介在配列(intron)、3'の翻訳されていない領域(3'UTR)、3'のクリップされた領域(3'clip)を含む。
primer_bind	複製、転写又は逆転写を開始するための非共有プライマー結合の場所。PCR プライマー要素といった合成場所を含む。
promoter	転写を開始するために RNA ポリメラーゼの結合に関与する DNA 分子上の領域
protein_bind	核酸の非共有タンパク質結合の場所
RBS	リボソームの結合場所

repeat_region	リピート単位を含むゲノムの領域
repeat_unit	単一のリピート要素
rep_origin	複製の始まり；2つの同一コピーを与えるために核酸の複製を開始する場所
rRNA	成熟リボソーム RNA；アミノ酸を集めてタンパク質を作るリボ核蛋白質の粒子(リボソーム)の RNA 構成要素。
S_region	免疫グロブリンの重鎖の切り替え領域；同じ B 細胞から異なる免疫グロブリン等級の発現を導く重鎖 DNA の転位に関与する。
satellite	(同一又は関連している)短い基本のリピート単位を縦列に大量に繰り返したもの；多くはバルク(主要バンド)ゲノム DNA と区別することができるゲノム平均と異なる塩基合成又はその他の性質を有する。
scRNA	小さい細胞質 RNA；細胞質及び(時々)真核生物の核に存在するいくつかの小さい細胞質 RNA 分子の 1 つ
sig_peptide	シグナル・ペプチド・コーディング配列；分泌されるタンパク質の N 末端領域についてのコーディング配列。この領域は発生期のポリペプチドを膜に付着させることに関与する。リーダー配列。
snRNA	小さい核 RNA；細胞核に閉じ込められている大量の小さい RNA 種の 1 つ。snRNA のいくつかはスプライシング又はその他の RNA 処理反応に関与する。
source	配列の指定範囲の生物学的ソースを特定する。この記号は必須である。あらゆる記載事項は最低でも配列全体におよぶ単一のソース記号を有する。1 配列に付き複数のソース記号があってもよい。
stem_loop	ヘアピンループ；RNA 又は DNA の 1 本鎖で隣接する(逆の)相補的配列の間の塩基対合によって形成される二重らせん領域。
STS	配列標識サイト；ゲノム上の位置付けの目印としての特徴をなす短いシングル・コピー DNA 配列で、PCR によって検出できる。ゲノムの領域は連続する STS の順序を決定することによって位置付けることができる。
TATA_signal	TATA ボックス；Goldberg-Hogness ボックス；真核生物 RNA ポリメラーゼ II の転写単位それぞれの開始点より約 25bp 前にある保存 AT に富む septamer。その転写単位は正しく転写を開始するための酵素を位置付けることに関与する。共通配列 =TATA(A or T)A(A or T)

terminator	写しの末端に又はRNAポリメラーゼに転写を終了させるプロモーター領域に隣接して配置されるDNA配列。リプレッサー・タンパク質の結合場所でもある。
transit_peptide	転移ペプチド・コーディング配列；核符号化された細胞小器官のタンパク質のN末端領域についてのコーディング配列。この領域はタンパク質を細胞小器官に翻訳後導入することに関与する。
tRNA	成熟トランスファーRNA、核酸配列のアミノ酸配列への翻訳を媒介する小さいRNA分子(75-85塩基)。
unsure	作者がこの領域の実際の配列について確信がないこと。
V_region	免疫グロブリンの軽鎖及び重鎖並びにT細胞レセプターのアルファ、ベータ、ガンマ鎖の変異性領域。変異性アミノ末端部分についてのコード。V_segments, D_segments, N_regions, J_segmentsから構成することができる。
V_segment	免疫グロブリンの軽鎖及び重鎖、T細胞レセプターのアルファ、ベータ、ガンマ鎖の変異性部位。ほとんどの変異性領域(V_region)及びリーダー・ペプチドの最後のわずかなアミノ酸に関するコード。
variation	関連系統が、この存在位置(及び他の場所の場合も)に示されている配列と異なる同じ遺伝子(例えば、RFLP、多形など)からの安定な突然変異を含む。
3'clip	処理中にクリップされる先駆物質の写しの3'のほとんどの領域
3'UTR	タンパク質に翻訳されない(終止コドンの後の)成熟した写しの3'末端の領域。
5'clip	処理中にクリップされる先駆物質の写しの5'のほとんどの領域
5'UTR	タンパク質に翻訳されない(開始コドンの前の)成熟した写しの5'末端の領域
-10_signal	プリブナウ・ボックス；RNAポリメラーゼの結合に関与する細菌性転写単位の開始点から上流に約10bpの保存領域。共通配列=TAtAaT
-35_signal	細菌性転写単位の開始点から上流に約35bpの保存される6量体

付録 F

アミノ酸配列の特徴

付録 F
アミノ酸配列の特徴

表 F-1 は、**Sequence Type** に PRT を選択して **Names** ボタンをクリックしたときに **Features** 画面に表示される、アミノ酸配列の特徴の一覧です（アルファベット順）。配列の特徴の選択リストは、**AminoAcids** ボックス端のアローボタンをクリックすると表示されます。選択リストの配列の特徴をクリックすると、**Feature Name/Key** フィールドに配列の特徴名が表示されます。

表 F-1：アミノ酸配列の特徴

記号	解説
ACT_SITE	酵素の活性に関与するアミノ酸
BINDING	化学基の結合部位(補酵素、接合団など)。基の化学的性質は、明細書の本文に記載される。
CA_BIND	カルシウム結合領域の範囲
CARBOHYD	グリコシレーションの部位。糖質の性質は、(既知であれば) 明細書の本文に記載される。
CHAIN	成熟タンパク質のポリペプチド鎖の範囲
CONFLICT	他の論文が異なる配列について報告している
DISULFID	ジスルフィド結合。開始点と終止点が鎖内のジスフィルド結合で連結した 2 個の残基を示している。開始点と終止点が同一点ならば、鎖間ジスフィルド結合を表す。架橋の性質は、明細書の本文に記載される。
DNA_BIND	DNA 結合領域の範囲
DOMAIN	配列の重要領域の範囲。この領域の性質は明細書の本文に記載される。
HELIX	二次構造。ヘリックス。例) らせん体、 α ヘリックス、 3(10) ヘリックス、 π ヘリックス
INIT_MET	配列がイニシエータメチオニンで開始されることを示す
LIPID	脂質部分の共有結合
MAT_PEPTIDE	成熟ペプチド。成熟ペプチドもしくは最終ペプチドの、または翻訳後修飾に続くタンパク質生成物の配列
METAL	金属イオンの結合部位。この金属の性質は、明細書の本文に記載される。

記号	解説
MISC_FEATURE	他の特徴記号では表示できない生物学上の重要な領域。新しいまたはまれな特徴。
MOD_RES	翻訳後の残基修飾
MUTAGEN	実験的に変更した部位
NON_CONS	非連続残基。配列の 2 個の残基は連続しておらず、配列されていない多くの残基がその間にあることを示す。
NON_TER	配列の末端にある残基が、末端の残基ではないということ。位置 1 にあてはめると、最初の位置は完全分子の N 末端ではないことを意味する。最後の位置にあてはめると、この位置は完全分子の C 末端ではないことを意味する。この記号は、明細書に記載されない。
NP_BIND	ヌクレオチドリン酸結合領域の範囲。ヌクレオチドリン酸の性質は、明細書の本文に記載される。
PEPTIDE	放出活性ペプチドの範囲
PROPEP	プロペプチドの範囲
REPEAT	内部配列の反復の範囲
SIGNAL	シグナル配列 (プレペプチド) の範囲
SIMILAR	他のタンパク質配列との類似の範囲。配列の正確な情報は、明細書の本文に記載される。
SITE	配列上のその他の重要部位
STRAND	二次構造: β 鎖、例) 水素結合した β 鎖、または独立 β 架橋中の残基
THIOETH	チオエーテル結合。開始点と終了点がチオエーテル結合によって結合された 2 残基を表す。
THIOLEST	チオールエステル結合。開始点と終了点がチオールエステル結合によって結合された 2 残基を表す。
TRANSIT	トランシット・ペプチドの範囲 (ミトコンドリア、クロロプラスチック、またはミクロボディーに関する)
TRANSMEM	膜内外領域の範囲
TURN	二次構造。ターン。例) H 結合ターン (3 -ターン、 4 -ターン、 5 -ターン)
UNSURE	配列が不明確であること。作成者が配列の指定について確信がない配列の領域を記述するために使用される。
VARIANT	配列の変異体が存在すると作者が報告している
VARSP LIC	別のプライミングにより作り出される配列の変異体の記述
ZN_FING	ジンクフィンガー領域の範囲

付録 G

MOD_RES 配列の特徴のデータ表

付録 G

MOD_RES 配列の特徴のデータ表

付録 G には、**Sequence Type** に PRT を選択し、選択リスト中の配列の特徴から MOD_RES を選択したときに、Features 画面に表示される、追加の変更残基 (MOD_RES) **Sequence Features** のリスト (アルファベット順) を記載します。選択リスト中の配列の特徴をクリックすると、**Feature Name/Key** フィールド (<221>) に MOD_RES と表示され、最初に MOD_RES (表 G-1) に対応する **Add the following MOD_RES to the Other Information field** が、次に MOD_RES (表 G-2) に対応する **Add the following MOD_RES to the Other Information field** が表示されます。表示されたフィールドのどちらか一方、または両方から選択することができます。選択すると、**Other Information** フィールド (<223>) にデータが表示されます。

表 G-1 : MOD_RES 配列の特徴に対応する最初のデータ表

記号	説明
	空白文字 (デフォルト値オプション)
ACETYLATION	N 末端又はその他
AMIDATION	成熟活性ペプチドの C 末端に一般的
BLOCKED	N 末端又は C 末端の未確認ブロック基
FORMYLATION	N 末端のメチオニンに関する
GAMMA-CARBOXYG LUTAMIC ACID HYDROXYLATION	アスパラギン、アスパラギン酸、プロリン又はリジンに関する
METHYLATION	一般的にリジン又はアルギニンに関する。
PHOSPHORYLATION	セリン、トレオニン、チロシン、アスパラギン酸又はヒスチジンに関する
PYRROLIDONE CARBOXYLIC ACID	内部環式ラクタムを形成した N 末端グルタミン酸塩
SULFATATION	一般的にチロシンに関する

表 G-2 : MOD_RES 配列の特徴に対応する第 2 のデータ表

記号	意味
	空白文字 (デフォルト値オプション)
Aad	2-アミノアジピン酸

記号	意味
bAad	3-アミノアジピン酸
bAla	ベータアラニン、ベータアミノプロピオン酸
Abu	2-アミノ酪酸
4Abu	4-アミノ酪酸、ペピリジン酸
Acp	6-アミノカプロン酸
Ahe	2-アミノヘプタノイル酸
Aib	2-アミノイソ酪酸
bAib	3-アミノイソ酪酸
Apm	2-アミノピメリン酸
Dbu	2,4 ジアミノ酪酸
Des	デスマシン
Dpm	2、2'-ジアミノピメリン酸
Dpr	2、3-ジアミノプロピオン酸
EtGly	N-エチルグリシン
EtAsn	N-エチルアスパラギン
Hyl	ヒドロキシリジン
aHyl	アロ-ヒドロキシリジン
3Hyp	3-ヒドロキシプロリン
4Hyp	4-ヒドロキシプロリン
Ide	イソデスマシン
alle	アロ-イソロイシン
MeGly	N-メチルグリシン、サルコシン
Melle	N-メチルイソロイシン
MeLys	6-N-メチルリジン
MeVal	N-メチルバリン
Nva	ノルバリン
Nle	ノルロイシン
Orn	オルニチン

付録 H

追加の脂質配列の特徴

付録 H
追加の脂質配列の特徴

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

表 H-1：追加の脂質配列の特徴

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

付録 I

配列明細フィールドで有効な文字

付録 I

配列明細フィールドで有効な文字

表 I-1 は、配列明細フィールドにキー入力するか、DNA や RNA データをインポートする際に、フィルターとして用いることのできる文字のリストです。PRT/1 と PRT/3 のデータリストは、配列表プロジェクトファイル生成過程で、1 文字のタンパク質データがアミノ酸省略名 (PRT/3) データに変換される際に利用されます。

表 I-1 : 配列明細フィールドで有効な文字

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

付録 J

追加の **MODIFIED_BASE** 配列の特徴

付録 J

追加の MODIFIED_BASE 配列の特徴

表 J-1 は、**Sequence Type** に DNA か RNA を選択し、選択リスト中の配列の特徴から **modified_base** を選択したときに、Features 画面に表示される追加の **modified_base** 配列の特徴リスト（アルファベット順）です。選択リスト中の配列 Feature をクリックすると、**Feature Name/Key** フィールド（<221>）に **modified_base** が表示され、さらに **ADD the following Modified_base to the Other Information field** が表示されます。**ADD the following LIPID to the Other Information field** からデータを選択すると、**Other Information** フィールド（<223>）に表示されます。

表 J-1 : Modified_base 配列の特徴

記号	意味
ac4c	4-アセチルシチジン
chm5u	5-（カルボキシヒドロキシメチル）ウリジン
cm	2'-o-メチルシチジン
cmnm5s2u	5-カルボキシメチルアミノメチル-2-チオウリジン
cmnm5u	5-カルボキシメチルアミノメチルウリジン
d	ジヒドロウリジン
fm	2'-O-メチルプソイドウリジン
gal q	ベータ、D-ガラクトシルキェオシン
gm	2'-O-メチルグアノシン
I	イノシン
i6a	N6-イソペンテニルアデノシン
m1a	1-メチルアデノシン
m1f	1-メチルプソイドウリジン
m1g	1-メチルグアノシン
m1I	1-メチルイノシン
m22g	2,2,-ジメチルグアノシン
m2a	2-メチルアデノシン
m2g	2-メチルグアノシン
m3c	3-メチルシチジン
m5c	5-メチルシチジン
m6a	N6-メチルアデノシン
m7g	7-メチルグアノシン

mam5u	5-メチルアミノメチルウリジン
mam5s2u	5-メトキシアミノメチル-2-チオウリジン
man q	ベータ、D-マンノシルキューエオシン
mcm5s2u	5-メトキシカルボニルメチル-2-チオウリジン
mcm5u	5-メトキシカルボニメチルウリジン
mo5u	5-メトキシウリジン
ms2i6a	2-メチルチオ-N6-イソペンテニルアデノシン
ms2t6a	N-((9-ベータ-D-リボフラノーシル-2-メチルチオプリン-6-基)カルバモイル)トレオニン
mt6a	N-((9-ベータ-D-リボフラノーシルプリン-6-基)N-メチルカルバモイル)トレオニン
mv	ウリジン-5-オキシ酢酸-メチルエステル
o5u	ウリジン-5-オキシ酢酸
osyw	ワイプトキソシン
p	プソイドウリジン
q	キューエオシン
s2c	2-チオシチジン
s2t	5-メチル-2-チオウリジン
s2u	2-チオウリジン
s4u	4-チオウリジン
t	5-メチルウリジン
t6a	N-((9-ベータ-リボフラノーシルプリン-6-基)-カルバモイル)トレオニン
tm	2'-O-メチル-5-メチルウリジン
um	2'-O-メチルウリジン
yw	ワイプトキソシン
X	3-(3-アミノ-3-カルボキシ-プロピル)ウリジン、(acp3)
u	

付録 K

技術注

付録 K

技術注

K.1 MICROSOFT® ACCESS に関する注

PatentIn 3.1 は、**Microsoft® Access** のプログラムである **patin2xconvert.mdb** にパッケージされています。これには、**PatentIn 2.1** で用いられている標準データベースへのリンクが含まれています。このディレクトリを見るためには、**Link Table Manager** をインストールしなければなりません。同様に、**PatentIn 2.1** ファイルを読み取るためには、**Data Access** ファイルに **dBASE 5** を組み込まなければなりません。

K.1.1 Microsoft® Access 97 のインストール

以下は、**Office 97** 向けインストールの概要です。

1. **CD** を入れセットアップします。
2. **Custom** インストールを選択します。通常のインストールでは、必要なすべてのコンポーネントをインストールできません。
3. **Microsoft® Access** を選択します。
4. **Change Options** ボタンをクリックします。
5. **Advanced Wizards** を選択します。
6. メイン画面に戻ります。
7. **Data Access** を選択します。
8. **Change Options** ボタンをクリックします。
9. **Database Drivers** を選択します。
10. **Change Options** ボタンをクリックします。
11. **dBase & Microsoft® FoxPro Drivers** を選択します。
12. メイン画面に戻ります。
13. インストール（または追加）を終了します。

K.1.2 使い方のヒント

1. **patin2xconvert.mdb** は、**CWPI.exe** と同じディレクトリになければな

りません。そこには、ヘルプディレクトリがなければなりません。

2. **patin2xconvert.mdb** は、インポートを行なう度にリンクを更新します。
3. **patin2xconvert.mdb** を個別に開いて、Microsoft® Access のコンポーネントすべてが利用可能か確認することができます。
 - a. Link Table Manager は、Office 97 の Tools | Add-Ins および Office 2000 の Database Utilities にあります。
 - b. selecting File | Get External Data | Link Tables... を選択すると、ドライバーの確認ができます。From File Types が、dBASE 5 (*.dbf) をインクルードしているはずです。
4. **patin2xconvert.mdb** には、リレーションがありません。
5. **patin2xconvert.mdb** からは、コード/照会できません。
6. **patin2xconvert.mdb** からのデータ探索は、リンクしたデータそのものを、更新できるため、必要な場合でもお勧めできません（新規データの場合は、そのデータのバックアップがあるか確認する必要があります）。
7. Microsoft® から配布されるコンポーネントである **MDAC** では、このインポートを実行するには不十分です。

K.2 一般的ヒント

1. インストールするには、コンピュータ毎に Dynamic Link Library (DLL) 登録が必要です。
2. PatentIn 3.1 には、ロングネームが使用できます。
3. ペーストでは、非常に長いシーケンスの処理容量を減らすために、データをプレスキャン（有効に）できません。
4. ファイル実行コマンドである **Copy to Disk** で、ユーザーのハードドライブから外付媒体へファイルをコピーできます。通常はハードドライブへのコピーはできません。
5. ヘルプファイルは、**ASCII** ファイルです。これは、ローカルドライブで更新でき、各国語への翻訳もできます。
6. 通常、コンピュータに特にインストールされていない設定があると、画面が現れなかったり、ちらついたりします。

7. **Windows 2000** では、**Alt** キーを押さないとツールバーのアンダーラインを表示できないようデフォルトしてあります。

今後、機能の追加が発表される予定はありませんが、メンテナンスについては必ず発表があると思われまます。しかし、報告されない問題を解消することはできません。今後どのような機能追加があっても、**Windows 95** のリテール版は除外されると思われまます。**Windows 95SP2** は、そのまま支援されまます。

K.3 インストールおよびテストに関する注

PatentIn 3.1 の導入に伴い、**PatentIn 3.1** のディレクトリに新たに **3** つの **DLL** をインストールしまます。通常は、**C:¥Program Files¥USPTO¥PatentIn 3.1** にあり、それは、

DDAO35.DLL

MFC42.DLL

MSVCRT.DLL

の **3** つです。

各ユーザーが、それぞれを自己登録しまます。新規インストールの場合と同様に、システムのバックアップをままず取ることをお勧めしまます。システムネットワーク担当者は、コンフリクトによりこれらの **DLL** の登録を解除しようする場合は、コマンドである

```
regsvr32 -u "C:¥Program Files¥USPTO¥PatentIn 3.1¥ddao35.dll"
```

```
regsvr32 -u "C:¥Program Files¥USPTO¥PatentIn 3.1¥mfc42.dll"
```

```
regsvr32 -u "C:¥Program Files¥USPTO¥PatentIn 3.1¥msvcrt.dll"
```

を **Start|Run** から実行できまます（登録文を解除する登録文には、「**-u**」が付されています）。ユーザーには、**Control Panel Add/Remove** 処理により完全にアンインストールできるよう設定されています。

K.3.1 コンフィギュレーションのテスト

以下のコンフィギュレーションをテストに使用しまました。

Microsoft® Windows 95

Version 4.00.950 B

Internet Explorer: 3.0(4.70.1158)

Microsoft® Windows 98

Version 4.10.2222 A

Internet Explorer 5.00.2614.3500

Microsoft® Windows NT

Version 4.00,1381

Internet Explorer 5.50.4134.0600

Microsoft® Windows 2000 Professional

Version 5.00.2195

Internet Explorer 5.00.3103.1000

Microsoft® Windows ME

このバージョンは、公にテストされませんでした。ベータテストでは、このバージョンには何ら問題はありませんでした。

すべてのコンフィギュレーションをまとめてテストすることはできませんが、**PatentIn** は、上記すべてに何ら悪影響を与えないと思われま

K.3.2 Internet Explorer に関する考察

Internet Explorer は、**Checker** および/または **PatentIn** のいずれかが使用している幾つかの **DLL** と伴に起動します。**USPTO** が、使用している **DLL** を **PatentIn** から隔離しようとしていたところ、**Checker/PatentIn 3.0** のユーザーから、このうち的一方または両方と **Microsoft® Windows 98** の **Internet Explorer 4.0** との間に不具合があることが報告されました。このユーザーは速やかにこの不具合を隔離し、**USPTO** は、**Internet Explorer 5.0** にアップグレードすることでこの不具合を解消できるとの報告を受けました。