

「實施 WIPO ST.26 標準」Q&A

- 1、申請人在 111 年 8 月 1 日提出包含核苷酸或胺基酸序列之發明專利申請案，要檢送符合 ST.25 舊標準的 txt 格式序列表？還是檢送符合 ST.26 新標準的 xml 格式序列表？
A:自 111 年 8 月 1 日起，向智慧局提出包含核苷酸或胺基酸序列之發明專利申請案，須檢送符合 ST.26 新標準的 xml 格式序列表。
- 2、申請人在 111 年 8 月 1 日後，若檢送 ST.25 舊標準的 txt 格式序列表，智慧局會怎麼處理？
A:自 111 年 8 月 1 日起，向智慧局提出包含核苷酸或胺基酸序列之發明專利申請案，須檢送符合 ST.26 新標準的 xml 格式序列表。若申請人檢送符合 ST.25 舊標準的 txt 格式序列表，智慧局會通知限期補正，檢送符合 ST.26 新標準的 xml 格式序列表。
- 3、申請人在 111 年 8 月 1 日後，若檢送符合 ST.25 舊標準的 txt 格式序列表，智慧局通知限期補正，是否會影響到原本所取得的申請日？
A:若申請人後續提出補正的 ST.26 新標準序列表，與申請時所提出的 ST.25 舊標準序列表，實質序列內容一致，只是單純格式轉換，沒有產生新事項，是不會影響到原先取得的申請日。
- 4、若申請人主張的優先權案之序列表是符合 ST.25 舊標準 txt 格式序列表，那麼在 111 年 8 月 1 日後向智慧局提出專利申請案，是不是可以援用優先權案內舊版序列表？
A:無法援用。自 111 年 8 月 1 日起，向智慧局提出包含核苷酸或胺基酸序列之發明專利申請案，須檢送符合 ST.26 新標準的 xml 格式序列表。意即，以申請日作為基準日，而非優先權日。
- 5、若申請人在 111 年 8 月 1 日後提出分割案申請，分割案是援用原申請案之申請日，那麼分割案是不是可以援用原申請案內舊版序列表？
A:可以援用。依專利法施行細則第 28 條規定，「發明專利申請案申請分割者，應就每一分割案，備具申請書，並檢附下列文件：一、說明書、申請專利範圍、摘要及圖式。二、申請生物材料或利用生物材料之發明專利者，其寄存證明文件。」因此，自 111 年 8 月 1 日起，向智慧局提出包含核苷酸或胺基酸序列之分割案，援用原申請案之序列表，無須進行轉換。
- 6、國際上各專利局是在 111 年 7 月 1 日起實施 WIPO ST.26 新標準，智慧局則是自 111 年 8 月 1 日起實施。若申請人提供的是符合 ST.26 新標準 xml 格式序

列表，智慧局可以接受嗎？

A：為利國際申請，自 111 年 7 月 1 日起至 111 年 7 月 31 日止的過渡期間，智慧局亦可受理 ST.26 標準序列表，申請人可以依需求擇一(符合 ST.25 或是 ST.26 標準)格式序列表檢送。惟須注意的是，一旦申請人選定版本，須留意後續若轉換版本可能導致補正或修正超出之問題。具體舉例說明，過渡期間，若申請時檢送的是符合 ST.25 舊標準 txt 格式序列表，後續補正或修正檢送符合 ST.26 新標準 xml 格式序列表，可能導致補正或修正超出，故建議一旦選定版本，後續程序皆以相同格式序列表為之。

7、ST.26 新標準 xml 格式序列表無法以劃線本呈現，若申請人提出修正序列表，應檢送文件為何？

A：申請人提出序列表修正時，應檢送修正申請書及修正後整份序列表，且申請書除應載明修正理由及修正處外，須說明該修正內容與申請時說明書、申請專利範圍或圖式之間的對應關係，供智慧局判斷該修正是否超出。

8、若申請人僅提供 ST.26 新標準 xml 格式序列表紙本，沒有提供電子資料，智慧局會如何處理？

A：序列表屬於發明專利說明書之一部分。為減輕申請人負擔，並利於審查人員進行比對、檢索，依專利規費收費辦法第 2 條第 1 項第 3 款及第 7 款規定，核算發明專利申請實體審查及再審查申請費之說明書超頁費時，如申請人依專利法施行細則第 17 條第 6 項規定檢送與序列表相符之電子資料者，其序列表不列入計算超頁費。若申請人僅提供 xml 格式序列表紙本，智慧局於公開或公告說明書時，將以圖檔格式公布。惟只檢送 xml 格式序列表紙本，序列資訊不易閱讀、無法驗證、難以檢索及電子交換，仍強烈建議檢送序列表電子資料。

9、智慧局是否要求 ST.26 新標準 xml 格式中文序列表內哪些欄位內容須以中文表示？若申請人僅提供 ST.26 新標準 xml 格式英文序列表，智慧局可以接受嗎？

A：序列表屬發明專利說明書之一部分，應以中文表示，不得僅提供 ST.26 新標準 xml 格式英文序列表。配合 ST.26 新標準只允許申請人、發明名稱、發明人及特定限定詞（qualifier，如下表）內容得以非英文表示，前述所有欄位之內容皆須以中文表示。

bound_moiety
cell_type
clone
clone_lib
collected_by
cultivar
dev_stage
ecotype
function
gene_synonym
haplogroup
host
identified_by
isolate
isolation_source
lab_host
mating_type
note
organism
phenotype
pop_variant
product
serotype
serovar
sex
standard_name
strain
sub_clone
sub_species
sub_strain
tissue_lib
tissue_type
variety