



**OMPI**

ORGANISATION MONDIALE  
DE LA **PROPRIÉTÉ**  
INTELLECTUELLE

# **Outil bureautique WIPO Sequence**

Webinaire de formation

# De quoi allons-nous parler aujourd'hui?

- But de l'outil
- Principales vues dans l'interface : page d'accueil "Projets", détails du projet
- Les principales caractéristiques proposées :
  - Créer un projet et des séquences
  - Importer les données des listages des séquences – différents formats acceptés
  - Valider les données des listages des séquences – rapport de vérification
  - Ajouter les données du projet – clés de caractérisation et qualificateurs
  - Qualificateurs de texte libre et exportation dans XLIFF
  - Générer des listages des séquences selon la norme ST.26
- Appui linguistique et définition des préférences

# Ce que nous n'allons pas aborder

- Ce qui est traité dans l'introduction à la norme ST.26 de l'OMPI :  
[https://www.wipo.int/meetings/fr/details.jsp?meeting\\_id=62848](https://www.wipo.int/meetings/fr/details.jsp?meeting_id=62848)
- Si vous n'avez pas terminé ce module, veuillez consulter la norme ST.26 de l'OMPI à l'adresse suivante :  
<https://www.wipo.int/export/sites/www/standards/fr/pdf/03-26-01.pdf>
- Les progrès accomplis dans le développement de WIPO Sequence – la première version officielle qui sera utilisée à la date de mise en œuvre effective de la norme ST.26 sera disponible en avril 2022.

# But de l'outil bureautique WIPO Sequence

- À compter du 1<sup>er</sup> juillet 2022, tous les listages des séquences déposés au niveau international, national ou régional devront être conformes à la norme ST.26 de l'OMPI.
- WIPO Sequence : outil bureautique commun produit par l'OMPI pour créer et valider des listages des séquences selon la norme ST.26 de l'OMPI.
- WIPO Sequence : outil produit par l'OMPI pour faire en sorte que les déposants du monde entier aient accès au même outil gratuit.

# WIPO Sequence : installation

- Tous les modules d'installation et la documentation d'aide aux utilisateurs peuvent être téléchargés à partir de la page d'accueil de WIPO Sequence, à l'adresse

<https://www.wipo.int/standards/fr/sequence>

- L'outil bureautique WIPO Sequence est compatible avec les systèmes d'exploitation MS Windows, Mac OSX et Linux.
- Une fonctionnalité de mise à jour automatique avertit l'utilisateur lorsqu'une nouvelle version sera disponible.
- De nouvelles conditions générales d'utilisation doivent être acceptées d'installer une nouvelle version sur votre ordinateur.

# WIPO Sequence : important

- L'ensemble des listages des séquences générés et des données relatives aux projets figurant dans WIPO Sequence sont stockés **localement** (sur l'ordinateur de l'utilisateur).
- Les projets peuvent être créés et les listages des séquences générés hors ligne, mais la fonction de mise à jour automatique nécessite une connexion à l'Internet.
- WIPO Sequence est mis à la disposition de tous les déposants à titre gratuit, sans fourniture du code source.

# Page d'accueil "Projets"


NEW PROJECT IMPORT PROJECT IMPORT SEQUENCE LISTING VALIDATE SEQUENCE LISTING

## PROJECTS



Project name ◦	Applicant file reference	Applicant name	Invention title	Status	Creation Date 📅
<a href="#">Test ST.26 Import</a>				new	2019-04-03
<a href="#">SampleValidProject</a>	14283.6000-00000	BIOMX LTD.	BACTERIOPHAGE FOR MODULATING INFLAMMATORY BOWEL DISEASE	generated	2019-04-04


# Détails du projet

 **DEMONSTRATION PROJECT** VERIFICATION REPORT FREE TEXT QUALIFIERS IMPORT REPORT DISPLAY THE SEQUENCE LISTING PREFERENCES ENGLISH [Back To List](#)

GENERAL INFORMATION SEQUENCES

## DEMONSTRATION PROJECT

[Print](#) [Export](#) [Import Another Project](#) [Validate](#) [Generate Sequence Listing](#)

Project Name Demonstration Project	Creation date 2019-01-30	
File Name Sequence-list-import	Sequences 6	
Description This is a description for the project.	Status generated	

► **GENERAL INFORMATION**

► **SEQUENCES**



# Principales caractéristiques de l'outil (1)

- Créer un projet :
  - Informations générales
  - Séquences
  - Valider le projet
  - Générer le listage des séquences selon la norme ST.26
  - Imprimer le listage des séquences
  - Valider le listage des séquences conforme à la norme ST.26
  
- Listes personnalisées :
  - Organismes personnalisés
  - Personne et organisation


# Principales caractéristiques de l'outil (2)

- Importer :
  - Listage des séquences existant : ST.25/ST.26
  - Formats courants : FASTA/raw/multiséquences
  - Projet conforme à la norme ST.26 existant
  
- Caractéristiques de l'outil :
  - Préférences
  - Aide multilingue
  - Mise à jour automatique
  
- La liste complète des fonctionnalités de l'outil figure dans le manuel de l'outil bureautique WIPO Sequence, à l'adresse [https://www.wipo.int/export/sites/www/standards/fr/sequence/wipo\\_sequence\\_manual\\_1\\_0\\_0\\_FR.pdf](https://www.wipo.int/export/sites/www/standards/fr/sequence/wipo_sequence_manual_1_0_0_FR.pdf)

# Créer un projet (démon)

The screenshot shows the 'PROJECTS' section of the WIPO Sequence application. The top navigation bar includes the WIPO logo, 'Sequence', and menu items for 'PROJECTS', 'PERSONS & ORGANIZATIONS', and 'ORGANISMS'. On the right, there are links for 'PREFERENCES' and 'ENGLISH'. Below the navigation, a secondary menu offers 'NEW PROJECT', 'IMPORT PROJECT', 'IMPORT SEQUENCE LISTING', and 'VALIDATE SEQUENCE LISTING'. The main heading is 'PROJECTS'. A search box labeled 'Search project by name' with a magnifying glass icon is positioned on the right. A central message box states: 'Currently you do not have any projects in your list. In the 'Projects' area you can create a new project or import an existing project.'

# Ajouter les détails du projet : informations générales (démonstration)

 WIPO | Sequence

[Return to project home](#)

[INSECTICIDAL PROTEINS](#)
[VERIFICATION REPORT](#)
[FREE TEXT QUALIFIERS](#)
[IMPORT REPORT](#)
[DISPLAY THE SEQUENCE LISTING](#)
[HELP](#)
[PREFERENCES](#)
[ENGLISH](#)

Project Name Insecticidal Proteins Status modified Description Insecticidal proteins and methods for their use Source language code for free text qualifiers en Original free text language code en	Creation date 2021-04-07 File Name Insecticidal Proteins SL Sequences 0 Non English free text language code fr	✎
---	---	---

## GENERAL INFORMATION

### APPLICATION IDENTIFICATION

IP Office ▼

Application Identification* <ul style="list-style-type: none"> <li><input checked="" type="radio"/> Before the assignment of the application number</li> <li><input type="radio"/> After the assignment of the application number</li> </ul>	<b style="color: red;">Applicant file reference*</b> <p style="font-size: small; margin-top: 5px;">Application File Reference is a mandatory field when 'Before the assignment of the application number' is provided.</p>
--	--

# Tableau récapitulatif des séquences

**SEQUENCES**

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism
1	US20190136258A1-20190509-S00001_seq_SEQ ID NO 1	245	RNA	Rebilus crediton
2	Inserted sequence	41	DNA	Wohlfahrtiopsis bishoppi
3	US20190136258A1-20190509-S00001_seq_SEQ ID NO 2	1481		Pseudomonas sp.
4	US20190136258A1-20190509-S00001_seq_SEQ ID NO 3	1458		Pseudomonas monteilii

# Ajouter les détails du projet : une nouvelle séquence

- Dans la vue détaillée du projet, il est possible soit de créer une séquence soit d'importer une séquence dans le projet

The screenshot shows the top navigation bar of the WIPO Sequence application. The main navigation menu includes: WIPO | Sequence, INSECTICIDAL PROTEINS, VERIFICATION REPORT, FREE TEXT QUALIFIERS, IMPORT REPORT, DISPLAY THE SEQUENCE LISTING, HELP, PREFERENCES, and ENGLISH. A 'Return to project home' button is located in the top right corner. Below the navigation bar, the 'GENERAL INFORMATION' and 'SEQUENCES' tabs are visible. The 'SEQUENCES' section is active, displaying a heading 'SEQUENCES' and a row of five buttons: 'Create new sequence', 'Import sequence', 'Insert Sequence', 'Reorder Sequence', and 'Bulk Edit'. The 'Create new sequence' and 'Import sequence' buttons are highlighted with a red border. Below the buttons is a table with the following columns: Sequence ID Number, Sequence Name, Length, Molecule Type, and Organism.

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism
--------------------	---------------	--------	---------------	----------

# Créer une séquence

SEQUENCES

Create new sequence Import sequence Insert Sequence Reorder Sequence

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	INSDSeqMoltype	Organism					
1	WIPO   Sequence INSECTICIDAL PROTEINS	VERIFICATION REPORT	FREE TEXT QUALIFIERS	IMPORT REPORT	DISPLAY THE SEQUENCE LISTING	HELP	PREFERENCES	ENGLISH	Return to project home

1 2

Sequence Name\*  
Name/description for sequence

Molecule Type\*  
DNA

Residues\*  
agagagagagagagagagatttaaaatttttagagaatattagagagatatataggaagtatataggatatgagagtatagaggatataggatata

Organism name  
unidentified

Qualifier Molecule Type  
genomic DNA

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

Cancel Create sequence Create & Display Sequence

# Séquences omises

- Comme dans la norme ST.25, les séquences omises sont représentées par la série '000'
- Les séquences omises sont indiquées en cochant la case ci-dessous :

## SEQUENCE 2

Sequence Name* EP130135_N2067-7148W0 - SL_seq_2	Sequence Number (ID) 2
Molecule Type* AA	Length 45
Organism name synthetic construct	Qualifier Molecule Type protein
<input checked="" type="checkbox"/> Mark as an intentionally skipped sequence	



# Réorganiser les séquences (démonstration)

WIPO | Sequence INSECTICIDAL PROTEINS VERIFICATION REPORT FREE TEXT QUALIFIERS IMPORT REPORT DISPLAY THE SEQUENCE LISTING HELP PREFERENCES ENGLISH Return to project home

GENERAL INFORMATION SEQUENCES

## SEQUENCES

Create new sequence Import sequence Insert Sequence Reorder Sequence Bulk Edit

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism
1	Error four testing_seq_1	1004	DNA	unidentified
2	Error four testing_seq_2	191	AA	unidentified
3	Error four testing_seq_3	1004	DNA	synthetic construct
4	Error four testing_seq_4	191	AA	synthetic construct
5	Error four testing_seq_5	795	DNA	synthetic construct
6	Error four testing_seq_6	264	AA	synthetic construct

# Importer les listages des séquences existants

The screenshot displays the WIPO Sequence database interface. The top navigation bar includes 'WIPO | Sequence', 'PROJECTS', 'PERSONS & ORGANIZATIONS', 'ORGANISMS', 'PREFERENCES', and 'ENGLISH'. The main navigation area features 'NEW PROJECT', 'IMPORT PROJECT', 'IMPORT SEQUENCE LISTING' (highlighted with a red box), and 'VALIDATE SEQUENCE LISTING'. The 'IMPORT SEQUENCE LISTING' step is active, showing a form with the following fields and options:

- File name: insecticidal proteins.xml
- Project Name: Import Sequence Project (marked with a red circle '3')
- Options:  Select Range Sequences,  Select the general information contents to be imported
- Upload button: 'Upload ST.25 [.txt] or ST.26 [.xml] file' (marked with a red circle '1')
- Buttons: 'Cancel' and 'Import Sequence Listing'

An 'Abrir' (Open) file explorer window is overlaid on the interface, showing the file selection process:

- Location: Documents > Import Seq Listing
- File list (marked with a red circle '2'):

Nombre	Fecha de modifica...	Tipo
ST26T-1087	02/07/2019 13:54	Carpeta de archiv
9_ST25_9238084_DTD_Based.xml	17/08/2017 18:33	Documento XML
changedata.xml	04/07/2019 10:17	Documento XML
Insecticidal Proteins (1).xml	05/07/2019 12:52	Documento XML
<b>Insecticidal Proteins.xml</b>	25/06/2019 18:50	Documento XML
Invalid_project.xml	02/07/2019 9:49	Documento XML
Noseqs0.xml	08/07/2019 14:44	Documento XML
Opt_Soy_Loci.xml	11/03/2019 15:45	Documento XML
QN_1.xml	02/07/2019 14:37	Documento XML
Results QV 29.xml	11/07/2019 15:00	Documento XML
ST_25_import_complex.txt	05/07/2019 13:42	Documento de te
ST_25_long.txt	04/07/2019 14:24	Documento de te

The file explorer window shows the file 'Insecticidal Proteins.xml' selected. The file name field at the bottom contains 'Insecticidal Proteins.xml' and the file type is set to '.txt.xml (\*.txt;\*.xml)'. The 'Abrir' button is highlighted.

# Importer le listage des séquences conforme à la norme ST.25 (1)

- WIPO Sequence permet d'importer des listages des séquences conformes à la norme ST.25.
- Cependant, les champs obligatoires de la norme ST.26 qui sont manquants dans le fichier importé devront être saisis manuellement par l'utilisateur, notamment :
  - SOURCE/source : type de molécule et organisme;
  - Qualificateurs obligatoires pour les caractéristiques : par exemple, modified\_base (mod\_base).
- Lors de l'importation, WIPO Sequence apporte plusieurs modifications aux données importées avant de les inclure dans le projet.
- Résumé dans le rapport sur les données modifiées.

# Importer le listage des séquences conforme à la norme ST.25 (2)

- Les modifications apportées sont mises en œuvre selon les recommandations fournies à l'annexe VII (il est conseillé de convertir de la norme ST.25 à la norme ST.26 sans ajouter de nouvelle matière).
  
- Notamment :
  - tous les résidus 'u' sont convertis en 't' pour une séquence ARN;
  - remplacer le type de molécule i) ADN par DNA, ii) ARN par RNA, iii) PRT par AA;
  - remplacer 'Artificial Sequence' et les équivalents indiqués (voir UC12, étape 5) par 'synthetic construct';
  - remplacer 'Unknown' (équivalents indiqués) par 'unidentified';
  - remplacer les symboles des acides aminés selon un code à trois lettres par des symboles selon un code à une lettre.

# Importer le listage des séquences (démonstration)

WIPO | Sequence PROJECTS PERSONS & ORGANIZATIONS ORGANISMS 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="#">Insecticidal Proteins</a>				new	2019-05-09

# Importer en format FASTA

WIPO | Sequence INSECTICIDAL PROTEINS VERIFICATION REPORT FREE TEXT QUALIFIERS IMPORT REPORT DISPLAY THE SEQUENCE LISTING HELP PREFERENCES ENGLISH Return to project home

D:\test data\USPTO Test files\FASTA\_multisequence\_1.fasta Upload file [.txt, .xml, .FASTA]

Select Range of Sequence IDs \* Molecule Type\*

This field is mandatory and a value is required. Choose a default sequence molecule type for the selected Sequence ID range.

Check to save this description as a note.

Sequence Number [ID]	
1	>AAN76654.1 Est1 partial
2	>BAC11014.1 deletion isoform of telomerase reverse transcriptase
3	>CAA98800.1 CDC13
4	>AF411028.1 Saccharomyces pastorianus Est1 gene
5	>AB086379.1 Homo sapiens hTERT mRNA deletion isoform of telomerase reverse transcriptase

⏪ ⏩ 1 2 ⏪ ⏩

# Importer en format RAW

WIPO | Sequence    INSECTICIDAL PROTEINS    VERIFICATION REPORT    FREE TEXT QUALIFIERS    IMPORT REPORT    DISPLAY THE SEQUENCE LISTING    HELP    PREFERENCES    ENGLISH    Return to project home

20	141 error test_seq_48	680	AA	Listeria monocytogenes
----	-----------------------	-----	----	------------------------

⏪ ⏩ 1 2 ⏪ ⏩

D:\test data\raw\_test.txt    Upload file [.txt, .xml, .FASTA]

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

Sequence Name*	Molecule Type*	▼
Organism name	Qualifier Molecule Type	▼

Cancel    Import sequence

# Importer en format multiséquences

WIPO | Sequence

INSECTICIDAL PROTEINS

VERIFICATION REPORT

FREE TEXT QUALIFIERS

IMPORT REPORT

DISPLAY THE SEQUENCE LISTING

HELP

▼ PREFERENCES ENGLISH

Return to project home

<u>17</u>	141 error test_seq_44	261	AA	Homo sapiens
<u>18</u>	141 error test_seq_46	29	DNA	Homo sapiens
<u>19</u>	141 error test_seq_47	29	DNA	Homo sapiens
<u>20</u>	141 error test_seq_48	680	AA	Listeria monocytogenes

⏪ ⏩ 1 2 ⏪ ⏩

D:\test data\Multisequence.txt

Upload file [,.txt, .xml, .FASTA]

Select Range of Sequence IDs

Cancel Import sequence



# Rapport d'importation (1)

- S'il y a eu des erreurs ou des avertissements pendant l'importation, un rapport d'importation sera généré.
- Les messages contenus dans ce rapport mettent en évidence certaines séquences qui nécessiteront une saisie manuelle de la part de l'utilisateur.
- Le rapport d'importation contient un classement, la balise ST.25 correspondante, un message pour l'utilisateur et le SEQ ID.
- Les messages sont classés ("Type of note") selon ce modèle :
  - INDIVIDUAL : se rapporte à une séquence importée spécifique;
  - GLOBAL : affecte toutes les séquences importées.

# Rapport d'importation (2)


[INSECTICIDAL PROTEINS](#)
[VERIFICATION REPORT](#)
[FREE TEXT QUALIFIERS](#)
[IMPORT REPORT](#)
[DISPLAY THE SEQUENCE LISTING](#)
[HELP](#)
[PREFERENCES](#)
[ENGLISH](#)
[Return to project home](#)

## Import Report Messages

Type of Note	Data Element	Message Text	Detected Sequence
INDIVIDUAL	<222>	No location information has been found for the feature SOURCE of SEQ ID NO 23. The user can add the location information as recommended in Annex VII, ST.26.	23
INDIVIDUAL	<222>	No location information has been found for the feature SOURCE of SEQ ID NO 24. The user can add the location information as recommended in Annex VII, ST.26.	24
INDIVIDUAL	<222>	No location information has been found for the feature SOURCE of SEQ ID NO 25. The user can add the location information as recommended in Annex VII, ST.26.	25
INDIVIDUAL	<222>	No location information has been found for the feature SOURCE of SEQ ID NO 26. The user can add the location	26

# Rapport sur les données modifiées (1)

- Détails précis de toute modification apportée lors de l'importation d'un listage des séquences conforme à la norme ST.25.
- Contrairement au rapport d'importation où l'utilisateur est censé fournir ces détails.
- Indique la balise ST.25 originale et la balise ST.26 cible, ainsi que la conversion qui a été effectuée et le SEQ ID correspondant.
- Les conversions ne modifient toutefois pas le contenu original, par exemple, un 'u' converti en 't' reste de l'uracile dans le projet conforme à la norme ST.26.

# Rapport sur les données modifiées (2)



## Change Data

Origin Tag	Origin Element Name	Origin Element Value	Target Element Name	Target Element Value	Transformation	Sequence ID Number
<222>	Feature Location		Feature Location	1..15	A feature location has been specified automatically since one was not provided.	23
<221>	Name/Key		Feature Key	REGION	The custom feature key has been replaced with a recommended key (see Annex VII, ST.26).	23
<223>	Other information		Qualifier Name	NOTE	A 'Note' qualifier has been created.	23
<223>	Other information		Qualifier Value	Antibody Light Chain CDR	A value has been added to qualifier	23

# Ajouter les clés de caractérisation et les qualificateurs (1)

## ▼ SEQUENCE 2

Sequence Number [ID] 2  
 Sequence Name Inserted sequence  
 Length 41

Molecule Type DNA  
 Organism Wohlfahrtiopsis bishoppi



## ▼ FEATURES

Add feature

Feature Key	Location	Qualifiers
<u>source</u>	1..41	mol_type = genomic DNA organism = Wohlfahrtiopsis bishoppi



## ▼ SEQUENCE

gatagtatgt atatatagta gtatgatgat gatatgatga t

41

# Ajouter les clés de caractérisation et les qualificateurs (2)

▼ FEATURES

Add feature

Feature Key	Location	Qualifiers	
<a href="#">source</a>	1..23	mol_type = genomic DNA organism = Tinamus osgoodi	

◀ ◁ 1 ▷ ▶

**Feature 1**

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

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

▼ QUALIFIERS



Add qualifier

Cancel **Create Feature**

# Ajouter les clés de caractérisation et les qualificateurs (3)

▼ QUALIFIERS

Add qualifier

Qualifier Name	mol_type	Qualifier Value	genomic DNA	
Qualifier Name	organism	Qualifier Value	Tinamus osgoodi	

Qualifier Name

Qualifier Value

cell\_line  
cell\_type  
chromosome  
clone  
clone\_lib

Cancel Create Qualifier

# Ajouter caractéristique/qualificateur (démonstration)

WIPO | Sequence PROJECTS PERSONS & ORGANIZATIONS ORGANISMS 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="#">Insecticidal Proteins</a>				new	2019-05-09
<a href="#">Optimal Soybean Loci</a>				new	2019-05-09



# Emplacement de caractéristique autorisé (1)

- Descripteurs d'emplacement pour des séquences de nucléotides et d'acides aminés :

Emplacement	Syntaxe	Description
Numéro de résidu unique	x	Désigne un résidu unique dans la séquence
Numéros de résidus délimitant un ensemble dans la séquence	x..y	Désigne une série continue de résidus délimitée par un résidu de début et un résidu de fin, ces deux résidus étant inclus dans la série.
Résidus situés avant le premier ou après le dernier numéro de résidu indiqué	<x >x <x..y x..>y <x..>y	Désigne une région qui comprend un résidu ou une série de résidus indiqués et qui s'étend au-delà d'un résidu indiqué. Les symboles '<' et '>' peuvent être employés à l'égard d'un résidu unique ou des numéros du résidu de début et de fin d'une série de résidus.

# Emplacement de caractéristique autorisé (2)

- Descripteurs d'emplacement pour les séquences de nucléotides uniquement :

Emplacement	Syntaxe	Description
Site s'étendant entre deux nucléotides adjacents	$x^y$	Désigne un site entre deux nucléotides adjacents, par exemple le site d'un clivage endonucléolytique. Les numéros de position des nucléotides adjacents sont séparés par un caret (^).

# Emplacement de caractéristique autorisé (3)

- Descripteurs d'emplacement pour les séquences d'acides aminés uniquement :

Emplacement	Syntaxe	Description
Numéros de résidu reliés par une liaison intrachaîne	x..y	Désigne des acides aminés reliés par une liaison intrachaîne lorsqu'utilisés avec une caractéristique indiquant une liaison intrachaîne, telles que "CROSSLNK" ou "DISULFID".

# Emplacements de caractéristiques complexes

## (séquences de nucléotides SEULEMENT)

Location syntax	Location description
<code>join(location, location, ..., location)</code>	The indicated locations are joined (placed end-to-end) to form one contiguous sequence.
<code>order(location, location, ..., location)</code>	The elements are found in the specified order but nothing is implied about whether joining those elements is reasonable.
<code>complement(location)</code>	Indicates that the feature is located on the strand complementary to the sequence span specified by the location descriptor, when read in the 5' to 3' direction or in the direction that mimics the 5' to 3' direction.

# Qualificateurs de texte libre : définition et utilisation

- “texte libre” désigne *“un format de valeur autorisé pour certains qualificateurs. Il s’agit d’un texte descriptif qui se présente sous forme de segments de phrases ou tout autre format précisé”* – réf. : norme ST.26 de l’OMPI.
  
- Un des deux types suivants :
  - dépendant de la langue (peut nécessiter une traduction), par exemple : note;
  - indépendant de la langue, par exemple : allèle.
  
- Ne doit pas excéder 1000 caractères, sauf s’il s’agit du qualificateur de traduction.
  
- Voir les sections 6 et 8 de l’annexe I de la norme ST.26 de l’OMPI : liste complète de qualificateurs de texte libre dépendant de la langue.

# Ajouter un qualificateur de texte libre

WIPO | Sequence INSECTICIDAL PROTEINS VERIFICATION REPORT FREE TEXT QUALIFIERS IMPORT REPORT DISPLAY THE SEQUENCE LISTING HELP PREFERENCES ENGLISH Return to project home

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

▼ QUALIFIERS

Add qualifier

Qualifier Name *	▼	Qualifier Value
note		
		NOTE: this value may require translation for National/Regional procedures.
Language*	▼	Non English Qualifier Value
There is currently no Non English language code selected in your project. Please select one first.		

Cancel Create Qualifier

Cancel Create Feature

# Qualificateurs de texte libre : XLIFF

WIPO | Sequence INSECTICIDAL PROTEINS VERIFICATION REPORT **FREE TEXT QUALIFIERS** IMPORT REPORT DISPLAY THE SEQUENCE LISTING HELP PREFERENCES ENGLISH Return to project home

IMPORT FREE TEXT QUALIFIERS EXPORT FREE TEXT QUALIFIERS

## FREE TEXT QUALIFIERS

Sequence ID Number	Sequence Name	Feature Key	Feature Location	Qualifier ID	Qualifier Name	Qualifier Value	Non English Qualifier Value-{fr}	Available language codes
1	Error four testing_seq_20	SOURCE	1..191	q26	<u>ORGANISM</u>	synthetic construct		
2	Error four testing_seq_1	source	1..1004	q5	<u>organism</u>	unidentified		
3	Error four testing_seq_2	SOURCE	1..191	q6	<u>ORGANISM</u>	unidentified		
4	Error four testing_seq_3	source	1..1004	q7	<u>organism</u>	synthetic construct		
5	Error four testing_seq_4	SOURCE	1..191	q8	<u>ORGANISM</u>	synthetic construct		


# Valider le listage des séquences

WIPO | Sequence DEMO PROJECT VERIFICATION REPORT FREE TEXT QUALIFIERS IMPORT REPORT DISPLAY THE SEQUENCE LISTING PREFERENCES ENGLISH [Back To List](#)

GENERAL INFORMATION SEQUENCES


## DEMO PROJECT

[Print](#) [Export](#) [Import Another Project](#) [Validate](#) [Generate Sequence Listing](#)

Project Name Demo Project	Creation date 2019-02-21	
File Name	Sequences 36	
Description Th is is a project for demonstration purposes of the manual.	Status new	



# Rapport de vérification

 **WIPO** | Sequence

[INSECTICIDAL PROTEINS](#)
[VERIFICATION REPORT](#)
[FREE TEXT QUALIFIERS](#)
[IMPORT REPORT](#)
[DISPLAY THE SEQUENCE LISTING](#)
[HELP](#)
[▼](#)
[PREFERENCES](#)
[ENGLISH ▼](#)
Return to project home

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

## Report generated on 2021-04-26

<input type="checkbox"/>	Severity ◯	Data Element ◯	Message Text	Detected Value	Detected Sequence	Rule ID ◯
<input type="checkbox"/>	ERROR	<a href="#">Sequence Residue</a>	The sequence contains the invalid nucleotide symbol u at position 107. Nucleotide sequences must only contain the symbols set forth in WIPO ST.26 Annex I, Section 1.	-	Sequence 40	SR_2_SR_3
<input type="checkbox"/>	ERROR	<a href="#">Sequence Residue</a>	The sequence contains the invalid nucleotide symbol u at position 4. Nucleotide sequences must only contain the symbols set forth in WIPO ST.26 Annex I, Section 1.	-	Sequence 40	SR_2_SR_3
			The sequence contains			

# Messages d'erreur/d'avertissement

- AVERTISSEMENT : peut être ignoré mais doit faire l'objet d'une vérification manuelle.
- ERREUR : doit être corrigée par l'utilisateur.
- Lien dans le rapport de vérification avec l'élément spécifique de la séquence qui était la cause de l'erreur/avertissement.
- Le projet doit être validé à nouveau pour que cette erreur soit supprimée du rapport.
- Le rapport de vérification peut être imprimé pour que l'on puisse s'y référer par la suite.

# Rapport de validation : aucune erreur

The screenshot displays a web application interface with a dark navigation bar at the top. The navigation bar contains the following elements from left to right: the WIPO logo and 'Sequence' text; a menu with items 'INSECTICIDAL PROTEINS', 'VERIFICATION REPORT', 'FREE TEXT QUALIFIERS', 'IMPORT REPORT', 'DISPLAY THE SEQUENCE LISTING', and 'HELP'; a dropdown menu for 'PREFERENCES ENGLISH'; and a 'Return to project home' button. Below the navigation bar is a light blue success message box that reads 'SUCCESS: The project has been successfully verified'. Underneath this is a larger light blue box containing the text 'Report successfully generated on 2021-04-08' and 'This project does not contain any errors or warnings.'

WIPO | Sequence

INSECTICIDAL PROTEINS

VERIFICATION REPORT

FREE TEXT QUALIFIERS

IMPORT REPORT

DISPLAY THE SEQUENCE LISTING

HELP

PREFERENCES ENGLISH

Return to project home

**SUCCESS:** The project has been successfully verified

**Report successfully generated on 2021-04-08**

This project does not contain any errors or warnings.

# Valider le listage des séquences (démonstration)

WIPO | Sequence PROJECTS PERSONS & ORGANIZATIONS ORGANISMS 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="#">Insecticidal Proteins</a>				new	2019-05-09

# Générer le listage des séquences selon la norme ST.26

The screenshot shows the WIPO Sequence application interface. The top navigation bar includes the WIPO logo, the text 'WIPO | Sequence', and several menu items: 'DEMO PROJECT', 'VERIFICATION REPORT', 'FREE TEXT QUALIFIERS', 'IMPORT REPORT', 'DISPLAY THE SEQUENCE LISTING', 'PREFERENCES', 'ENGLISH', and a 'Back To List' button. Below the navigation bar, there are two tabs: 'GENERAL INFORMATION' and 'SEQUENCES'. The main content area features the title 'DEMO PROJECT' and a row of five buttons: 'Print', 'Export', 'Import Another Project', 'Validate', and 'Generate Sequence Listing'. The 'Generate Sequence Listing' button is highlighted with a red border. Below the buttons, there is a table with project details:

Project Name Demo Project	Creation date 2019-02-21	
File Name	Sequences 36	
Description Th is is a project for demonstration purposes of the manual.	Status new	

```

<?xml version="1.0" encoding="UTF-8"?>
<!DOCTYPE ST26SequenceListing PUBLIC "-//WIPO//DTD Sequence Listing 1.3//EN" "ST26SequenceListing_V1_3.dtd">
<ST26SequenceListing originalFreeTextLanguageCode="en" dtdVersion="V1_3" fileName="Insecticidal Proteins SL"
softwareName="WIPO Sequence" softwareVersion="1.1.0-beta.5" productionDate="2021-04-08">
  <ApplicationIdentification>
    <IPOfficeCode>IB</IPOfficeCode>
    <ApplicationNumberText>PCT/IB2021/000021</ApplicationNumberText>
    <FilingDate>2021-04-07</FilingDate>
  </ApplicationIdentification>
  <ApplicantFileReference>WIPO-Insect-Demo</ApplicantFileReference>
  <EarliestPriorityApplicationIdentification>
    <IPOfficeCode>IB</IPOfficeCode>
    <ApplicationNumberText>PCT/IB/2020/000045</ApplicationNumberText>
    <FilingDate>2020-04-06</FilingDate>
  </EarliestPriorityApplicationIdentification>
  <ApplicantName languageCode="en">Merck Sharpe and Dohme Corp.</ApplicantName>
  <InventionTitle languageCode="en">Insecticidal proteins and methods of their use</InventionTitle>
  <SequenceTotalQuantity>32</SequenceTotalQuantity>
  <SequenceData sequenceIDNumber="1">
    <INSDSeq>
      <INSDSeq_length>440</INSDSeq_length>
      <INSDSeq_moltype>AA</INSDSeq_moltype>
      <INSDSeq_division>PAT</INSDSeq_division>
      <INSDSeq_feature-table>
        <INSDFeature>
          <INSDFeature_key>SOURCE</INSDFeature_key>
          <INSDFeature_location>1..440</INSDFeature_location>
          <INSDFeature_qual>
            <INSDQualifier>
              <INSDQualifier_name>MOL_TYPE</INSDQualifier_name>
              <INSDQualifier_value>protein</INSDQualifier_value>
            </INSDQualifier>
            <INSDQualifier id="q84">
              <INSDQualifier_name>ORGANISM</INSDQualifier_name>
              <INSDQualifier_value>Homo sapiens</INSDQualifier_value>
            </INSDQualifier>
          </INSDFeature_qual>
        </INSDFeature>
      </INSDSeq_feature-table>
      <INSDSeq_sequence>

```

```

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLDCKASGITFSNSGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWDGSKRYYADSVKGRFTISRDNKNTLFLQMNSLRAEDTAVYYCATNDDYWGQGLVTVS
SNTKVKDRVESKYGPPCPPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDGLMISRTPEVTCVVVDVDSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKC

```

# Générer le listage des séquences selon la norme ST.26 dans un format déchiffrable par l'homme : TXT

## Informations relatives aux listages des séquences :

Version de la DTD : V1\_3  
 Nom du fichier : Listage des séquences des protéines insecticides  
 Nom du logiciel : WIPO Sequence  
 Version du logiciel : 1.1.0-beta.5  
 Date de production : 2021-04-08

## Informations générales

Demande en cours/Office de propriété intellectuelle : IB  
 Demande en cours/Numéro de la demande : PCT/IB2021/000021  
 Demande en cours/Date de dépôt : 2021-04-07  
 Demande en cours/Référence du fichier du déposant : OMPI-Insect-Demo  
 Demande de priorité la plus ancienne/Office de propriété intellectuelle : IB  
 Demande de priorité la plus ancienne/Numéro de la demande : PCT/IB/2020/000045  
 Demande de priorité la plus ancienne/Date de dépôt : 2020-04-06  
 Nom du déposant : Merck Sharpe and Dohme Corp.  
 Nom du déposant/Langue : en  
 Titre de l'invention : Insecticidal proteins and methods of their use (en)  
 Quantité totale des séquences : 32

## Séquences

Numéro de la séquence (ID) : 1  
 Longueur : 440  
 Type de molécule : AA  
 Emplacement/Qualificateurs de caractéristiques :  
     - SOURCE, 1.. 440  
         > MOL\_TYPE, protein  
         > ORGANISM, Homo sapiens

# Générer des listages des séquences selon la norme ST.26 dans un format déchiffrable par l'homme : HTML

## Sequence Listing

<b>1</b>	<b>Sequence Listing Information</b>	
1-1	File Name	Insecticidal Proteins SL.xml
1-2	DTD Version	V1_3
1-3	Software Name	WIPO Sequence
1-4	Software Version	1.2.0-beta.3
1-5	Production Date	2022-03-21
1-6	Original free text language code	en
1-7	Non English free text language code	
<b>2</b>	<b>General Information</b>	
2-1	Current application: IP Office	IB
2-2	Current application: Application number	PCT/IB2021/000021
2-3	Current application: Filing date	2021-04-07
2-4	Current application: Applicant file reference	WIPO-Insect-Demo
2-5	Earliest priority application: IP Office	IB
2-6	Earliest priority application: Application number	PCT/IB/2020/000045
2-7	Earliest priority application: Filing date	2020-04-06
2-8en	Applicant name	Merck Sharpe and Dohme Corp.
2-8en	Applicant name: Name Latin	
2-9	Inventor name	
2-9en	Inventor name: Name Latin	
2-10en	Invention title	Insecticidal proteins and methods of their use
2-11	Sequence Total Quantity	31
<b>3-1</b>	<b>Sequences</b>	
3-1-1	Sequence Number [ID]	1
3-1-2	Molecule Type	AA
3-1-3	Length	440



# Personnes et organisations

WIPO | ST26 Tool PROJECTS PERSONS & ORGANIZATIONS ORGANISMS PREFERENCES ENGLISH ▼

CREATE NEW PERSON OR ORGANIZATION

## PERSONS & ORGANIZATIONS

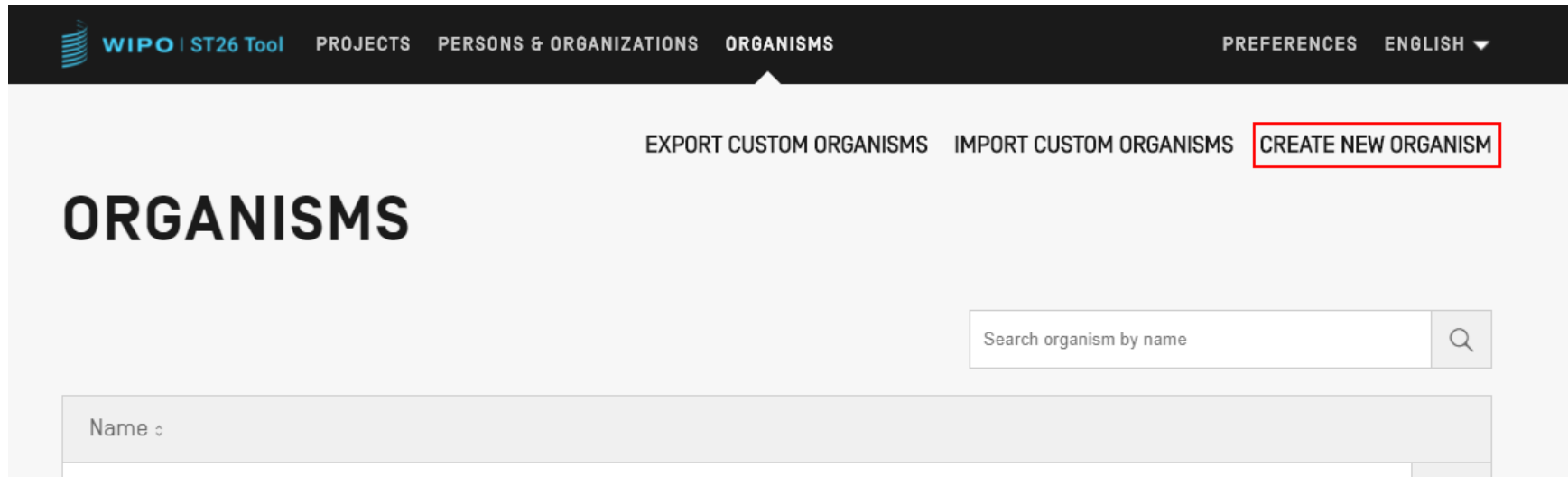
Search person or organization by name

Name ◯	Language Code ◯	Name Latin ◯	Residence Address ◯	Correspondence Address ◯

WIPO | ST26 Tool CREATE NEW PERSON OR ORGANIZATION PREFERENCES ENGLISH ▼

Name*	Residence Address
Language* <input type="button" value="▼"/>	Correspondence Address
Name Latin	

# Organismes personnalisés



The screenshot shows the 'ORGANISMS' section of the WIPO ST26 Tool. The top navigation bar includes 'WIPO | ST26 Tool', 'PROJECTS', 'PERSONS & ORGANIZATIONS', 'ORGANISMS', 'PREFERENCES', and 'ENGLISH'. Below the navigation bar, there are three buttons: 'EXPORT CUSTOM ORGANISMS', 'IMPORT CUSTOM ORGANISMS', and 'CREATE NEW ORGANISM' (highlighted with a red border). The main heading is 'ORGANISMS'. A search bar with the placeholder text 'Search organism by name' and a magnifying glass icon is present. Below the search bar, there is a table with a header row containing 'Name' and a dropdown arrow.

WIPO | ST26 Tool PROJECTS PERSONS & ORGANIZATIONS ORGANISMS PREFERENCES ENGLISH ▼

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

## ORGANISMS

Search organism by name

Name ▾

# Langues disponibles (1)

- L'outil bureautique WIPO Sequence fournit toutes les étiquettes et les messages de notification dans chacune des 10 langues du PCT :
  - français, allemand, anglais, arabe, chinois, coréen, espagnol, japonais, portugais et russe.
- La page d'accueil et le manuel d'utilisateur sont également disponibles dans ces 10 langues.
- La langue de l'interface peut être définie en haut à droite de l'écran (voir page suivante).
- La langue par défaut de l'interface graphique peut être définie dans le menu "Préférences".
- Le rapport de vérification sera également généré dans cette langue.

# Langues disponibles (2)

WIPO | Sequence DEMONSTRATION PROJECT VERIFICATION REPORT FREE TEXT QUALIFIERS IMPORT REPORT DISPLAY THE SEQUENCE LISTING PREFERENCES ENGLISH Back To List

GENERAL INFORMATION SEQUENCES

## DEMONSTRATION PROJECT

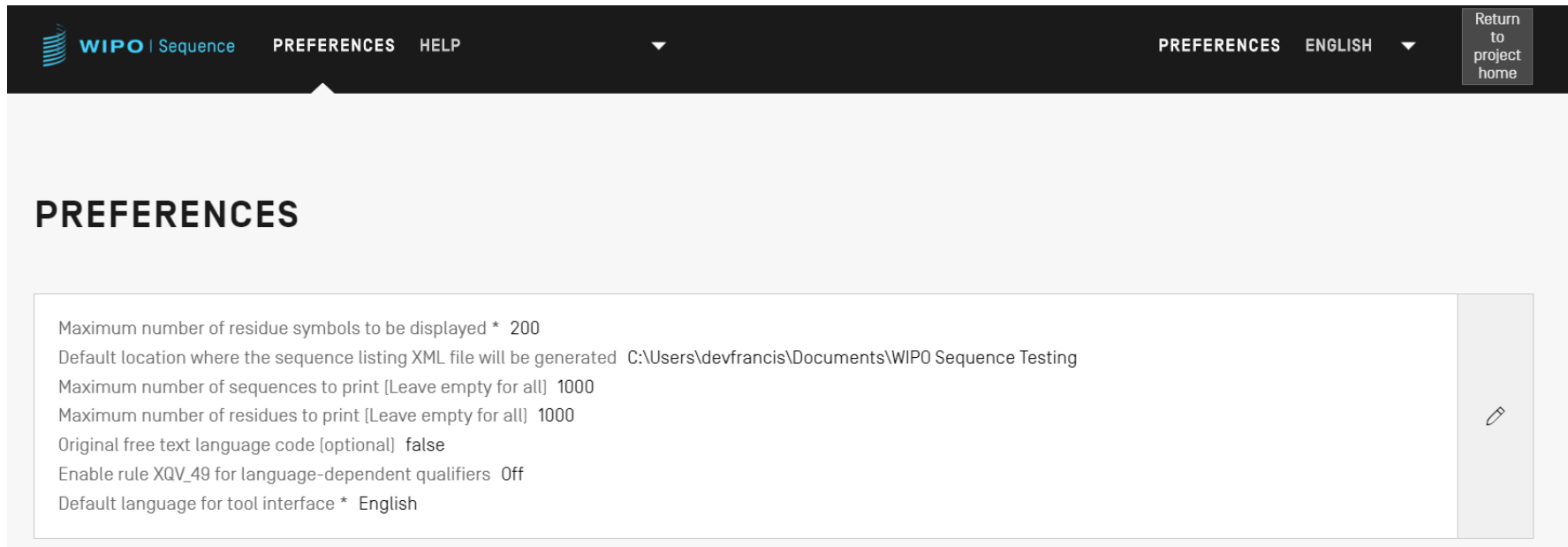
Print Export Import Another Project Validate **Generate Sequence Listing**

Project Name Demonstration Project	Creation date 2019-01-30	✎
File Name Sequence-list-import	Sequences 6	
Description This is a description for the project.	Status generated	

► GENERAL INFORMATION

► SEQUENCES

# Définir les préférences



WIPO | Sequence    PREFERENCES    HELP    PREFERENCES    ENGLISH    Return to project home

## PREFERENCES

- Maximum number of residue symbols to be displayed \* 200
- Default location where the sequence listing XML file will be generated C:\Users\devfrancis\Documents\WIPO Sequence Testing
- Maximum number of sequences to print [Leave empty for all] 1000
- Maximum number of residues to print [Leave empty for all] 1000
- Original free text language code [optional] false
- Enable rule XQV\_49 for language-dependent qualifiers Off
- Default language for tool interface \* English

# Séance de questions-réponses

wiposequence@wipo.int

# Autres ressources

- Norme ST.26 de l'OMPI :

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

- Page d'accueil de WIPO Sequence :

<https://www.wipo.int/standards/fr/sequence>