

ST.25	ST.26
ASCII .txt avec identifiants numériques	XML avec éléments et attributs - le logiciel de l'OMPI pour les listages de séquences est disponible ici: https://www.wipo.int/standards/fr/sequence/index.html
<p><u>Ne doit pas nécessairement</u> inclure :</p> <p>les acides aminés D</p> <p>les portions linéaires de séquences ramifiées</p> <p>les analogues nucléotidiques</p>	<p><u>Doit inclure:</u></p> <p>les acides aminés D</p> <p>les portions linéaires de séquences ramifiées</p> <p>les analogues nucléotidiques (ex : ANP et ANG)</p>
<p>Annotation des séquences:</p> <p>clés de caractérisation uniquement</p>	<p>Annotation des séquences:</p> <p>clés de caractérisation et qualificateurs</p>
<p><u>Possibilité d'inclure des séquences:</u></p> <p>< 10 nucléotides définis de manière spécifique</p> <p>< 4 acides aminés définis de manière spécifique</p>	<p><u>Interdiction d'inclure des séquences:</u></p> <p>< 10 nucléotides définis de manière spécifique</p> <p>< 4 acides aminés définis de manière spécifique</p>
TOUTES les informations relatives à la revendication de priorité peuvent être indiquées	SEULE la revendication de priorité la plus ancienne peut être indiquée
Les noms de TOUS les déposants peuvent être indiqués	Seul UN demandeur ET éventuellement UN inventeur peuvent être indiqués
Un seul titre d'invention autorisé	Plusieurs titres d'invention autorisés, chacun dans une langue différente
Les noms des déposants et des inventeurs et les titres des inventions doivent être en caractères latins de base	Les noms des déposants et des inventeurs et les titres des inventions peuvent être dans n'importe quels caractères Unicode valides accompagnés d'une traduction ou d'une translittération en caractères latins de base
Séquences identifiées comme ADN, ARN ou PRT uniquement	Séquences identifiées comme ADN, ARN ou AA avec un qualificateur obligatoire « mol_type » pour décrire plus précisément la molécule
<p><u>Noms des organismes:</u></p> <p>Nom de genre ou d'espèce en latin</p> <p>Nom du virus</p> <p>« artificial sequence »</p> <p>« unknown »</p>	<p><u>Noms des organismes:</u></p> <p>Nom de genre ou d'espèce en latin</p> <p>Nom du virus</p> <p>« synthetic construct »</p> <p>« unidentified »</p>
"u" représente l'uracile dans les séquences de nucleotides	"t" représente l'uracile dans les séquences d'ARN et la thymine dans les séquences d'ADN
Séquences d'acides aminés représentées par des abréviations de trois lettres	Séquences d'acides aminés représentées par des abréviations d'une lettre
Les variables "n" and "Xaa" doivent faire l'objet d'une définition dans une caractéristique	La valeur des variables "n" and "X" est établie par défaut, sans définition
Le format à utiliser pour l'emplacement des caractéristiques n'est pas clairement défini.	Les formats à utiliser pour l'emplacement des caractéristiques sont strictement définis et permettent l'utilisation de "<" et ">" dans tous les types de séquence, et de "^", "join", "order" et "complement" dans les séquences de nucléotides.
Séquences en "mode mixte" autorisées. Séquence nucléotidique suivie d'une traduction en acides aminés en dessous	PAS de "mode mixte". Les traductions de nucléotides ne sont incluses que dans les qualificateurs "translation"