

WIPO-Standard ST.26 **EINFÜHRUNG**

Webinar-Schulung

Einleitung - ein paar Anmerkungen vor dem Start...

- der noch zu verwendende Sequence Listing Standard ST.25 ist mehr als 20 Jahre alt
- seither hat sich die Bio- und Gentechnologie **weiterentwickelt** - die Veränderungen zeigen sich auch bei Patentanmeldungen
- ein neuer Standard "**WIPO ST.26**" wurde vorgeschlagen
- hierbei erfolgt ein **Wechsel** von ASCII-Text zum XML-Format
- damit soll die **Übertragung und Austausch** von Sequenzinformationen zwischen Patentämtern und Datenbankbetreibern erleichtert werden
- durch die **Standardisierung** kann der Anmelder ein und dieselbe Sequenzliste bei mehreren internationalen, nationalen und regionalen Patentämtern verwenden bzw. einreichen

Übergang zu WIPO ST.26

- die zuständige Task Force hatte auf der CWS/5 beschlossen, dass der Übergang mit beinem

"**Big-Bang**"-Szenario der 1.1.2022 ist

und eine Erstellungs- und Validierungssoftware entwickelt werden soll (WIPO sequence tools)

- u.a. aus **Zeitmangel für die Umsetzung** der geänderten PCT-Ausführungsordnung und damit einhergehenden Schwierigkeiten einiger Ämter, die notwendigen Vorbereitungen vor dem 1.1.2021 abzuschließen, erfolgt der Übergang voraussichtl. am **1. Juli 2022**.
=> **formelle Entscheidung** auf der kommenden WIPO-Generalversammlung im **Oktober**

- **Alle** Ämter für geistiges Eigentum (IPOs) werden **gleichzeitig** auf internationaler (PCT), nationaler und regionaler Ebene umstellen

- Der **internationale Anmeldetag** (IFD) wird der **Stichtag** sein, der bestimmt, ob eine Anmeldung unter die Sequenzregel ST.25 oder ST.26 fällt, **NICHT das Prioritätsdatum**

- Anmerkung: ST.25 bleibt für Anmeldungen mit einem Anmeldetag vor dem 1. Januar (bzw. Juli) 2022 wirksam

Präsentation im Detail...

- Was ist ein Sequenzprotokoll?
- INSDC-Sequenzdatenbanken
- Warum ein neuer Standard?
- Vorteile von WIPO ST.26
- ST.25 im Vergleich zu ST.26 – wo liegen die Unterschiede?
- Inhalte des WIPO Standard ST.26
- XML-Grundlagen
- ST.26 Grundlagen - Teile eines Sequenzprotokolls
- Anlagen
- Einführung in das WIPO Sequence Tool

Was ist ein Sequenzprotokoll?

Ein Sequenzprotokoll...

- enthält Nukleotid- und/oder Aminosäuresequenzen, die in einer Patentanmeldung offenbart sind, und ist Teil der Beschreibung
- enthält beschreibende Informationen über jede Sequenz, die als Annotationen bekannt sind, zB spezifische Merkmale
- entspricht den Anforderungen des maßgeblichen WIPO-Standards (noch geltende ST.25 oder ST.26)
- ermöglicht die Recherche der Sequenzdaten einer Erfindung:
 - innerhalb eines Amtes für geistiges Eigentum - nicht am DPMA
 - in öffentlich zugänglichen Datenbanken (INSDC-Datenbanken)

Hintergrund - INSDC

International Nucleotide Sequence Database Collaboration

■ **INSDC**: Internationale Nukleotidsequenz-Datenbank-Zusammenarbeit:

- DDBJ: DNA-Datenbank von Japan
 - EMBL-EBI: Europäisches Institut für Bioinformatik
 - NCBI: Nationales Informationszentrum für Biotechnologie (GenBank)
- The DDBJ/ENA/GenBank Feature Table Definition

■ Zu den Ämtern für geistiges Eigentum, die **Sequenzdaten** von veröffentlichten/erteilten Anmeldungen **an INSDC-Datenbanken übermitteln**, gehören:

- Europäisches Patentamt (EPO)
- Japanisches Patentamt (JPO)
- Koreanisches Amt für geistiges Eigentum (KIPO)
- Patent- und Markenamt der Vereinigten Staaten (USPTO)

■ INSDC-Datenbanken sind **öffentlich** durchsuchbar

Warum ein neuer Standard?

- Derzeit werden Sequenzprotokolle gemäß WIPO ST.25 eingereicht.

Allerdings...

- ist das ST.25-Format nicht mit den Anforderungen der INSDC konform, so dass Daten bei der Eingabe in öffentliche Datenbanken verloren gehen
- sind die ST.25-Regeln nicht eindeutig und Ämter für geistiges Eigentum weltweit interpretieren und setzen die Regeln unterschiedlich um - in D: PatV, Anlage 1
- werden heute üblich verwendete Modifikationen vom ST.25 nicht erfasst (Nukleotid-Analoga, D-Aminosäuren, verzweigte Sequenzen) und sind daher in Recherche-Datenbanken nicht vorhanden
- sind die Daten unstrukturiert - das ST.25-Format ist für automatisierte Validierung und Datenaustausch schwer zu verwenden

Vorteile von WIPO ST.26 (1)

- Akzeptanz eines einzigen Sequenzprotokoll-Typs weltweit*
- Der Standard dient als Anleitung, um eine Übereinstimmung zwischen den Ämtern für geistiges Eigentum bei der Anwendung der Sequenzregeln sicherzustellen
- Klarstellung, welche Sequenzoffenbarungen in einem Sequenzprotokoll enthalten sein müssen oder dürfen und wie diese Sequenzen dargestellt werden müssen
- Verbesserte Einreichungsqualität aufgrund der Struktur von XML-Sequenzprotokollen
- Erhöhte Automatisierung der Datenvalidierung und vereinheitlichte Verarbeitung durch Ämter für geistiges Eigentum

* mit Ausnahme der erforderlichen Übersetzungen von sprachabhängigen Freitext-Qualifiern in die Sprache der Einreichung für gewisse Ämter für geistiges Eigentum, die Ersatzsequenzprotokolle fordern können

Vorteile von WIPO ST.26 (2)

- **Datenkompatibilität** mit den Anforderungen von INSDC-Datenbankanbietern - DDBJ, EBI und NCBI – Sequenzannotationen (Merkmalschlüssel und Qualifier) werden in öffentlich durchsuchbare Datenbanken aufgenommen Validierung ist einfacher
- **Standardisierung** von:
 - Merkmalsannotationen (**Merkmalschlüssel**)
 - **Lage** der Merkmale (Hinweise zum Auffinden)
 - **Qualifiern** und Qualifierwerten (zusätzl. Informationen f. Merkmal)
 - **Darstellung** von Sequenz**varianten**
- **Anforderung für die Aufnahme zusätzl. Sequenz- und Molekültypen** (Nukleotid-Analoga, D-Aminosäuren, verzweigte Sequenzen), so dass mehr Sequenzdaten durchsuchbar sein werden

WIPO ST.25 im Vergleich zu ST.26

ST.25	ST.26
ASCII .txt mit numerischen Kennzahlen	XML mit Elementen und Attributen wird später erläutert
<u>Muss nicht</u> enthalten: <ul style="list-style-type: none"> - D-Aminosäuren - Lineare Abschnitte von verzweigten Sequenzen - Nukleotid-Analoga 	<u>Muss</u> enthalten: <ul style="list-style-type: none"> - D-Aminosäuren - Lineare Abschnitte von verzweigten Sequenzen - Nukleotid-Analoga
Annotation zu den Sequenzen: <ul style="list-style-type: none"> - Nur Merkmalschlüssel <220> - <223> 	Annotation zu den Sequenzen: <ul style="list-style-type: none"> - Merkmalschlüssel und Qualifier erweitert
<u>Darf</u> Sequenzen enthalten: <ul style="list-style-type: none"> - < 10 genau definierte Nukleotide - < 4 genau definierte Aminosäuren 	<u>Verbotene</u> Sequenzen: <ul style="list-style-type: none"> - < 10 genau definierte Nukleotide - < 4 genau definierte Aminosäuren

ST.25: L-Aminosäuresequenzen mit mindestens 4 spezifisch definierten Resten, DNA mit mindestens 10 spezifisch definierten Nukleotiden (nur weniger als 4 genau definierte sind ausgenommen)

ST.26: L- und D-Aminosäuresequenzen mit mindestens 4 spezifisch definierten Resten, lineare Abschnitte verzweigter Sequenzen, DNA mit mindestens 10 spezifisch definierten Nukleotiden und **Nukleotidanaloga**.

WIPO ST.25 im Vergleich zu ST.26

...für Allgemeine Informationen

ST.25	ST.26
ALLE Informationen zu Prioritätsanmeldungen können enthalten sein	NUR die früheste Prioritätsanmeldung darf enthalten sein
ALLE Anmelder- und Erfindernamen können enthalten sein	Es darf NUR ein Anmelder UND optional EIN Erfinder enthalten sein
Eine Bezeichnung der Erfindung zulässig	Mehrere Bezeichnungen der Erfindung zulässig, jede in einer anderen Sprache
Anmelder-/Erfindernamen und Bezeichnung der Erfindung müssen in lateinischer Grundschrift verfasst sein Basic Latin	Anmelder-/Erfindernamen können unter Verwendung jedes gültigen Unicode-Zeichens zusammen mit einer Übersetzung in lateinische Grundschrift oder Transliteration enthalten sein andersprachl. Umschreibung

WIPO ST.25 im Vergleich zu ST.26

...für Sequenzdaten (1)

ST.25	ST.26
Nur als DNA, RNA oder PRT identifizierte Sequenzen	Als DNA, RNA oder AA identifizierte Sequenzen, zusammen mit einem obligatorischen mol_type-Qualifier zur weiteren Beschreibung des Moleküls
Namen des Organismus: <ul style="list-style-type: none"> - Lateinische Gattung/Art - Name des Virus - „künstliche Sequenz“ (artificial seq.) - „unbekannt“ (unknown) 	Namen des Organismus: <ul style="list-style-type: none"> - Lateinische Gattung/Art - Name des Virus - „synthetisches Konstrukt“ (synthetic con.) - „nicht identifiziert“ (unidentified)
„u“ steht für Uracil in Nukleotidsequenzen	„t“ steht für Uracil in RNA-Sequenzen und Thymin in DNA-Sequenzen
Aminosäuresequenzen, dargestellt durch Abkürzungen mit drei Buchstaben	Aminosäuresequenzen, dargestellt durch Abkürzungen mit einem Buchstaben

WIPO ST.25 im Vergleich zu ST.26

...für Sequenzdaten (2)

ST.25	ST.26 default value
„n“- und „Xaa“-Variablen müssen eine Definition in einem Merkmal haben	Ein Standardwert wird angenommen für „n“- und „X“-Variablen - keine Definition
Format der Lage / Position des Merkmals nicht eindeutig definiert	Streng definierte Formate für die Position des Merkmals; erlaubt die Verwendung von „<“ und „>“ in allen Sequenztypen sowie „^“, „Verbindung“, „Reihenfolge“ und „Ergänzung“ in Nukleotidsequenzen
„Gemischtmodus“-Sequenzen zulässig - Nukleotidsequenz mit Aminosäuretranslation nachstehend gezeigt	KEIN „Gemischtmodus“; Nukleotidtranslationen sind nur in „Translations“-Qualifiern enthalten

fassen wir zusammen...

- **Anforderungen** für die Aufnahme von Sequenzen in eine Sequenzliste sind **nicht dieselben**

- unter ST.25 erlaubte Sequenzen sind nicht mehr in ST.26 erlaubt und umgekehrt

=> **Anlage VII:** Empfehlung für die Umwandlung von ST.25 zu ST.26

- ST.26 erfordert ein **kontrolliertes Vokabular**

des umfasst insb. Standardwerte für variable Positionen wie "n" und "X", die zB auch jede der Standard Nukleotide und Aminosäuren mit einschließen

=> **Anlage I:** Liste der Nukleotide (+modif.), Aminosäuren (+modif.), Merkmalschlüssel und Qualifier, Tabellen für den genetischen Code

Merkmalschlüssel: verwendet um einen oder mehrere Reste einer durch die Lage identifizierte Sequenz näher zu beschreiben

Qualifier: werden zur näheren Beschreibung von Merkmalen verwendet

bevor wir ins Detail gehen: **Fragen?**

EMPFOHLENER STANDARD FÜR DIE DARSTELLUNG VON NUKLEOTID- UND AMINOSÄURE-SEQUENZPROTOKOLLEN IN XML (EXTENSIBLE MARKUP LANGUAGE)

WIPO ST.26: Inhalt (aktuell vorgeschlagene Version 1.5 - 175 Seiten)

Hauptteil - Anforderungen an die Aufnahme/Darstellung (24 Seiten)

Anlage I - Kontrolliertes Vokabular auf der Grundlage von INSDC

Anlage II - ST.26 Dokumententyp DTD

Anlage III - Beispiel ST.26 Sequenzprotokoll XML-Datei

Anlage IV - In einer XML-Instanz eines Sequenzprotokolls zu verwendender ausgewählter Zeichensatz aus dem Unicodeblock Basis-Lateinisch

Anlage V - Zusätzliche Anforderungen für den Datenaustausch (nur für Patentämter)

Anlage VI – Leitfaden mit illustrierten Beispielen

Anhang zu Anlage VI - Sequenzen des Leitfadens in XML

Anlage VII - Empfehlung für die Überführung eines Sequenzprotokolls von ST.25 nach ST.26: potenzielles Hinzufügen oder Streichen von Gegenständen

WIPO ST.26:

Hauptteil

Absätze	Inhalt
1-9	Einleitung; Definitionen; Anwendungsbereich; Verweise
10-37	Darstellung von Sequenzen
38-49	Struktur des Sequenzprotokolls in XML
50-71	Sequenzdatenteil; Merkmalstabelle; Merkmalschlüssel; Obligatorische Merkmalschlüssel; Lage von Merkmalen
72-84	Merkmalsqualifier; Obligatorische Merkmalsqualifier
85-100	Freier Text; Kodierungssequenzen; Varianten

WIPO ST.26

... was **muss** enthalten sein?

- Nukleotidsequenzen:
 - 10 oder mehr „genau definierte“ (specifically defined) und „aufgezählte“ (enumerated) Reste
 - enthalten Sequenzen mit Nukleotid-Analoga wie Peptid-Nukleinsäuren (PNA) und Glykol-Nukleinsäuren (GNA)
- Aminosäuresequenzen:
 - 4 oder mehr „genau definierte“ und „aufgezählte“ Reste
 - enthalten Sequenzen mit D-Aminosäuren
 - lineare Regionen von verzweigten Sequenzen müssen in ein Sequenzprotokoll aufgenommen werden

WIPO ST.26

... was muss enthalten sein?

- Was ist ein „**genau definiertes**“ Nukleotid oder eine „**genau definierte**“ Aminosäure?
 - „genau definiert“ bedeutet jegliches Nukleotid, das **nicht durch** das Symbol „**n**“ dargestellt wird, und jegliche Aminosäure, die **nicht durch** das Symbol „**X**“ dargestellt wird, aufgeführt in Anlage I. (WIPO-Standard ST.26, pa. 3(m))
 - nur „genau definierte“ Reste zählen für die Mindestlängenanforderung:
 - 10 oder mehr genau definierte Nukleotide; oder,
 - 4 oder mehr genau definierte Aminosäuren
- 5'- anctggcaan – 3' nur 8 genau definierte Nukleotide; darf nicht in einem Sequenzprotokoll enthalten sein
- 5'- agctggcaat – 3' zehn genau definierte Nukleotide; muss in einem Sequenzprotokoll enthalten sein

WIPO ST.26: XML-Dokument

- Muss als eine Datei im **XML-1.0**-Format bereitgestellt werden
- Muss gegen WIPO **ST.26 DTD** (Anlage II) und aus dem Inhalt des Standards abgeleitete Geschäftsregeln zu validieren sein
- Muss unter Verwendung von Unicode **UTF-8** kodiert sein
- **Struktur** des Sequenzprotokolls:
 - XML-Deklaration
 - Dokumententyp(DOCTYPE)-Deklaration
 - Wurzelement
 - Teil mit allgemeinen Informationen
 - Teil mit Sequenzdaten

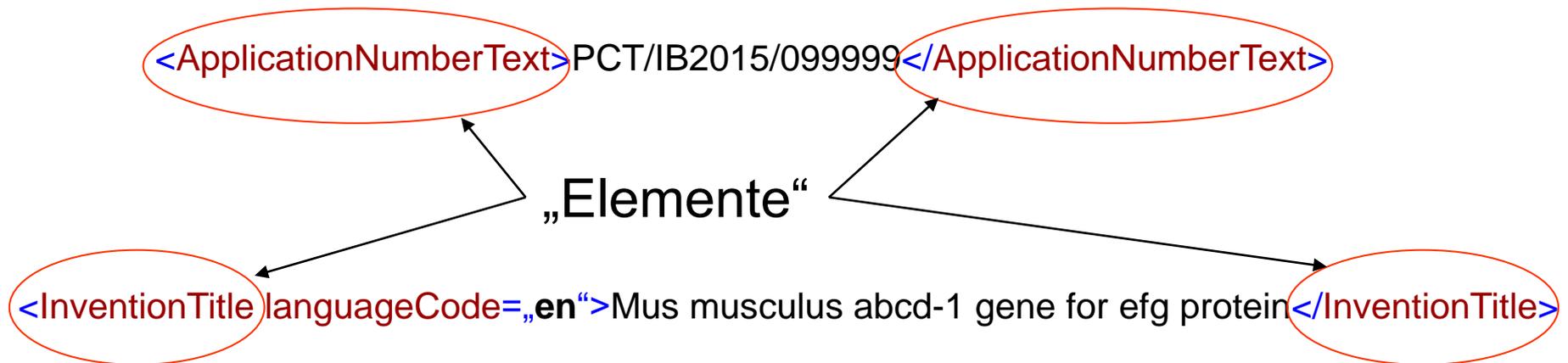
Grundlagen von XML

Auszeichnungssprache zur Darstellung hierarchisch strukturierter Daten im Format einer Textdatei, die sowohl von Menschen als auch von Maschinen lesbar ist.

- XML = eXtensible Markup Language (vielseitige Auszeichnungssprache)
- XML besteht aus **Elementen (Tags)**, die zwischen spitzen Klammern '<' '>' stehen; ein **Tag (Element)** kann einen **Bereich (Elementwert)** umschließen, mit einem öffnenden und einen schließenden Element:
<Element>Wert</Element>
- bei Bedarf kann ein Tag zusätzliche **Eigenschaften (Parameter) Attribute** haben, die aus einem **Namen und einem Wert** (Attributwert) bestehen
- für die Spezifizierung des Aufbaus (hierarchisch organisierte Baumstruktur) und der erlaubten Elemente und Attribute wird die **DTD = Document Type Definition** verwendet

Grundlagen von XML

Elemente, Attribute und Werte (1)



Grundlagen von XML

Elemente, Attribute und Werte (2)

`<ApplicationNumberText>PCT/IB2015/099999</ApplicationNumberText>`

„Elementwerte“

`<InventionTitle languageCode=„en“>Mus musculus abcd-1 gene for efg protein</InventionTitle>`

Bezeichnung der
Erfindung

Grundlagen von XML

Elemente, Attribute und Werte (3)

```
<ApplicationNumberText>PCT/IB2015/099999</ApplicationNumberText>
```

„Attribut“

```
<InventionTitle languageCode=„en“>Mus musculus abcd-1 gene for efg protein</InventionTitle>
```

„Attributwert“

Grundlagen von XML

Reservierte Zeichen

Müssen durch ihre vordefinierten Einheiten in einem Elementwert **ersetzt** werden.

Reserviertes Zeichen	Vordefinierte Einheiten
<	<
>	>
&	&
“	"
‘	'

Beispiel: Erwünschte Merkmallage ist „<50..62“

`<INSDFeature_location><50..62</INSDFeature_location>`



`<INSDFeature_location><50..62</INSDFeature_location>`



WIPO ST.26: Beispiel

```

<?xml version="1.0" encoding="UTF-8"?>
<!DOCTYPE ST26SequenceListing PUBLIC "-//WIPO//DTD Sequence Listing 1.3//EN" "ST26SequenceListing_V1_3.dtd">
<ST26SequenceListing dtdVersion="V1_3" fileName="for WIPO Training" softwareName="WIPO Sequence" softwareVersion="1.1.0-beta4" productionDate="2021-03-24">
  <ApplicationIdentification>
    <IPOfficeCode>IB</IPOfficeCode>
    <ApplicationNumberText>PCT/IB2015/099999</ApplicationNumberText>
    <FilingDate>2015-01-31</FilingDate>
  </ApplicationIdentification>
  <ApplicantFileReference>ABC123</ApplicantFileReference>
  <EarliestPriorityApplicationIdentification>
    <IPOfficeCode>IB</IPOfficeCode>
    <ApplicationNumberText>PCT/IB2014/111111</ApplicationNumberText>
    <FilingDate>2014-01-31</FilingDate>
  </EarliestPriorityApplicationIdentification>
  <ApplicantName languageCode="en">Shutsugan Pharmaceuticals Kabushiki Kaisha</ApplicantName>
  <InventionTitle languageCode="en">Mus musculus abcd-1 gene for efg protein</InventionTitle>
  <SequenceTotalQuantity>1</SequenceTotalQuantity>
  <SequenceData sequenceIDNumber="1">
    <INSDSeq>
      <INSDSeq_length>52</INSDSeq_length>
      <INSDSeq_moltype>DNA</INSDSeq_moltype>
      <INSDSeq_division>PAT</INSDSeq_division>
      <INSDSeq_feature-table>
        <INSDFeature>
          <INSDFeature_key>source</INSDFeature_key>
          <INSDFeature_location>1..52</INSDFeature_location>
          <INSDFeature_qual>
            <INSDQualifier>
              <INSDQualifier_name>mol_type</INSDQualifier_name>
              <INSDQualifier_value>genomic DNA</INSDQualifier_value>
            </INSDQualifier>
            <INSDQualifier id="q2">
              <INSDQualifier_name>organism</INSDQualifier_name>
              <INSDQualifier_value>Mus musculus</INSDQualifier_value>
            </INSDQualifier>
          </INSDFeature_qual>
        </INSDFeature>
      </INSDSeq_feature-table>
      <INSDSeq_sequence>atgaaattaaaacataaaaarggatgataaaatgagatttgatataaaaagg</INSDSeq_sequence>
    </INSDSeq>
  </SequenceData>
</ST26SequenceListing>

```

WIPO ST.26: Komponenten (1)

die XML-Struktur erfordert zunächst eine Deklaration: eine Erkennungszeichenfolge am Beginn des **Prologes einer XML-Datei** und definiert die Versionsnummer der zugrundeliegenden XML-Spezifikation. Die Angabe ist **zwingend erforderlich**. Dazu optional die Kodierung der XML-Datei, hier UTF-8.

Zeile 1 - die XML-Deklaration
(ST.26 Absatz 39(a))

```
<?xml version="1.0" encoding="UTF-8"?>
<!DOCTYPE ST26SequenceListing PUBLIC "-//WIPO//DTD Sequence Listing 1.3//EN" "ST26SequenceListing_V1_3.dtd">
<ST26SequenceListing dtdVersion="V1_3" fileName="for WIPO Training" softwareName="WIPO Sequence"
softwareVersion="1.1.0-beta4" productionDate="2021-03-24">
  <ApplicationIdentification>
    <IPOfficeCode>IB</IPOfficeCode>
    <ApplicationNumberText>PCT/IB2015/099999</ApplicationNumberText>
    <FilingDate>2015-01-31</FilingDate>
  </ApplicationIdentification>
  <ApplicantFileReference>ABC123</ApplicantFileReference>
  <EarliestPriorityApplicationIdentification>
    <IPOfficeCode>IB</IPOfficeCode>
    <ApplicationNumberText>PCT/IB2014/111111</ApplicationNumberText>
    <FilingDate>2014-01-31</FilingDate>
  </EarliestPriorityApplicationIdentification>
  <ApplicantName languageCode="en">Shutsugan Pharmaceuticals Kabushiki Kaisha</ApplicantName>
  <InventionTitle languageCode="en">Mus musculus abcd-1 gene for efg protein</InventionTitle>
  <SequenceTotalQuantity>1</SequenceTotalQuantity>
  <SequenceData sequenceIDNumber="1">
```

WIPO ST.26: Komponenten (2)

als nächstes die **Dokumenttypdeklaration**, die die **Verbindung zwischen einem Dokument und der DTD** herstellt
Die Dokumenttypdeklaration wird am Beginn eines Dokumentes vor dem Wurzelement angegeben.

Zeile 2 - die Dokumenttyp(DOCTYPE)-Deklaration

(ST.26 Absatz 39(b))

```
<?xml version="1.0" encoding="UTF-8"?>
<!DOCTYPE ST26SequenceListing PUBLIC "-//WIPO//DTD Sequence Listing 1.3//EN" "ST26SequenceListing_V1_3.dtd">
<ST26SequenceListing dtdVersion="V1_3" fileName="for WIPO Training" softwareName="WIPO Sequence"
softwareVersion="1.1.0-beta4" productionDate="2021-03-24">
  <ApplicationIdentification>
    <IPOfficeCode>IB</IPOfficeCode>
    <ApplicationNumberText>PCT/IB2015/099999</ApplicationNumberText>
    <FilingDate>2015-01-31</FilingDate>
  </ApplicationIdentification>
  <ApplicantFileReference>ABC123</ApplicantFileReference>
  <EarliestPriorityApplicationIdentification>
    <IPOfficeCode>IB</IPOfficeCode>
    <ApplicationNumberText>PCT/IB2014/111111</ApplicationNumberText>
    <FilingDate>2014-01-31</FilingDate>
  </EarliestPriorityApplicationIdentification>
  <ApplicantName languageCode="en">Shutsugan Pharmaceuticals Kabushiki Kaisha</ApplicantName>
  <InventionTitle languageCode="en">Mus musculus abcd-1 gene for efg protein</InventionTitle>
  <SequenceTotalQuantity>1</SequenceTotalQuantity>
  <SequenceData sequenceIDNumber="1">
```

WIPO ST.26: Komponenten (3)

Wurzelement: das Ausgangselement aller weiteren Elemente

Zeile 3 - das Wurzelement
(ST.26 Absatz 43)

```
<?xml version="1.0" encoding="UTF-8"?>
<!DOCTYPE ST26SequenceListing PUBLIC "-//WIPO//DTD Sequence Listing 1.3//EN" "ST26SequenceListing V1_3.dtd">
<ST26SequenceListing dtdVersion="V1_3" fileName="for WIPO Training" softwareName="WIPO Sequence"
softwareVersion="1.1.0-beta4" productionDate="2021-03-24">
  <ApplicationIdentification>
    <IPOfficeCode>IB</IPOfficeCode>
    <ApplicationNumberText>PCT/IB2015/099999</ApplicationNumberText>
    <FilingDate>2015-01-31</FilingDate>
  </ApplicationIdentification>
  <ApplicantFileReference>ABC123</ApplicantFileReference>
  <EarliestPriorityApplicationIdentification>
    <IPOfficeCode>IB</IPOfficeCode>
    <ApplicationNumberText>PCT/IB2014/111111</ApplicationNumberText>
    <FilingDate>2014-01-31</FilingDate>
  </EarliestPriorityApplicationIdentification>
  <ApplicantName languageCode="en">Shutsugan Pharmaceuticals Kabushiki Kaisha</ApplicantName>
  <InventionTitle languageCode="en">Mus musculus abcd-1 gene for efg protein</InventionTitle>
  <SequenceTotalQuantity>1</SequenceTotalQuantity>
  <SequenceData sequenceIDNumber="1">
```

Allgemeine Informationen:
(ST.26 Absätze 38(a), 45-49)

WIPO ST.26: Komponenten (4)

```

<SequenceData sequenceIDNumber="1">
  <INSDSeq>
    <INSDSeq_length>52</INSDSeq_length>
    <INSDSeq_moltype>DNA</INSDSeq_moltype>
    <INSDSeq_division>PAT</INSDSeq_division>
    <INSDSeq_feature-table>
      <INSDFeature>
        <INSDFeature_key>source</INSDFeature_key>
        <INSDFeature_location>1..52</INSDFeature_location>
        <INSDFeature_quals>
          <INSDQualifier>
            <INSDQualifier_name>mol_type</INSDQualifier_name>
            <INSDQualifier_value>genomic DNA</INSDQualifier_value>
          </INSDQualifier>
          <INSDQualifier id="q2">
            <INSDQualifier_name>organism</INSDQualifier_name>
            <INSDQualifier_value>Mus musculus</INSDQualifier_value>
          </INSDQualifier>
        </INSDFeature_quals>
      </INSDFeature>
    </INSDSeq_feature-table>
    <INSDSeq_sequence>atgaaattaaaacataaaaarggatgataaaatgagatttgatataaaaaagg</INSDSeq_sequence>
  </INSDSeq>
</SequenceData>
</ST26SequenceListing>

```

Sequenzdaten

(ST.26 Absätze 38(b),
50-100)

WIPO ST.26: Allgemeine Informationen (1)

- Der Abschnitt „Identifikation der Anmeldung“
 - Anmeldenummer, Anmeldetag und Code des Amtes für geistiges Eigentum sind obligatorisch, wenn bekannt;
 - andernfalls ist nur das Aktenzeichen des Anmelders ausreichend

```
<ApplicationIdentification>
  <IPOfficeCode>IB</IPOfficeCode>
  <ApplicationNumberText>PCT/IB2015/099999</ApplicationNumberText>
  <FilingDate>2015-01-31</FilingDate>
</ApplicationIdentification>
<ApplicantFileReference>ABC123</ApplicantFileReference>
<EarliestPriorityApplicationIdentification>
  <IPOfficeCode>IB</IPOfficeCode>
  <ApplicationNumberText>PCT/IB2014/111111</ApplicationNumberText>
  <FilingDate>2014-01-31</FilingDate>
</EarliestPriorityApplicationIdentification>
```

WIPO ST.26: Allgemeine Informationen (2)

- Der Abschnitt „Prioritätsanmeldung“
 - es kann **nur eine Prioritätsanmeldung** in das Sequenzprotokoll aufgenommen werden, und es muss die **früheste** Prioritätsanmeldung sein;
 - obligatorisch, wenn Priorität beansprucht wird

```
<ApplicationIdentification>
  <IPOfficeCode>IB</IPOfficeCode>
  <ApplicationNumberText>PCT/IB2015/099999</ApplicationNumberText>
  <FilingDate>2015-01-31</FilingDate>
</ApplicationIdentification>
<ApplicantFileReference>ABC123</ApplicantFileReference>
<EarliestPriorityApplicationIdentification>
  <IPOfficeCode>IB</IPOfficeCode>
  <ApplicationNumberText>PCT/IB2014/111111</ApplicationNumberText>
  <FilingDate>2014-01-31</FilingDate>
</EarliestPriorityApplicationIdentification>
```

WIPO ST.26: Allgemeine Informationen (3)

- Der Abschnitt „Anmelder- und Erfindername“
 - im Sequenzprotokoll dürfen **nur ein Anmeldername und ein Erfindername** enthalten sein und es muss sich um den „Haupt-“Anmelder und -Erfinder handeln;
 - der **Anmeldername ist obligatorisch**; der Erfindername ist optional;
 - ein **Sprachcode** für Anmelder- und Erfindernamen ist obligatorisch;
 - enthält der Anmelder- und/oder Erfindername lateinische Grundschrift, die nicht Unicode ist, muss eine Transliteration oder **Übersetzung in lateinische Grundschrift** enthalten sein.

Basic latin

```
<ApplicantName languageCode="ja">出願製薬株式会社</ApplicantName>
<ApplicantNameLatin>Shutsugan Pharmaceuticals Kabushiki Kaisha</ApplicantNameLatin>
<InventorName languageCode="ja">特許 太郎</InventorName>
<InventorNameLatin>Taro Tokkyo</InventorNameLatin>
```

WIPO ST.26: Allgemeine Informationen (4)

- Der Abschnitt „**Bezeichnung der Erfindung**“
 - mindestens **eine Bezeichnung** der Erfindung in der Sprache der Einreichung **ist obligatorisch**;
 - zusätzliche Bezeichnungen in anderen Sprachen können enthalten sein;
 - ein **Sprachcode** ist für jede Bezeichnung **obligatorisch**;

```
<InventionTitle languageCode="en">My spectacular invention</InventionTitle>  
<InventionTitle languageCode="de">Meine spektakuläre Erfindung</InventionTitle>  
<InventionTitle languageCode="lv">Mans iespaidigais izgudrojums</InventionTitle>  
<InventionTitle languageCode="ru">Мое зрелищное изобретение</InventionTitle>
```

WIPO ST.26: Allgemeine Informationen (5)

- das Element „SequenceTotalQuantity“ (Sequenzgesamtmenge)
ist obligatorisch;
 - die Gesamtmenge muss übersprungene Sequenzen enthalten

<SequenceTotalQuantity>**6**</SequenceTotalQuantity>

WIPO ST.26: Sequenzen (1)

Teil "Sequenzdaten"

- Obligatorische Elemente

```

<SequenceData sequenceIDNumber="1">
  <INSDSeq>
    <INSDSeq_length>52</INSDSeq_length>
    <INSDSeq_moltype>DNA</INSDSeq_moltype>
    <INSDSeq_division>PAT</INSDSeq_division>
    <INSDSeq_feature-table>
      <INSDFeature>
        <INSDFeature_key>source</INSDFeature_key>
        <INSDFeature_location>1..52</INSDFeature_location>
        <INSDFeature_quals>
          <INSDQualifier>
            <INSDQualifier_name>mol_type</INSDQualifier_name>
            <INSDQualifier_value>genomic DNA</INSDQualifier_value>
          </INSDQualifier>
          <INSDQualifier id="q2">
            <INSDQualifier_name>organism</INSDQualifier_name>
            <INSDQualifier_value>Mus musculus</INSDQualifier_value>
          </INSDQualifier>
        </INSDFeature_quals>
      </INSDFeature>
    </INSDSeq_feature-table>
    <INSDSeq_sequence>atgaaattaaaacataaaaarggatgataaaatgagatttgatataaaaaagg</INSDSeq_sequence>
  </INSDSeq>
</SequenceData>

```

Die „Sequenzkennzahl“
oder „SEQ ID NO:“

Die Sequenzlänge

Die Art des Moleküls
(DNA, RNA, oder AA)

Die Einteilung
(immer „PAT“)

WIPO ST.26: Sequenzen (2)

die Großschreibung einiger Merkmale und Qualifier werden im Rahmen kürzlich vorgenommenen Änderungen in der UniProt-Datenbank wahrscheinlich wegfallen

- Das obligatorische „source“ - oder „SOURCE“ -Merkmal

```

<SequenceData sequenceIDNumber="1">
  <INSDSeq>
    <INSDSeq_length>52</INSDSeq_length>
    <INSDSeq_moltype>DNA</INSDSeq_moltype>
    <INSDSeq_division>PAT</INSDSeq_division>
    <INSDSeq_feature-table>
      <INSDFeature>
        <INSDFeature_key>source</INSDFeature_key>
        <INSDFeature_location>1..52</INSDFeature_location>
        <INSDFeature_quals>
          <INSDQualifier>
            <INSDQualifier_name>mol_type</INSDQualifier_name>
            <INSDQualifier_value>genomic DNA</INSDQualifier_value>
          </INSDQualifier>
          <INSDQualifier id="q2">
            <INSDQualifier_name>organism</INSDQualifier_name>
            <INSDQualifier_value>Mus musculus</INSDQualifier_value>
          </INSDQualifier>
        </INSDFeature_quals>
      </INSDFeature>
    </INSDSeq_feature-table>
    <INSDSeq_sequence>atgaaattaaaacataaaarggatgataaaatgagatttgatataaaaaagg</INSDSeq_sequence>
  </INSDSeq>
</SequenceData>

```

Ein und nur ein „source“ -Merkmal ist pro Sequenz erforderlich

Die „source“ -Lage muss sich über die gesamte Sequenz erstrecken

Zwei obligatorische Qualifier: „mol_type“ und „organism“

WIPO ST.26: Sequenzen (3)

ST.26 Sequenzdaten:

```

<SequenceData sequenceIDNumber="1">
  <INSDSeq>
    <INSDSeq_length>52</INSDSeq_length>
    <INSDSeq_moltype>DNA</INSDSeq_moltype>
    <INSDSeq_division>PAT</INSDSeq_division>
    <INSDSeq_feature-table>
      <INSDFeature>
        <INSDFeature_key>source</INSDFeature_key>
        <INSDFeature_location>1..52</INSDFeature_location>
        <INSDFeature_qual>
          <INSDQualifier>
            <INSDQualifier_name>mol_type</INSDQualifier_name>
            <INSDQualifier_value>genomic DNA</INSDQualifier_value>
          </INSDQualifier>
          <INSDQualifier id="q2">
            <INSDQualifier_name>organism</INSDQualifier_name>
            <INSDQualifier_value>Mus musculus</INSDQualifier_value>
          </INSDQualifier>
        </INSDFeature_qual>
      </INSDFeature>
    </INSDSeq_feature-table>
    <INSDSeq_sequence>atgaaattaaacataaaarggatgataaaatgagatttgatataaaaaagg</INSDSeq_sequence>
  </INSDSeq>
</SequenceData>

```

WIPO ST.26: Sequenzen (4)

- Die obligatorischen Qualifier „**mol_type**“ und „~~MOL_TYPE~~“ -
Werteauswahlmöglichkeiten:

DNA

genomische DNA
andere DNA
nicht zugeordnete DNA

RNA

genomische RNA
mRNA
tRNA
rRNA
andere RNA
transkribierte RNA
virale cRNA
nicht zugeordnete DNA

AA

Protein

WIPO ST.26: Sequenzen (5)

- obligatorische Qualifier „**organism**“ (Organismus) -

Werteauswahlmöglichkeiten:

- Lateinischer Name von Gattung und Art z. B. „Mus musculus“
 - Gattungsname gefolgt von „sp.“ z. B. „Mus sp.“
 - Virusname z. B. „Torque teno virus 1“
 - „nicht identifiziert“
 - „synthetisches Konstrukt“
- Übliche Namen, wie z. B. „Maus“, dürfen nicht als Organismusname verwendet werden. Auf Wunsch können übliche Namen im Sequenzprotokoll in einem Anmerkungsqualifier aufgenommen werden.

WIPO ST.26: Sequenzen (6)

Merkmalschlüssel und Qualifier

Zusätzlich zu dem obligatorischen Merkmal „**source**“ (oder „~~SOURCE~~“)“ können Anmelder mehrere optionale Merkmale hinzufügen, um die Sequenz weiter zu beschreiben

- unterschiedliche Merkmalschlüssel für Nukleotidsequenzen und Aminosäuresequenzen;
- jedes Merkmal kann einen oder mehrere optionale Qualifier haben und kann einen obligatorischen Qualifier haben

5.12. Feature Key	misc_binding
Definition	site in nucleic acid which covalently or non-covalently binds another moiety that cannot be described by any other binding key (primer_bind or protein_bind)
Mandatory qualifiers	bound_moiety
Optional qualifiers	allele function gene gene_synonym map note
Comment	note that the regulatory feature key and regulatory_class qualifier with the value "ribosome_binding_site" must be used for describing ribosome binding sites

(WIPO ST.26, Anlage I, Abschnitte 5-8)

WIPO ST.26: Sequenzen (7)

- Nukleotidsequenzen:**

- alle Kleinbuchstabensymbole;
- keine Leerzeichen, keine Nummerierung;
- keine „u“-Symbole; „t“ steht für Uracil in der RNA
- „n“ hat den Standardwert von „jeglihem von ‚a‘, ‚c‘, ‚g‘, oder ‚t/u““

Vorschlag: Definition

Symbol	Nucleotide
a	adenine
c	cytosine
g	guanine
t	thymine in DNA/uracil in RNA (t/u)
m	a or c
r	a or g
w	a or t/u
s	c or g
y	c or t/u
k	g or t/u
v	a or c or g; not t/u
h	a or c or t/u; not g
d	a or g or t/u; not c
b	c or g or t/u; not a
n	a or c or g or t/u; “unknown” or “other”

WIPO ST.26: Sequenzen (8)

- Aminosäuresequenzen:
 - alle **Einzelbuchstaben**, Großbuchstabensymbole;
 - keine Leerzeichen, keine Nummerierung;
 - „X“ hat einen Standardwert „jedes von ‚A‘, ‚R‘, ‚N‘, ‚D‘, ‚C‘, ‚Q‘, ‚E‘, ‚G‘, ‚H‘, ‚I‘, ‚L‘, ‚K‘, ‚M‘, ‚F‘, ‚P‘, ‚O‘, ‚S‘, ‚U‘, ‚T‘, ‚W‘, ‚Y‘, oder ‚V‘“

Absatz 27: Das Symbol "X" wird als eines der Symbole "A", oder "V" ausgelegt, es sei denn, dass es in Verbindung mit einer näheren Beschreibung in der Merkmaltabelle verwendet wird.

Symbol	Amino acid
A	Alanine
R	Arginine
N	Asparagine
D	Aspartic acid (Aspartate)
C	Cysteine
Q	Glutamine
E	Glutamic acid (Glutamate)
G	Glycine
H	Histidine
I	Isoleucine
L	Leucine
K	Lysine
M	Methionine
F	Phenylalanine
P	Proline
O	Pyrrolysine
S	Serine
U	Selenocysteine
T	Threonine
W	Tryptophan
Y	Tyrosine
V	Valine
B	Aspartic acid or Asparagine
Z	Glutamine or Glutamic acid
J	Leucine or Isoleucine
X	A or R or N or D or C or Q or E or G or H or I or L or K or M or F or P or O or S or U or T or W or Y or V; "unknown" or "other"

WIPO ST.26: Sequenzen (8)

intentionally skipped sequence

- **absichtlich übersprungene Sequenz**: erlaubt einem Anmelder, Sequenzdaten aus einem Sequenzprotokoll zu löschen, ohne dass Teilsequenzsequenzen neu nummeriert werden müssen.
 - INSDSeq_length, INSDSeq_moltype, INSDSeq_division vorhanden, aber ohne Wert;
 - Keine Merkmalstabelle und kein Source-Merkmal;
 - Sequenzelement muss den Wert „000“ haben

```
<SequenceData sequenceIDNumber="7">
  <INSDSeq>
    <INSDSeq_length/>
    <INSDSeq_moltype/>
    <INSDSeq_division/>
    <INSDSeq_sequence>000</INSDSeq_sequence>
  </INSDSeq>
</SequenceData>
```

bevor es wieder weitergeht - **Fragen?**

WIPO ST.26 Anlage I:

Kontrolliertes Vokabular

Abschnitt	Inhalt
1	Liste der Nukleotide (Kleinbuchstaben, Einzelbuchstabensymbole)
2	Liste modifizierter Nukleotide
3	Liste der Aminosäuren (Großbuchstaben, Einzelbuchstabensymbole)
4	Liste modifizierter Aminosäuren
5	Merkmalschlüssel für Nukleotidsequenzen
6	Qualifier für Nukleotidsequenzen
7	Merkmalschlüssel für Aminosäuresequenzen (UniProt)
8	Qualifier für Aminosäuresequenzen
9	Tabellen genetischer Codes

WIPO ST.26 Anhang II:

DOKUMENTTYPDEFINITION (DTD) FÜR SEQUENZPROTOKOLLE

- Details zu ST.26 **DTD**: Derzeitige Version **1.3**

- Teil **Allgemeine** Informationen
 - Elemente, die sich auf Informationen zur Patentanmeldung beziehen

- Teil **Sequenzdaten**
 - Teilmenge der INSDC-DTD
 - Eines oder mehrere Sequenzdatenelemente, wobei jedes Element Informationen über eine Sequenz enthält

WIPO ST.26 Anhang III:

BEISPIELEXEMPLAR EINES EQUENZPROTOKOLLS (XML-Datei)

Link: <https://www.wipo.int/standards/en/docs/st26-annex-iii-sequence-listing-specimen.xml>

WIPO ST.26 Anhang IV:

In einer XML-Instanz eines Sequenzprotokolls zu verwendender **ausgewählter Zeichensatz** aus dem **Unicodeblock Basis-Lateinisch**

WIPO ST.26 Anhang V:

Zusätzliche Anforderungen für den Datenaustausch mit Datenbank-Anbietern (**nur für Patentämter**, die Sequenzen weitergeben)

pat|{Code des Amtes}|{Publikationsnummer}|{Dokumentenart-Code}|{Sequenzkennzahl}.

WIPO ST.26 Anhang VI:

Leitfaden mit illustrierten Beispielen

- Enthält 49 (50) reale **Beispiele** für Sequenzoffenbarungen und eine Erklärung, wie die ST.26-Regeln auf jedes Beispiel anzuwenden sind;
- Jedes Beispiel behandelt:
 1. ob die Sequenz für die Aufnahme in ein Sequenzprotokoll **erforderlich, zulässig oder verboten** ist;
 2. wenn die Sequenz in ein Sequenzprotokoll aufgenommen werden muss oder darf, wie sie dargestellt werden muss.
- Der **Anlage zu Anhang VI** ist ein ST.26 **XML-Sequenzprotokoll**, das alle im Anleitungsdokument dargelegten Beispiele enthält.

WIPO ST.26 Anlage VII:

Empfehlung für die **Umwandlung** eines Sequenzprotokolls von ST.25 zu ST.26: potientiellies Hinzufügen oder Streichen

- ... oder wie die Aufnahme von neuem Offenbarungsinhalt vermieden werden kann.
- Die Anforderungen von ST.26 unterscheiden sich von denen von ST.25. ST.26-Regeln erfordern Informationen, die in den ST.25-Regeln nicht erforderlich waren
- Die Umwandlung eines Sequenzprotokolls vom ST.25-Format in das ST.26-Format erfordert immer eine **Eingabe vom Anmelder**
- Die Umwandlung eines ST.25-konformen Sequenzprotokolls in das ST.26-Format führt nicht zu neuem Offenbarungsinhalt, wenn die Empfehlungen in Anlage VII befolgt werden.
- Zwanzig **Umwandlungsszenarien** werden mit Empfehlungen und Beispielen vorgestellt

WIPO Sequence Tool (1)

- Von der WIPO entwickeltes **Desktop-Tool** zur Unterstützung der **Erstellung, Validierung** und **Erzeugung** von ST.26-konformen Sequenzprotokollen
- Die Mitgliedsstaaten haben die WIPO ersucht, dieses **gemeinsame Tool** für alle Ämter und Anmelder auf internationaler, nationaler und regionaler Ebene zu entwickeln
- Die Verwendung von WIPO Sequence **vereinfacht die ST.26-XML-Erstellung** mit einer benutzerfreundlichen Oberfläche: Es müssen keine XML-Dateien mehr direkt bearbeitet werden
- Laden Sie die neueste Version kostenlos herunter von:
<https://www.wipo.int/standards/en/sequence/index.html>

WIPO Sequence 1.0.0 (for applicants)

A standalone desktop application available for Windows, Linux and MacOS.

A user manual is provided to assist applicants in generating their compliant sequence listings.

PDF, WIPO Sequence manual

WIPO Sequence (2)

- Sequenzinformationen können in einem **Projekt gespeichert** und **validiert** werden und dann kann ein Sequenzprotokoll im ST.26-Format **erzeugt** werden
- Daten können **importiert** werden aus: ST.26-Sequenzprotokollen, ST.26-Projekten, **ST.25**-Sequenzprotokollen, Dateien im Multi-Sequenz-Format, Dateien im Raw-Format und Dateien im **FASTA**-Format
- **Validierung** von Sequenzprotokollen auch im **XML**-Format
- Maßgebliche **Merkmalschlüssel**, **Qualifier** und **Organismushnamen** können leicht aus **Dropdown-Menüs** ausgewählt werden
- Anmelder- und Erfinderinformationen können in einer Datenbank für „Personen und Organisationen“ gespeichert werden
- Unterstützt den Export und Import von XLIFF-Dateien, die von Übersetzern verwendet werden

WIPO Sequence: Projektdetails

Abschnitt Allgemeine Informationen

WIPO | Sequence
 FOR WIPO TRAINING
VERIFICATION REPORT
FREE TEXT QUALIFIERS
IMPORT REPORT
DISPLAY THE SEQUENCE LISTING
HELP

 PREFERENCES ENGLISH
 Return to project home

GENERAL INFORMATION SEQUENCES

GENERAL INFORMATION

APPLICATION IDENTIFICATION

Application Identified Before the assignment of the application number Application filed Applicant file reference ABC123	IP Office IB - International Bureau of the World Intellectual Property Organization (WIPO) Application number PCT/IB2015/099999 Filing date 2015-01-30	
--	--	--

PRIORITY IDENTIFICATION

IP Office	Application Number	Filing date	Selected Earliest Priority Application
IB - International Bureau of the World Intellectual Property Organization (WIPO)	PCT/IB2014/111111	2014-01-30	Yes

APPLICANT & INVENTOR

Applicant name Shutsugan Pharmaceuticals Kabushiki Kaisha	Primary applicant	
---	-------------------	--

INVENTION TITLE

Invention title Mus musculus abcd-1 gene for efg protein	Language en - English	
--	-----------------------	--

WIPO Sequence: Projekte Homepage

 WIPO | Sequence
PROJECTS PERSONS & ORGANIZATIONS ORGANISMS HELP
PREFERENCES ENGLISH

[NEW PROJECT](#) [IMPORT PROJECT](#) [IMPORT SEQUENCE LISTING](#) [VALIDATE SEQUENCE LISTING](#)

PROJECTS

Q

Project name :	Applicant file reference	Applicant name	Invention title	Status	Creation Date :
16079428_no_source_sequence	H0075.70243US00	Ferring B.V.	STABLE LIQUID GONADOTROPIN FORMULATION	invalid	2021-02-01
All features and qualifiers	123abc	Simple Healthkit, Inc.	Compositions and Methods for Treating Cancer	modified	2021-02-01
Ark three letter aa code import from ST.25	abc123	Joe, Smith	Improper 3-letter AA code for import	new	2021-02-26
Beta 4 Test Project	abc123	Stephenson, Adam	Beta 4 Test Project	modified	2021-03-11
DNA RNA with u and t	uspto	Biotech, Inc.	Beta 4 test import ST25	modified	2021-03-15

WIPO Sequence: Projektdetails

Abschnitt Sequenzen

WIPO | Sequence
 FOR WIPO TRAINING
VERIFICATION REPORT
FREE TEXT QUALIFIERS
IMPORT REPORT
DISPLAY THE SEQUENCE LISTING
HELP

 PREFERENCES ENGLI
 Return to project home

GENERAL INFORMATION SEQUENCES

SEQUENCE 1

Sequence Number (ID) 1	Molecule Type DNA	✎
Sequence Name test	Organism Mus musculus	
Length 52		

▼ FEATURES

Add feature

Feature Key	Location	Qualifiers
<u>source</u>	1..52	mol_type = genomic DNA organism = Mus musculus

▼ SEQUENCE

```

atgaaattaa  aacataaaaar  ggatgataaa  atgagatttg  atataaaaaa  gg  52
          
```

< 1/1 >
✎

↑

Informationen / Links:

Webinar: WIPO ST.26: **Introduction** (21. April 2021):

mit Video https://www.wipo.int/meetings/en/details.jsp?meeting_id=62848

Meeting documents: Responses to **questions** (pdf)

FAQ: Einführung des WIPO Standards ST.26

Allgemeine Fragen, Fragen zur WIPO Sequence Suite, PCT-Anmeldungen, Nationale/regionale Anmeldungen; <https://www.wipo.int/standards/de/sequence/faq.html>

Webinar: WIPO ST.26: **Advanced:**

https://www.wipo.int/meetings/en/details.jsp?meeting_id=62851

vielen Dank für ihre Aufmerksamkeit

Fragen?

Glossar: Akronyme

- CWS: Ausschuss für WIPO-Standards
- DDBJ: DNA-Datenbank von Japan
- EMBL-EBI: Europäisches Institut für Bioinformatik
- EPO: Europäisches Patentamt
- INSDC: Internationale Nukleotidsequenz-Datenbank-Zusammenarbeit
- IPO: Amt für geistiges Eigentum
- NCBI: Nationales Informationszentrum für Biotechnologie
- WIPO: Weltorganisation für geistiges Eigentum