

International Nonproprietary Names for Pharmaceutical Substances (INN)

Notice is hereby given that, in accordance with article 3 of the Procedure for the Selection of Recommended International Nonproprietary Names for Pharmaceutical Substances, the names given in the list on the following pages are under consideration by the World Health Organization as Proposed International Nonproprietary Names. The inclusion of a name in the lists of Proposed International Nonproprietary Names does not imply any recommendation of the use of the substance in medicine or pharmacy.

Lists of Proposed (1–117) and Recommended (1–78) International Nonproprietary Names can be found in *Cumulative List No. 17, 2017* (available in CD-ROM only). The statements indicating action and use are based largely on information supplied by the manufacturer. **This information is merely meant to provide an indication of the potential use of new substances at the time they are accorded Proposed International Nonproprietary Names.** WHO is not in a position either to uphold these statements or to comment on the efficacy of the action claimed. Because of their provisional nature, these descriptors will neither be revised **nor included in the Cumulative Lists of INNs.**

Dénominations communes internationales des Substances pharmaceutiques (DCI)

Il est notifié que, conformément aux dispositions de l'article 3 de la Procédure à suivre en vue du choix de Dénominations communes internationales recommandées pour les Substances pharmaceutiques les dénominations ci-dessous sont mises à l'étude par l'Organisation mondiale de la Santé en tant que dénominations communes internationales proposées. L'inclusion d'une dénomination dans les listes de DCI proposées n'implique aucune recommandation en vue de l'utilisation de la substance correspondante en médecine ou en pharmacie.

On trouvera d'autres listes de Dénominations communes internationales proposées (1–117) et recommandées (1–78) dans la *Liste récapitulative No. 17, 2017* (disponible sur CD-ROM seulement). Les mentions indiquant les propriétés et les indications des substances sont fondées sur les renseignements communiqués par le fabricant. **Elles ne visent qu'à donner une idée de l'utilisation potentielle des nouvelles substances au moment où elles sont l'objet de propositions de DCI.** L'OMS n'est pas en mesure de confirmer ces déclarations ni de faire de commentaires sur l'efficacité du mode d'action ainsi décrit. En raison de leur caractère provisoire, ces informations **ne figureront pas dans les listes récapitulatives de DCI.**

Denominaciones Comunes Internacionales para las Sustancias Farmacéuticas (DCI)

De conformidad con lo que dispone el párrafo 3 del "Procedimiento de Selección de Denominaciones Comunes Internacionales Recomendadas para las Sustancias Farmacéuticas", se comunica por el presente anuncio que las denominaciones detalladas en las páginas siguientes están sometidas a estudio por la Organización Mundial de La Salud como Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas. La inclusión de una denominación en las listas de las DCI

Propuestas no supone recomendación alguna en favor del empleo de la sustancia respectiva en medicina o en farmacia.

Las listas de Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (1–117) y Recomendadas (1–78) se encuentran reunidas en *Cumulative List No. 17, 2017* (disponible sólo en CD-ROM). Las indicaciones sobre acción y uso que aparecen se basan principalmente en la información facilitada por los fabricantes. **Esta información tiene por objeto dar una idea únicamente de las posibilidades de aplicación de las nuevas sustancias a las que se asigna una DCI Propuesta.** La OMS no está facultada para respaldar esas indicaciones ni para formular comentarios sobre la eficacia de la acción que se atribuye al producto. Debido a su carácter provisional, esos datos descriptivos **no deben incluirse en las listas recapitulativas de DCI.**

Proposed International Nonproprietary Names: List 135

Comments on, or formal objections to, the proposed names may be forwarded by any person to the INN Programme of the World Health Organization within four months of the date of their publication in *WHO Drug Information*, i.e., for **List 135 of Proposed INN not later than 20 November 2026. Publication date:** 20-07-2026

Dénominations communes internationales proposées: Liste 135

Des observations ou des objections formelles à l'égard des dénominations proposées peuvent être adressées par toute personne au Programme des Dénominations communes internationales de l'Organisation mondiale de la Santé dans un délai de quatre mois à compter de la date de leur publication dans *WHO Drug Information*, c'est à dire pour la **Liste 135 de DCI Proposées le 20 novembre 2026 au plus tard. Date de publication :** 20-07-2026

Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas: Lista 135

Cualquier persona puede dirigir observaciones u objeciones respecto de las denominaciones propuestas, al Programa de Comunes Internacionales de la Organización Mundial de la Salud, en un plazo de cuatro meses, contados desde la fecha de su publicación en *WHO Drug Information*, es decir, para **la Lista 135 de DCI Propuestas el 20 de Noviembre de 2026 a más tardar. Fecha de publicación:** 20-07-2026

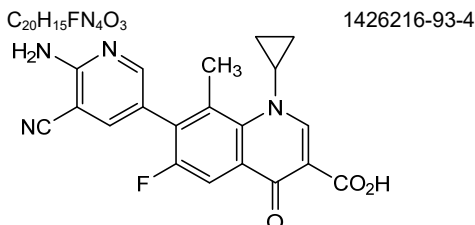
Proposed INN (Latin, English, French, Spanish)	Chemical name or description: Action and use: Molecular formula Chemical Abstracts Service (CAS) registry number: Graphic formula
DCI Proposée	
DCI Propuesta	Nom chimique ou description: Propriétés et indications: Formule brute Numéro dans le registre du CAS: Formule développée Nombre químico o descripción: Acción y uso: Fórmula molecular Número de registro del CAS: Fórmula desarrollada
abimufloxacinum abimufloxacin	7-(6-amino-5-cyanopyridin-3-yl)-1-cyclopropyl-6-fluoro- 8-methyl-4-oxo-1,4-dihydroquinoline-3-carboxylic acid nalidixic acid derivative, antibacterial

abimufloxacin

acide 7-(6-amino-5-cyanopyridin-3-yl)-1-cyclopropyl-6-fluoro-8-méthyl-4-oxo-1,4-dihydroquinoline-3-carboxylique
dérivé de l'acide nalidixique, antibactérien

abimufloxacin

ácido 7-(6-amino-5-cianopiridin-3-il)-1-ciclopropil-6-fluoro-8-metil-4-oxo-1,4-dihidroquinolina-3-carboxílico
derivado del ácido nalidixico, antibacteriano



abroxcabrenum autoleucelum #
 abroxcabrene autoleucel

autologous CD3+CD8+ enriched T lymphocytes obtained by leukapheresis transduced via electroporation with a messenger RNA (mRNA) encoding a chimeric antigen receptor (CAR) directed against B-cell maturation antigen (BCMA), comprising an anti-BCMA single chain variable fragment (scFv) (clone C11D5.3) fused to a CD8 hinge and transmembrane domain, a CD28 co-stimulatory and a CD3ζ signalling domain. The transgene is flanked by a synthetic 5' untranslated region (UTR) and a 3' UTR derived from the mouse alpha globin gene. The mRNA is capped with a eukaryotic cap 1 structure (m7GpppAm) and is terminated with a polyadenylation (polyA) tail.

The leukapheresis material is enriched for CD8 T lymphocytes by positive immunoselection, before being expanded and activated in media containing human AB serum, interleukin 15 (IL-15), interleukin 7 (IL-7) and anti-CD3 antibodies. The expanded cells are then transfected with the anti-BCMA CAR mRNA. The final cell substance is primarily comprised of CD3+CD8+ T lymphocytes (≥90%), with a mix of typical CD8+ subpopulations such as central memory, effector memory, and terminal effector T lymphocytes. CAR expression (>20%) is detected on the cells for a period of time, but wanes gradually consistent with intracellular mRNA degradation. The cells secrete interferon-gamma (IFN-γ) upon target engagement
cell-based gene therapy (antineoplastic)

abroxcabrène autoleucel

lymphocytes T autologues enrichis en CD3+CD8+, obtenus par leucaphérèse, transduits par électroporation avec un ARN messager (ARNm) codant un récepteur d'antigène chimérique (RAC) dirigé contre l'antigène de maturation des lymphocytes B (AMCB). Ce RAC comprend un fragment variable à chaîne unique (scFv) anti-BCMA (clone C11D5.3), fusionné à un région charnière et à un domaine

transmembranaire de CD8, un domaine co-stimulateur de CD28 et à un domaine de signalisation CD3 ζ . Le transgène est flanqué d'une région non traduite 5' (UTR) synthétique et d'une UTR 3' dérivée du gène de l'alpha-globine de souris. L'ARNm est coiffé par une structure cap 1 eucaryote (m7GpppAm) et se termine par une queue polyadénylée (polyA).

Le matériel de leucaphérèse est enrichi en lymphocytes T CD8 par immunosélection positive, avant d'être amplifié et activé dans un milieu contenant du sérum humain AB, de l'interleukine 15 (IL-15), de l'interleukine 7 (IL-7) et des anticorps anti-CD3. Les cellules amplifiées sont ensuite transfectées avec l'ARNm du RAC anti-BCMA. La population cellulaire finale est principalement composée de lymphocytes T CD3+CD8+ ($\geq 90\%$), avec un mélange de sous-populations CD8+ typiques, telles que les lymphocytes T mémoire centrale, T mémoire effectrice et les lymphocytes T effecteurs terminaux. L'expression du RAC ($>20\%$) est détectée à la surface des cellules pendant un certain temps, puis diminue progressivement, en accord avec la dégradation intracellulaire de l'ARNm. Les cellules sécrètent de l'interféron gamma (IFN- γ) après interaction avec la cible

thérapie génique à base de cellules (antinéoplasique)

abroxcabrén autoleucel

linfocitos T autólogos enriquecidos en CD3+CD8+, obtenidos mediante leucoaféresis y transducidos por electroporación con un ARN mensajero (ARNm) que codifica un receptor de antígenos quimérico (CAR) dirigido contra el antígeno de maduración de células B (BCMA que consta de un fragmento variable de cadena sencilla (scFv) anti-BCMA (clon C11D5.3) fusionado a un dominio bisagra y transmembrana de CD8a, un dominio coestimulador de CD28 y un dominio de señalización de CD3 ζ . El transgén está flanqueado por una región no traducida (UTR) en 5' sintética y una UTR en 3' derivada del gen de la alfa globina de ratón. El ARNm está protegido con una estructura cap 1 eucariótica (m7GpppAm) y está terminado con una cola de poliadenilación (poliA). El material de leucoaféresis se enriquece en linfocitos T CD8 mediante inmunoselección positiva, antes de ser expandido y activado en medio que contiene suero humano AB, interleuquina 15 (IL-15), interleuquina 7 (IL-7) y anticuerpos anti-CD3. Las células expandidas se transfectan después con el ARNm del CAR anti-BCMA. La substancia celular final consta primariamente de linfocitos T CD3+CD8+ ($\geq 90\%$), con una mezcla de subpoblaciones CD8+ típicas como los subtipos de memoria central, memoria efectora y linfocitos T efectoras terminales. La expresión del CAR ($>20\%$) se detecta en las células por un periodo de tiempo, pero se desvanece gradualmente, consistente con la degradación intracelular del ARNm. Las células secretan interferón gamma (IFN- γ) tras la interacción con una diana

terapia génica basada en células (antineoplásico)

acmiribinum

acmiribine

2'-deoxy-8-oxo-7,8-dihydroguanosine
Ras-related C3 botulinum toxin substrate 1 (Rac1)
inhibitor

acmiribine

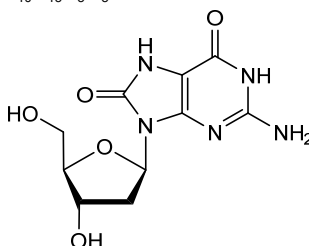
2'-désoxy-8-oxo-7,8-dihydroguanosine
inhibiteur de Rac1 (substrat 1 de la toxine botulinique
C3 liée à Ras)

acmiribina

2'-desoxi-8-oxo-7,8-dihidroguanosina
inhibidor del sustrato 1 de la toxina botulínica C3
relacionado con Ras (Rac1)

C₁₀H₁₃N₅O₅

88847-89-6

**actinium (²²⁵Ac) ancelvotidum guraxetanum**actinium (²²⁵Ac) ancelvotide guraxetan

[5-({(2*R*)-1-[4-amino-*N*-{(4*R*)-4-carboxy-κO'-4-[4,7,10-tris(carboxylato-κO-methyl)-1,4,7,10-tetraazacyclododecan-1-yl-κ⁴*N*¹,*N*⁴,*N*⁷,*N*¹⁰]butanoyl}-L-phenylalanyl-D-tyrosyl-3-(naphthalen-2-yl)-D-alanyl-D-lysine-*N*⁶-yl]-4-[*N*-(L-glutamocarbonyl)-L-γ-glutamyl-D-ornithine-*N*⁶-yl]-1,4-dioxobutan-2-yl}carbamoyl)benzene-1,3-dicarboxylic acid)](²²⁵Ac)actinium
antineoplastic

actinium (²²⁵Ac) ancelvotide guraxétan

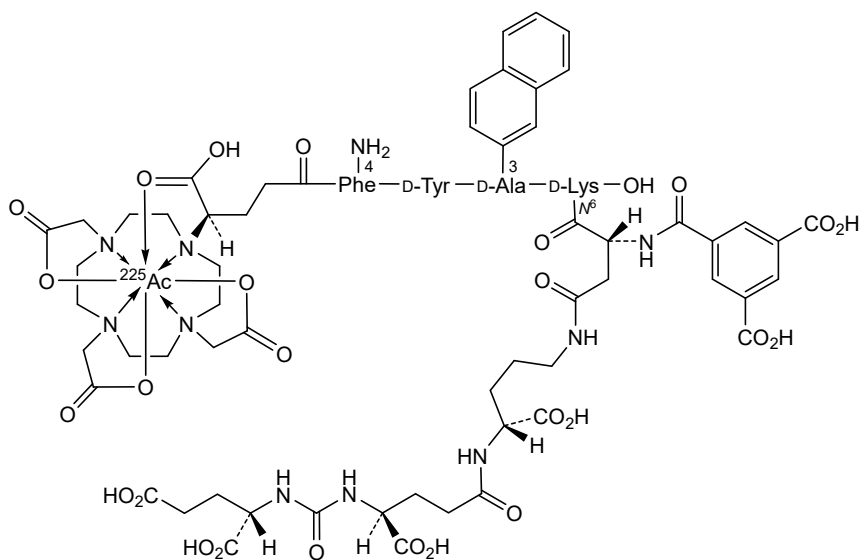
[acide 5-({(2*R*)-1-[4-amino-*N*-{(4*R*)-4-carboxy-κO'-4-[4,7,10-tris(carboxylato-κO-méthyl)-1,4,7,10-tétraazacyclododécan-1-yl-κ⁴*N*¹,*N*⁴,*N*⁷,*N*¹⁰]butanoïl}-L-phénylalanyl-D-tyrosyl-3-(naphthalén-2-yl)-D-alanyl-D-lysine-*N*⁶-yl]-4-[*N*-(L-glutamocarbonyl)-L-γ-glutamyl-D-ornithine-*N*⁶-yl]-1,4-dioxobutan-2-yl}carbamoyl)benzène-1,3-dicarboxylique)](²²⁵Ac)actinium
antineoplasique

actinio (²²⁵Ac) ancelvotida guraxetán

[ácido 5-({(2*R*)-1-[4-amino-*N*-{(4*R*)-4-carboxi-κO'-4-[4,7,10-tris(carboxilato-κO-metil)-1,4,7,10-tetraazaciclododecan-1-il-κ⁴*N*¹,*N*⁴,*N*⁷,*N*¹⁰]butanoil}-L-fenilalanil-D-tirosil-3-(naftalen-2-il)-D-alanil-D-lisin-*N*⁶-il]-4-[*N*-(L-glutamocarbonil)-L-γ-glutamil-D-ornitin-*N*⁶-il]-1,4-dioxobutan-2-il}carbamoil)beceno-1,3-dicarboxílico)](²²⁵Ac)actinio
antineoplásico

C₈₅H₁₀₄²²⁵AcN₁₅O₃₂

3075694-30-0

actinium (^{225}Ac) lufefolastatum tetraxetanumactinium (^{225}Ac) lufefolastat tetraxetan

{N⁶-[N-(17-carboxyheptadecanoyl)-L-γ-glutamyl[2-(2-aminoethoxy)ethoxy]acetyl[2-(2-aminoethoxy)ethoxy]acetylglcyl-4-hydroxybutanoyl-N⁶-[[4, 7, 10-tris(carboxylato-k-O-methyl)-1, 4, 7, 10-tetraazacyclododecan-1-yl-k⁴N¹, N⁴, N⁷, N¹⁰]acetyl-kO)-L-lysyl[2-(2-aminoethoxy)ethoxy]acetyl-*trans*-4-(aminomethyl)cyclohexane-1-carbonyl-3-(naphthalen-2-yl)-L-alanyl]-N²-(L-glutamocarbonyl)-L-lysine}^{(225)Ac}actinium

radiopharmaceutical, antineoplastic

actinium (^{225}Ac) luféfolastat tétraxétan

{N⁶-[N-(17-carboxyheptadécanyol)-L-γ-glutamyl[2-(2-aminoéthoxy)éthoxy]acétyl[2-(2-aminoéthoxy)éthoxy]acétylglycyl-4-hydroxybutanoyl-N⁶-{[4,7,10-tris(carboxylato-κO-méthyl)-1,4,7,10-tétrazaacyclododécane-1-yl-κ^N,N⁴,N⁷,N¹⁰]acétyl-κO)-L-lysyl[2-(2-aminoéthoxy)éthoxy]acétyl-*trans*-4-(aminométhyl)cyclohexane-1-carbonyl-3-(naphthalén-2-yl)-L-alanyl]-N²-(L-glutamocarbonyl)-L-lysine}[²²⁵Ac]actinium

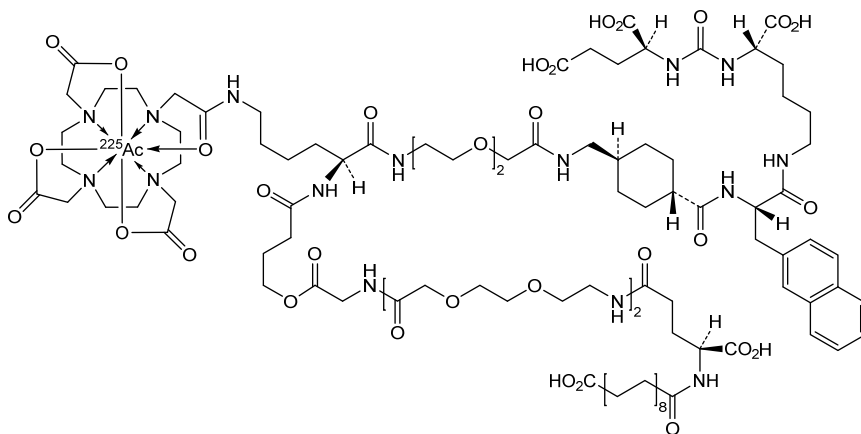
radiopharmaceutique, antinéoplasique

actinio (^{225}Ac) lufefolastat tetraxetán

$\{N^6-[N-(17\text{-carboxiheptadecanoil})\text{-L-}\gamma\text{-glutamil}[2-(2\text{-aminoetoxi})\text{etoxi}]\text{acetil}[2-(2\text{-aminoetoxi})\text{etoxi}]\text{acetil}]\text{glicil-4-hidroibutanoil-}N^6\text{-}\{[4,7,10\text{-tris(carboxilato-k-O-metil)-1,4,7,10\text{-tetraazaciclodecan-1-yl-k}^+N^1, N^4, N^7, N^{10}]\text{acetil-k-O}\}\text{-L-lisil}[2-(2\text{-minoetoxi})\text{etoxi}]\text{acetil-trans-4-(aminometil)ciclohexano-1-carbonil-3-(naftalen-2-il)-L-alanil}-N^2\text{-(L-glutamocarbonil)-L-lisina}\}^{(225)\text{Ac}}\text{actinio radiofármaco. antineoplásico}$

$$\text{C}_{102}\text{H}_{161}^{225}\text{AcN}_{16}\text{O}_{35}$$

3063166-52-6

**adonertinibum**

adonertinib

N-[5-[[4-(5,6-dihydro-4*H*-pyrrolo[3,2,1-*ij*]quinolin-1-yl)pyrimidin-2-yl]amino]-4-methoxy-2-(methyl{2-[(²H₃)methyl(methyl)amino]ethyl}amino)phenyl]prop-2-enamide
epidermal growth factor receptor inhibitor,
antineoplastic

adonertinib

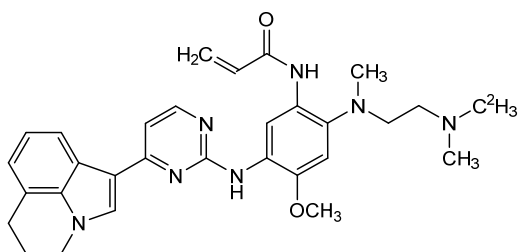
N-[5-[[4-(5,6-dihydro-4*H*-pyrrolo[3,2,1-*ij*]quinoléin-1-yl)pyrimidin-2-yl]amino]-4-méthoxy-2-(méthyl{2-[(²H₃)méthyl(méthyl)amino]éthyl}amino)phényl]prop-2-énamide
inhibiteur du récepteur du facteur de croissance
épidermique, antinéoplasique

adonertinib

N-[5-[[4-(5,6-dihidro-4*H*-pirrolo[3,2,1-*ij*]quinolein-1-il)pirimidin-2-il]amino]-2-(metil{2-[(²H₃)metil(metil)amino]etil}amino)-4-metoxifenil]prop-2-enamida
inhibidor del receptor del factor de crecimiento
epidérmico, antineoplásico

C₃₀H₃₂²H₃N₇O₂

2211116-92-4



afabacorsenum
afabacorsen

all-P-ambo-5-methyl-2'-O,4'-C-methylene-P-thiocytidylyl-(3'→5')-5-methyl-2'-O,4'-C-methylene-P-thiouridylyl-(3'→5')-5-methyl-2'-O,4'-C-methylene-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenylyl-(3'→5')-2'-O,4'-C-methylene-P-thioadenylyl-(3'→5')-5-methyl-2'-O,4'-C-methylene-P-thiocytidylyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-2'-O,4'-C-methylene-P-thioguanilyl-(3'→5')-5-methyl-2'-O,4'-C-methylene-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-O,4'-C-methylene-P-thioadenylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-5-methyl-2'-O,4'-C-methylene-P-thiocytidylyl-(3'→5')-5-methyl-2'-O,4'-C-methyleneuridine
micro RNA-22 steric inhibitor

afabacorsen

tout-P-ambo-5-méthyl-2'-O,4'-C-méthylène-P-thiocytidylyl-(3'→5')-5-méthyl-2'-O,4'-C-méthylène-P-thiouridylyl-(3'→5')-5-méthyl-2'-O,4'-C-méthylène-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioadénylyl-(3'→5')-2'-O,4'-C-méthylène-P-thioadénylyl-(3'→5')-5-méthyl-2'-O,4'-C-méthylène-P-thiocytidylyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-2'-O,4'-C-méthylène-P-thioguanilyl-(3'→5')-5-méthyl-2'-O,4'-C-méthylène-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-O,4'-C-méthylène-P-thioadénylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-5-méthyl-2'-O,4'-C-méthylène-P-thiocytidylyl-(3'→5')-5-méthyl-2'-O,4'-C-méthylène-uridine
inhibiteur stérique du microARN-22

afabacorsén

todo-P-ambo-5-metil-2'-O,4'-C-metileno-P-tiocitidilil-(3'→5')-5-metil-2'-O,4'-C-metileno-P-tiouridilil-(3'→5')-5-metil-2'-O,4'-C-metileno-P-tiouridilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tiocitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioadenilil-(3'→5')-2'-O,4'-C-metileno-P-tioadenilil-(3'→5')-5-metil-2'-O,4'-C-metileno-P-tiocitidilil-(3'→5')-P-tiotimidilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioguanilil-(3'→5')-2'-O,4'-C-metileno-P-tioguanilil-(3'→5')-5-metil-2'-O,4'-C-metileno-P-tiocitidilil-(3'→5')-2'-O,4'-C-metileno-P-thioadenilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioguanilil-(3'→5')-5-metil-2'-O,4'-C-metileno-P-tiocitidilil-(3'→5')-5-metil-2'-O,4'-C-metileno-uridina
inhibidor estérico del microARN-22

C₁₅₉H₁₉₃N₅₃O₈₅P₁₄S₁₄

3075673-97-8

5' C=U=U=C=A=A=C=T=G=G=C=A=G=C=U 3' (1-15)

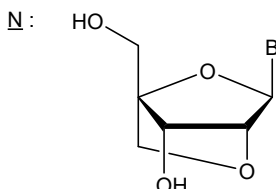
N : nucleoside / nucléoside / nucleósido

B : nucleobase / nucléobase / nucleobase

N : 2'-deoxy-N / 2'-désoxy-N / 2'-desoxi-N

N : 2'-O,4'-C-methylene-N / 2'-O,4'-C-méthylène-N / 2'-O,4'-C-metileno-NN : 5-methyl-N / 5-méthyl-N / 5-metil-N

= : -PS(OH)-



afamakitugum #

afamakitug

immunoglobulin G1-lambda2, anti-[*Homo sapiens* CXCL10 (chemokine C-X-C motif ligand 10, 10 kDa interferon gamma-induced protein gamma-IP10, IP-10, INP10, small inducible cytokine B10, SCYB10)], *Homo sapiens* monoclonal antibody; H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*03 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-216')-disulfide with L-lambda2 light chain *Homo sapiens* (1'-217') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV6-57*02 (97.9%) -IGLJ3*02 (100%), CDR-IMGT [8.3.10] (26-33.51-53.92-101)) (1'-111') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (C-LAMBDA2) (112'-217'')]; dimer (228-228'':231-231'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1SV, glycoform alfa
immunomodulator

afamakitug

immunoglobuline G1-lambda2, anti-[*Homo sapiens* CXCL10 (chémokine C-X-C motif ligand 10, protéine gamma-IP10 de 10 kDa induite par l'interféron gamma, IP-10, INP10, petite cytokine inductible B10, SCYB10)]; anticorps monoclonal *Homo sapiens*; chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens* (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*03 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-216')-disulfure avec la chaîne légère L-lambda2 *Homo sapiens* (1'-217') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV6-57*02 (97.9%) -IGLJ3*02 (100%), CDR-IMGT [8.3.10] (26-33.51-53.92-101)) (1'-111') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (C-LAMBDA2) (112'-217'')]; dimère (228-228'':231-231'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1SV, glycoforme alfa
immunomodulateur

afamakitug

immunoglobulina G1-lambda2, anti-[*Homo sapiens* CXCL10 (quimiocina C-X-C motif ligando 10, proteína gamma-IP10 de 10 kDa inducida por el interferón gamma, IP-10, INP10, pequeña citocina inducible B10, SCYB10)]; anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*; cadena pesada H-gamma1 *Homo sapiens* (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*03 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-216')-disulfuro con la cadena ligera L-lambda2 *Homo sapiens* (1'-217') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV6-57*02 (97.9%) -IGLJ3*02 (100%), CDR-IMGT [8.3.10] (26-33.51-53.92-101)) (1'-111') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (C-LAMBDA2) (112'-217'')]; dímero (228-228'':231-231'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1SV, forma glicosilada alfa
immunomodulador

3085452-73-6

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H²)
QVQLVESGGG VVQPGRSRLR SCAASGFTFS NSGIHWVRQA PGKGLEWVAV 50
ISYDGSNKYY ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARLR 100
DNAEYTDYWG QGTLVTVSSA STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAAAGCLVKD 150
YFPEPVTWSW NSGALTSGVH TFPAVLQSSG LYSLSSTVTV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHHKPSN TKVDKRVEPK SCDKTHTCP CPAPPELLGGP SVFLFPPKPK 250
DTLMISRTPE VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLTV LHQDNLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
YTLPPSREEM TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL 400
DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSCSVN HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L²)
NFMLTQPHSV SESPGKTVTI SCTGSGGSGIA SNYVQWYQQR PGSSPTTVIY 50
EDNQRPSPGV DRFSGSIDSS SNSASLTISG LKTEDEADYY CQSYDPLPVW 100
VFGGGTKLTV LGQPKAAPSV TLFPPSSEEL QANKATLVCL ISDFYPGAVT 150
VAWKADSSPV KAGVETTPS KQSNNKYAAS SYLSLTPEQW KSHRSYSCQV 200
THEGSTVEKT VAPTECS 217

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 146-202 263-323 369-427
22"-96" 146"-202" 263"-323" 369"-427"
Intra-L (C23-C104) 22'-91' 139'-198'
22'''-91''' 139'''-198'''
Inter-H-L (h 5-CL 126) 222-216' 222"-216"
Inter-H-H (h 11, h 14) 228-228" 231-231"

N-terminal glutaminy cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal
Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl) / pyroglutamyle (pE, 5-oxopropyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)
H VH Q1: 1, 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 299, 299"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenaríos complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 449, 449"

agalsidasum gamma #
agalsidase gamma

human α -galactosidase A (GLA, α -D-galactosidase A, melibiase, EC:3.2.1.22; Uniprot: P06280) recombinant glycoprotein, non-covalent homodimer, produced in a glyco-engineered α -1,3-fucosyl transferase/ β -1,2-xylosyl transferase double-knockout strain of the moss *Physcomitrium patens*, glycoform gamma
enzyme replacement therapy (Fabry disease)

agalsidase gamma

glycoprotéine recombinante α -galactosidase A humaine (GLA, α -D-galactosidase A, melibiase, EC:3.2.1.22; Uniprot: P06280), homodimère non covalent, produite dans une souche de mousse *Physcomitrium patens* génétiquement modifiée pour la double inactivation de l' α -1,3-fucosyltransférase et de la β -1,2-xylosyltransférase, glycoforme gamma
thérapie enzymatique substitutive (maladie de Fabry)

agalsidasa gamma

glicoproteína recombinante α -galactosidasa A humana (GLA, α -D-galactosidasa A, melibiase, EC:3.2.1.22; Uniprot: P06280), homodímero no covalente, producido en una cepa de musgo *Physcomitrium patens*, modificada genéticamente para la doble inactivación de la α -1,3-fucosiltransferasa y la β -1,2-xilosiltransferasa, glicoforma gamma
tratamiento enzimático de sustitución (enfermedad de Fabry)

3085550-94-0

Sequence / Séquence / Secuencia

LDNGLARTPT	MGWLHWERFM	CNLDCQEEPD	SCISEKLFME	MAELMVSEGW	50
KDAGYEYLCI	DDCWMAQORD	SEGRLQADPQ	RFPHGIRQLA	NYVHSKGLKL	100
GIYADVGNKT	CAGFPGSFGY	YDIDAQTFAD	WGVDLLKFDG	CYCDSLENLA	150
DGYKHMSLAL	NRTGRSIVYS	CEWPLYMWPF	QKPNYTEIRQ	YCNHWRNFAD	200
IDDSWKSIS	ILDWTSFNQE	RIVDVAGPGG	WNDPDMLVIG	NFGLSWNQVQ	250
TQMALWAIMA	APLFMSNDLR	HISPAKALL	QDKDVIAINQ	DPLGKQGYQL	300
RQGDNFEVWE	RPLSGLAWAV	AMINRQEIGG	PRSYTIAVAS	LGKGVACNPA	350
CFITQLLPVK	RKLGFYEWS	RLRSHINPTG	TVLLQLENTM	QMSLKDLL	398

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-chain: 21-63, 25-32, 111-141, 171-192, 347-351

21'-63', 25'-32', 111'-141', 171'-192', 347'-351'

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

N108, N161, N184; N108', N161', N184'

agubecimigum

agubecimig

immunoglobulin Fab VH-G1(CH1-10h)_L-kappa, anti-[*Homo sapiens* VEGFA (vascular endothelial growth factor A, VEGF-A, VEGF)] and anti-[*Homo sapiens* IL6 (interleukin 6, IL-6)], monoclonal antibody Fab humanized, bispecific, bivalent with an anti-VEGFA paratope on the VH side and an anti-IL6 paratope on the VL side;

heavy chain Fab VH humanized anti-VEGFA -G1(CH1-10h) (H) (1-223) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*04 (76.0%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (85.7%) T123>L (110), CDR-IMGT [7.8.9] (26-32.50-57.96-104)) (1-115) -G1(CH1-h) (*Homo sapiens*IGHG1*01 (100%), G1m17 (CH1 K120 (212) (116-213), hinge 1-10 (214-223)) (116-223)], (218-214')-disulfide with light chain L-kappa humanized anti-IL6 (L') (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-5*01 (75.6%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1'-107')) -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')], produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, non-glycosylated

angiogenesis inhibitor, anti-inflammatory

agubécimig

immunoglobuline Fab VH-G1(CH1-10h)_L-kappa, anti-[*Homo sapiens* VEGFA facteur de croissance A de l'endothélium vasculaire, VEGF-A, VEGF) et *Homo sapiens* IL6 (interleukine 6, IL-6)], anticorps monoclonal Fab humanisé, bispécifique, bivalent avec un paratope anti-VEGFA du côté VH et un paratope anti-IL6 du côté VL;

chaîne lourde Fab VH humanisée anti-VEGFA -G1(CH1-10h) (H) (1-223) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*04 (76.0%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (85.7%) T123>L (110), CDR-IMGT [7.8.9] (26-32.50-57.96-104)) (1-115) -G1(CH1-h) (*Homo sapiens*IGHG1*01 (100%), G1m17 (CH1 K120 (212) (116-213), charnière 1-10 (214-223)) (116-223)], (218-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée anti-IL6 (L') (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-5*01 (75.6%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1'-107')) -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')], produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, non-glycosylé

inhibiteur de l'angiogénèse, anti-inflammatoire

agubecimig

inmunoglobulina Fab VH-G1(CH1-10h)_L-kappa, anti-[*Homo sapiens* VEGFA factor de crecimiento A del endotelio vascular, VEGF-A, VEGF) y *Homo sapiens* IL6 (interleukina 6, IL-6)], anticuerpo monoclonal Fab humanizado, biespecifico, bivalente con un paratopo anti-VEGFA en el lado VH y un paratopo anti-IL6 en el lado VL;
cadena pesada Fab VH humanizada anti-VEGFA -G1(CH1-10h) (H) (1-223) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (76.0%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (85.7%) T123>L (110), CDR-IMGT [7.8.9] (26-32.50-57.96-104)) (1-115) -G1(CH1-h) (*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%), G1m17 (CH1 K120 (212) (116-213), bisagra 1-10 (214-223)) (116-223)], (218-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada anti-IL6 (L') (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-5*01 (75.6%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1'-107')) -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')], producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, no glicosilado
inhibidor de la angiogénesis, antiinflamatorio

3081156-14-8

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: Fab VH anti-VEGFA -CH1-10h (H)

YPQLVESGGG LVQPGGSLRL SCEASVLFKH QDMSWVRQAP GKGLEWVGS I 50
DPRGDHKYYN TKFIDRFTIS RDNSKNTLYL QMNSLRAEDT AVYYCARDLD 100
FMDEWQGQGT LVTSSASTKG PSVFPLAPSS KSTSGGTAAL GCLVKDYFPE 150
PVTVSWNSGA LTSGVHTFPA VLQSSGLYSL SSVVTVPSSS LGTQTYICNV 200
NHKPSNTKVD KKVEPKSCDK THT 223

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: L-kappa anti-IL6 (L')

AIYMHQEPSS LSASVGDRVT ITCQASYWLN SELAWYQQKP GKAPKLLIYD 50
GDDRYPEVPS RFSGSGSHED YTLTISSLQP EDFATYYCQQ YRYTPYTFGQ 100
GTKLEIKRTV AAPSVFIFFP SDEQLKSGTA SVVCLLNMFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGE C 214

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22-95 142-198

Intra-L' (C23-C104) 23'-88' 134'-194'

Inter-H-L' (h 5-CL 126) 218-214'

No N-glycosylation sites / pas de sites de N-glycosylation / ningun posición de N-glycosilación

alboxaleukinum alfa #

alboxaleukin alfa

human interleukin 2 (IL2, IL-2, Uniprot: P60568) variant (F^{42>}A, K^{62>}A, L^{80>}F, R^{81>}D, L^{85>}V, I^{86>}V, I^{92>}F) (1-133) fused at the C-terminus via peptide linker (G₄S)₃ (134-148) to human serum albumin (HAS, Uniprot: P02768), (149-733), produced in Chinese hamster ovary cell (CHO), cell line CHO-K1, glycoform alfa
interleukin-2 derivative, antineoplastic

alboxaleukine alfa

interleukine 2 humaine (IL2, IL-2, Uniprot: P60568), variante (F^{42>}A, K^{62>}A, L^{80>}F, R^{81>}D, L^{85>}V, I^{86>}V, I^{92>}F) (1-133), fusionnée à l'extrémité C-terminale par un coupleur polypeptidique (G₄S)₃ (134-148) à l'albumine sérique humaine (HAS, Uniprot: P02768) (149-733), produite dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
dérivé de l'interleukine 2, antinéoplasique

albaxaleukina alfa

interleukina 2 humana (IL2, IL-2, Uniprot: P60568), variante (F⁴²>A, K⁶²>A, L⁸⁰>F, R⁸¹>D, L⁸⁵>V, I⁸⁶>V, I⁹²>F) (1-133), fusionada en el extremo C-terminal mediante un acoplador polipeptídico (G₄S)₃ (134-148) a la albúmina sérica humana (HAS, Uniprot: P02768) (149-733), producida en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, glicoforma alfa derivado de la interleukina 2, antineoplásico

3087382-95-1

Sequence / Séquence / Secuencia	
APTSSTTKKT QLQLEHLLLD LQMILNGINN YKNPKLTRML TAKFYMPKKA	50
TELKHLQCLE EALKPLEEVL NLAQSKNFHF DPRDVVSNIN VFVLELKGE	100
TTFMCEYADE TATIVEFLNR WITFCQSIIS TLTTGGGGSGG GSGGGGSDA	150
HKSEVAHRFK DLGEENFKAL VLIAFAQYLQ QCPFEDHVKL VNEVTEFAKT	200
CVADESAENC DKSLSHTLFGD KLCTVATLRE TYGEMADCCA KQEPERNECF	250
LQHKDDNPNL PRLVRPEVDV MCTAFHDNEE TFLKKYLYEI ARRHYPFYAP	300
ELLFFAKRYK AAFTECCQAA DKAACLLPKL DELRDEGKAS SAKQRLKCAS	350
LQKFGERAFAK AWAVARLSQR FPKAEFAEVS KLVTDLTQVH TECCHGDLLE	400
CADDRADLAK YICENQDSIS SKLKECCEKP LLEKSHCIAE VENDEMPADL	450
PSLAADFVES KDVCKNYAEA KDVFLGMFLY EYARRHPDYS VVLLRLAKT	500
YETTLEKCCA AADPHECYAK VFDEFKPLVE EPQNLIKQNC ELFEQLGEYK	550
FQNALLVRYT KKVPQVSTPT LVEVSRNLGK VGSKCKHPE AKRMPCAEDY	600
LSVVLNQLCV LHEKTPVSDR VTKCTESLV NRRPCFSALE VDETYPKKEF	650
NAETFTFHAD ICTLSEKERQ IKKQTALVEL VKHKPKATKE QLKAVMDFFA	700
AFVEKCKCAD DKETCFAEEG KKLVAASQAA LGL	733

Mutations / Mutations / Mutaciones
F⁴²>A, K⁶²>A, L⁸⁰>F, R⁸¹>D, L⁸⁵>V, I⁸⁶>V, I⁹²>F

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión
¹³⁴GGGGSGGGSGGGG¹⁴⁸

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra chain IL-2: 58-105
albumin: 201-210, 223-239, 238-249, 272-317, 316-325, 348-394, 393-401, 413-427, 426-437, 464-509, 508-517, 540-586, 585-596, 609-625, 624-635, 662-707, 706-715

O-glycosylation sites / Sites de O-glycosylation / Posiciones de O-glicosilación
T3

alcedaplinum
alcedaplin

5-chloro-1'-(2-[[1-(*cis*-3-hydroxy-3-methylcyclobutyl)-7-(trifluoromethyl)-1*H*-1,3-benzimidazol-5-yl]oxy)ethyl]spiro[indole-3,4'-piperidin]-2(1*H*)-one
apolipoprotein L1 (ApoL1) function inhibitor

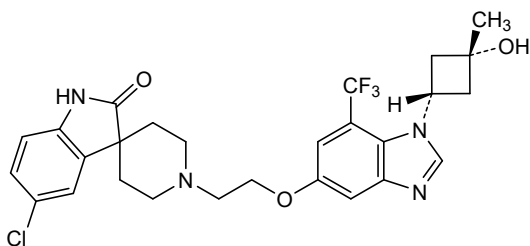
alcédapline

5-chloro-1'-(2-[[1-(*cis*-3-hydroxy-3-méthylcyclobutyl)-7-(trifluorométhyl)-1*H*-1,3-benzimidazol-5-yl]oxy)éthyl]spiro[indole-3,4'-pipéridin]-2(1*H*)-one
inhibiteur de la fonction de l'apolipoprotéine L1 (ApoL1)

alcedaplina

5-cloro-1'-(2-[[1-(*cis*-3-hidroxi-3-metilciclobutil)-7-(trifluorometil)-1*H*-1,3-benzimidazol-5-il]oxi)etil]espiro[indol-3,4'-piperidin]-2(1*H*)-ona
inhibidor de la función de la apolipoproteína L1 (ApoL1)

C₂₇H₂₈ClF₃N₄O₃ 2956780-66-6

**alofropodectum**

alofropodect

5,8-dimethyl-2-(2-phenylimidazo[1,2-a]pyrimidin-7-yl)[1,2,4]triazolo[1,5-a]pyrazine
phosphodiesterase 10A (PDE10A) inhibitor

alofropodect

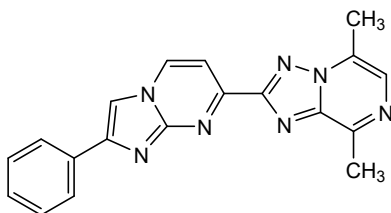
5,8-diméthyl-2-(2-phénylimidazo[1,2-a]pyrimidin-7-yl)[1,2,4]triazolo[1,5-a]pyrazine
inhibiteur de la phosphodiesterase 10A (PDE10A)

alofropodect

5,8-dimetil-2-(2-fenilimidazo[1,2-a]pirimidin-7-il)[1,2,4]triazolo[1,5-a]pirazina
inhibidor de la fosfodiesterasa 10A (PDE10A)

C₁₉H₁₅N₇

1829530-11-1

**anivecrinum**

anivecrine

1,2,3,4,5,6,7,8-octahydroacridin-9-amine
cholinesterase inhibitor, Alzheimer's disease

anivécine

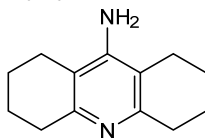
1,2,3,4,5,6,7,8-octahydroacridin-9-amine
inhibiteur de la cholinestérase, maladie d'Alzheimer

anivecrina

1,2,3,4,5,6,7,8-octahidroacridin-9-amino
inhibidor de la colinesterasa, enfermedad de Alzheimer

C₁₃H₁₈N₂

13415-07-1



atidafonatum

atidafonat

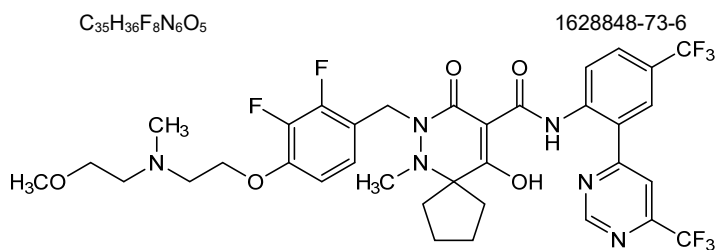
7-[(2,3-difluoro-4-{2-[(2-methoxyethyl)(methyl)amino]ethoxy}phenyl)methyl]-10-hydroxy-6-methyl-8-oxo-*N*-{4-(trifluoromethyl)-2-[6-(trifluoromethyl)pyrimidin-4-yl]phenyl}-6,7-diazaspiro[4.5]dec-9-ene-9-carboxamide
sodium-dependent phosphate transporters inhibitor, hyperphosphatemia

atidafonat

7-[(2,3-difluoro-4-{2-[(2-méthoxyéthyl)(méthyl)amino]éthoxy}phényl)méthyl]-10-hydroxy-6-méthyl-8-oxo-*N*-{4-(trifluorométhyl)-2-[6-(trifluorométhyl)pyrimidin-4-yl]phényl}-6,7-diazaspiro[4.5]déc-9-ène-9-carboxamide
inhibiteur des transporteurs de phosphate dépendants du sodium, hyperphosphatémie

atidafonat

7-[(2,3-difluoro-4-{2-[metil(2-metoxietil)amino]etoxi}fenil)metil]-10-hidroxi-6-metil-8-oxo-*N*-{4-(trifluorometil)-2-[6-(trifluorometil)pirimidin-4-il]fenil}-6,7-diazaespiro[4.5]dec-9-eno-9-carboxamida
inhibidor del transporte de fosfato dependiente de sodio, hiperfosfatemia

**avrukibartum #**

avrukibart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL23A (interleukin 23 subunit alpha; IL-23A, IL-23 subunit p19, IL23p19)], humanized monoclonal antibody;
 gamma1 heavy chain humanized (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*03 (74.2%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17.1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 K120 (217) (121-218), hinge 1-15 (219-233), CH2 L1.3>A (237), L1.2>A (238), M15.1>Y (255), S16>T (257), T18>E (259) (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-214')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (84.2%) -IGKJ4*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'') (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191'')) (108'-214'')]; dimer (229-229'':232-232'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
immunomodulator

avrukibart

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL23A (interleukine 23 sous-unité alpha, IL-23A, IL-23 sous-unité p19, IL23p19)], anticorps monoclonal humanisé;
 chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*03 (74.2%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17.1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 K120 (217) (121-218), charnière

avrukibart

1-15 (219-233), CH2 L1.3>A (237), L1.2>A (238), M15.1>Y (255), S16>T (257), T18>E (259) (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361) (344-448), CHS (449-450) (121-450)], (223-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (84.2%) - IGKJ4*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') - *Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191'')) (108'-214'')]; dimère (229-229":232-232'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
immunomodulateur

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL23A (interleukina 23 subunidad alfa, IL-23A, IL-23 subunidad p19, IL23p19)], anticuerpo monoclonal humanizado;
cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*03 (74.2%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 K120 (217) (121-218), bisagra 1-15 (219-233), CH2 L1.3>A (237), L1.2>A (238), M15.1>Y (255), S16>T (257), T18>E (259) (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361) (344-448), CHS (449-450) (121-450)], (223-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (84.2%) -IGKJ4*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191'')) (108'-214'')]; dimère (229-229":232-232'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa
immunomodulador

3083662-10-3

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H')

EVQLLESGGG	LVQPGGSLRL	SCAASGYTFT	DQTIHWVRQA	PGKGLEWIGY	50
IYPRDDSPKY	NENFKGRATL	SADKSKNTAY	LQMNSLRAED	TAVYCAIPD	100
RSGYAWFIYW	QGQTTVTVSS	ASTKGPSVFPP	LAPSSKSTSG	GTAALGCLVK	150
DYFPEPTVTS	WNSGALTSKV	HTFPQAVLQSS	GLYSLSVSVT	VPSSSLGTQT	200
YICNVNKKPS	NTKVDKKVEP	KSCDKHTHTCP	PCPAPEAAGG	PSVFLFPPKP	250
KDTLYITREP	EVTCTVVVDVS	HEDPEVKFNW	YVDGVEVHNA	KTKPREEQYN	300
STYRVSVLT	VLHQDWLNGK	EYKCKVSNKA	LPAPIEKTI	KAKGQPREPQ	350
VYTLPPSRDE	LTKNQVSLTC	LVKGFYPSDI	AVEWESNGQP	ENNYKTTTPV	400
LDSDGSFFLY	SKLTVDKSRW	QQGNVFSCSV	MHEALHNHYT	QKSLSLSPGK	450

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L')

EIVMTQSPAT	LSVSPGERAT	LSCKASRDVA	IAVAWYQQK	GQAPRLLLYW	50
ASTRHTGIPA	RFSGSGSRTE	FTLTISSLQS	EDFAVYYCHQ	YSSYPFTFGG	100
GTKVEIKRTV	AAPSVFIFPP	SDEQLKSGTA	SVVCLLNNFY	PREAKVQWKV	150
DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD	STYLSLSTLT	LSKADYEKHK	VYACEVTHQG	200
LSSPVTKSFN	RGEC				214

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104)	22-96	147-203	264-324	370-428
	22"-96"	147"-203"	264"-324"	370"-428"

Intra-L (C23-C104)	23'-88"	134'-194'
	23'''-88'''	134'''-194'''

Inter-H-L (h 5-CL 126) 223-214' 223"-214'"

Inter-H-H (h 11, h 14) 229-229" 232-232"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 300, 300"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: 450, 450"

baleraciclidegum

baleraciclideg

3-cyclopropyl-*N*⁶-[(3*S*)-piperidin-3-yl]-*N*⁷-[[4-(pyridin-2-yl)phenyl]methyl]pyrazolo[1,5-*a*]pyrimidine-5,7-diamine
cyclin-dependent kinase degrader, antineoplastic

baléraciclideg

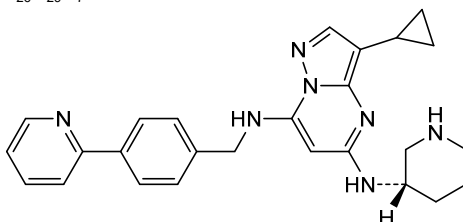
3-cyclopropyl-*N*⁶-[(3*S*)-pipéridin-3-yl]-*N*⁷-[[4-(pyridin-2-yl)phényl]méthyl]pyrazolo[1,5-*a*]pyrimidine-5,7-diamine
agent dégradant des kinases dépendantes des cyclines, antinéoplasique

baleraciclideg

3-ciclopropil-*N*⁶-[(3*S*)-piperidin-3-il]-*N*⁷-[[4-(piridin-2-il)fenil]metil]pirazolo[1,5-*a*]pirimidina-5,7-diamina
degradador de la kinasa dependiente de ciclina, antineoplásico

C₂₆H₂₉N₇

2883700-88-5

**bamenersenum**

bamenersen

*all-P-ambo-2'-O-(2-methoxyethyl)-P-thioguanlyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)-P-thioguanlyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)-5-methyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)-5-methyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)-P-thioguanlyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenylyl-(3'→5')-2'-deoxy-5-methyl-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenylyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-5-methyl-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioguanlyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-5-methyl-P-thiocytidylyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioguanlyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)-5-methyl-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)-5-methyl-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)-5-methyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)-P-thioguanlyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)-5-methyluridine
*microtubule-associated protein tau synthesis reducer**

baménersen

*tout-P-ambo-2'-O-(2-méthoxyéthyl)-P-thioguanlyl-(3'→5')-2'-O-(2-méthoxyéthyl)-P-thioguanlyl-(3'→5')-2'-O-(2-méthoxyéthyl)-5-méthyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-(2-méthoxyéthyl)-5-méthyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-(2-méthoxyéthyl)-P-thioguanlyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioadénylyl-(3'→5')-2'-désoxy-5-méthyl-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioadénylyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-5-méthyl-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioguanlyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-5-méthyl-P-thiocytidylyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioguanlyl-(3'→5')-2'-O-(2-méthoxyéthyl)-5-méthyl-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-O-(2-méthoxyéthyl)-5-méthyl-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-O-(2-méthoxyéthyl)-5-méthyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-(2-méthoxyéthyl)-P-thioguanlyl-(3'→5')-2'-O-(2-méthoxyéthyl)-5-méthyluridine
*réducteur de la synthèse de la protéine tau associée aux microtubules**

bamenersén

todo-P-ambo-2'-O-(2-metoxietil)-P-tioguanilil-(3'→5')-2'-O-(2-metoxietil)-P-tioguanilil-(3'→5')-2'-O-(2-metoxietil)-5-metil-P-tiouridilil-(3'→5')-2'-O-(2-metoxietil)-5-metil-P-tiouridilil-(3'→5')-2'-O-(2-metoxietil)-P-tioguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioadenilil-(3'→5')-2'-desoxi-5-metil-P-tiocitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioadenilil-(3'→5')-2'-tiotimidilil-(3'→5')-2'-disoxi-5-metil-P-tiocitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioguanilil-(3'→5')-P-tiotimidilil-(3'→5')-2'-desoxi-5-metil-P-tiocitidilil-(3'→5')-P-tiotimidilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioguanilil-(3'→5')-2'-O-(2-metoxietil)-5-metil-P-tiocitidilil-(3'→5')-2'-O-(2-metoxietil)-5-metil-P-tiouridilil-(3'→5')-2'-O-(2-metoxietil)-P-tioguanilil-(3'→5')-2'-O-(2-metoxietil)-5-metiluridina
reductor de la síntesis de la proteína tau asociada al microtúbulo

C₂₃₀H₃₁₈N₆₉O₁₂₄P₁₉S₁₉

3086535-28-3

5' G=G=U=U=G=A=C=A=T=C=G=T=C=T=G=C=C=U=G=U 3' (1-20)

N : nucleoside / nucléoside / nucleósido

N : 2'-deoxy-N / 2'-désoxy-N / 2'-desoxi-N

N : 2'-O-(2-methoxyethyl)-N / 2'-O-(2-méthoxyéthyl)-N / 2'-O-(2-metoxietil)-N**N** : 5-methyl-N / 5-méthyl-N / 5-metil-N

=: -PS(OH)-

bampidirsenum

bampidirsén

(P³S)-2'-deoxy-2'-fluoro-P-thiocytidylyl-(3'→5')-(P³S)-2'-deoxy-2'-fluoro-P-thiouridylyl-(3'→5')-(P³R)-P,2'-dideoxy-P-[(1,3-dimethylimidazolidin-2-ylidene)amino]-2'-fluorocytidylyl-(3'→5')-(P³S)-2'-deoxy-2'-fluoro-P-thiocytidylyl-(3'→5')-(P³S)-2'-deoxy-2'-fluoro-P-thioguanilyl-(3'→5')-(P³R)-P,2'-dideoxy-P-[(1,3-dimethylimidazolidin-2-ylidene)amino]-2'-fluoroguanilyl-(3'→5')-(P³S)-2'-deoxy-2'-fluoro-P-thiouridylyl-(3'→5')-(P³S)-2'-deoxy-2'-fluoro-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-(P³S)-2'-deoxy-2'-fluoro-P-thiouridylyl-(3'→5')-(P³S)-2'-O-methyl-P-thioguanilyl-(3'→5')-(P³S)-2'-deoxy-2'-fluoro-P-thioadenilyl-(3'→5')-2'-O-methyladenilyl-(3'→5')-(P³S)-2'-deoxy-2'-fluoro-P-thioguanilyl-(3'→5')-(P³S)-2'-deoxy-2'-fluoro-P-thioguanilyl-(3'→5')-(P³S)-2'-deoxy-2'-fluoro-P-thiouridylyl-(3'→5')-(P³R)-P,2'-dideoxy-P-[(1,3-dimethylimidazolidin-2-ylidene)amino]-2'-fluoroguanilyl-(3'→5')-(P³S)-2'-deoxy-2'-fluoro-P-thiouridylyl-(3'→5')-(P³S)-2'-deoxy-2'-fluoro-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorocytidine

promotion of functional dystrophin synthesis, Duchenne muscular dystrophy

bampidirsén

(P³S)-2'-désoxy-2'-fluoro-P-thiocytidylyl-(3'→5')-(P³S)-2'-désoxy-2'-fluoro-P-thiouridylyl-(3'→5')-(P³R)-P,2'-didésoxy-P-[(1,3-diméthylimidazolidin-2-ylidène)amino]-2'-fluorocytidylyl-(3'→5')-(P³S)-2'-désoxy-2'-fluoro-P-thiocytidylyl-(3'→5')-(P³S)-2'-désoxy-2'-fluoro-P-thioguanilyl-(3'→5')-(P³R)-P,2'-didésoxy-P-[(1,3-diméthylimidazolidin-2-ylidène)amino]-2'-fluoroguanilyl-(3'→5')-(P³S)-2'-désoxy-2'-fluoro-P-thiouridylyl-(3'→5')-(P³S)-2'-désoxy-2'-fluoro-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3'→5')-(P³S)-2'-désoxy-2'-fluoro-P-thiouridylyl-(3'→5')-(P³S)-2'-O-méthyl-P-thioguanilyl-(3'→5')-(P³S)-2'-désoxy-2'-fluoro-P-thioadénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-(P³S)-2'-désoxy-2'-fluoro-P-thioguanilyl-(3'→5')-(P³S)-2'-désoxy-2'-fluoro-P-thioguanilyl-(3'→5')-(P³S)-2'-désoxy-2'-fluoro-P-thiouridylyl-(3'→5')-(P³R)-P,2'-didésoxy-P-[(1,3-diméthylimidazolidin-2-ylidène)amino]-2'-fluoroguanilyl-(3'→5')-(P³S)-2'-désoxy-2'-fluoro-P-thiouridylyl-(3'→5')-(P³S)-2'-désoxy-2'-fluoro-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluorocytidine

promotion de la synthèse de dystrophine fonctionnelle, myopathie de Duchenne

bampidirsén

(P^3S)-2'-desoxi-2'-fluoro-*P*-tiocitidilil-(3'→5')-(P^3S)-2'-desoxi-2'-fluoro-*P*-tiouridilil-(3'→5')-(P^3R)-*P*,2'-didesoxi-*P*-[(1,3-dimetilimidazolidin-2-ilideno)amino]-2'-fluorocitidilil-(3'→5')-(P^3S)-2'-desoxi-2'-fluoro-*P*-tiocitidilil-(3'→5')-(P^3S)-2'-desoxi-2'-fluoro-*P*-tioguanilil-(3'→5')-(P^3R)-*P*,2'-didesoxi-*P*-[(1,3-dimetilimidazolidin-2-ilideno)amino]-2'-fluoroguanilil-(3'→5')-(P^3S)-2'-desoxi-2'-fluoro-*P*-tiouridilil-(3'→5')-(P^3S)-2'-desoxi-2'-fluoro-*P*-tiouridilil-(3'→5')-2'-*O*-metilcitidilil-(3'→5')-(P^3S)-2'-desoxi-2'-fluoro-*P*-tiouridilil-(3'→5')-(P^3S)-2'-*O*-metil-*P*-tioguanilil-(3'→5')-(P^3S)-2'-desoxi-2'-fluoro-*P*-tioadenilil-(3'→5')-2'-*O*-metiladenilil-(3'→5')-(P^3S)-2'-desoxi-2'-fluoro-*P*-tioguanilil-(3'→5')-(P^3S)-2'-desoxi-2'-fluoro-*P*-tiouridilil-(3'→5')-(P^3R)-*P*,2'-didesoxi-*P*-[(1,3-dimetilimidazolidin-2-ilideno)amino]-2'-fluoroguanilil-(3'→5')-(P^3S)-2'-desoxi-2'-fluoro-*P*-tiouridilil-(3'→5')-(P^3S)-2'-desoxi-2'-fluoro-*P*-tiouridilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorocitidina

estimulación de la síntesis de distrofina funcional, distrofia muscular de Duchenne

C₂₀₆H₂₅₀F₁₇N₇₈O₁₀₉P₁₉S₁₄

2379448-61-8

5' C=U=C=C=G=U=U=C-U=C=A=A-G=G=U=G-U=U=C 3' 20

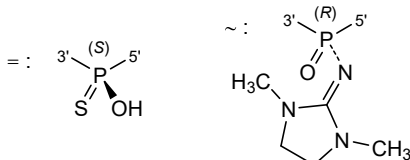
N : nucleoside / nucléoside / nucleósido

B : nucleobase / nucléobase / nucleobase

N : 2'-deoxy-2'-fluoro-N / 2'-désoxy-2'-fluoro-N / 2'-desoxi-2'-fluoro-N

N : 2'-*O*-methyl-N / 2'-*O*-méthyl-N / 2'-*O*-metil-N

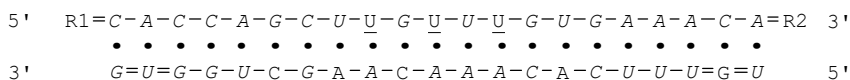
- : -PO(OH)-



baslisiranum

baslisiran

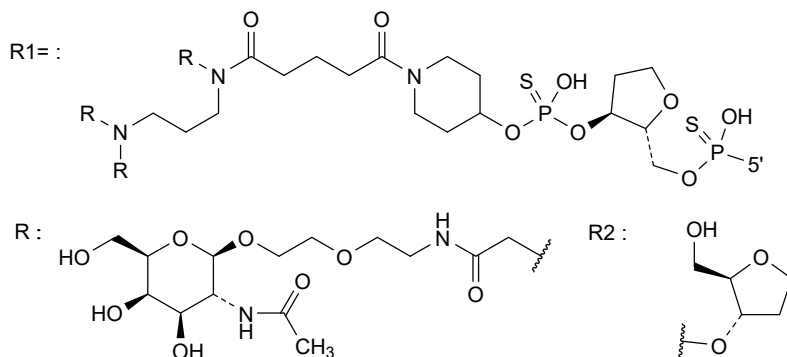
O-[(2*R*,3*S*)-2-(hydroxymethyl)oxolan-3-yl hydrogen *all-P-ambo*-5'-O-[[[(2*R*,3*S*)-3-[[[1-(1-[(2-acetamido-2-deoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]-9,13-bis-(2-[(2-{2-[(2-acetamido-2-deoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]ethoxy)ethyl)amino]-2-oxoethyl]-7,14-dioxo-3-oxa-6,9,13-triazaoctadecan-18-oyl)piperidin-4-yl]oxy}{(hydroxy)phosphorothioyl}oxy}oxolan-2-yl]methoxy}{(hydroxy)phosphorothioyl}-2'-*O*-methylcytidyl-(3'→5')-2'-*O*-methyladenyl-(3'→5')-2'-*O*-methylcytidyl-(3'→5')-2'-*O*-methyladenyl-(3'→5')-2'-*O*-methylguanylyl-(3'→5')-2'-*O*-methylcytidyl-(3'→5')-2'-*O*-methyluridylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorouridylyl-(3'→5')-2'-*O*-methylguanylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorouridylyl-(3'→5')-2'-*O*-methyluridylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorouridylyl-(3'→5')-2'-*O*-methylguanylyl-(3'→5')-2'-*O*-methyluridylyl-(3'→5')-2'-*O*-methylguanylyl-(3'→5')-2'-*O*-methyladenyl-(3'→5')-2'-*O*-methyladenyl-(3'→5')-2'-*O*-methylcytidyl-(3'→5')-2'-*O*-methyl-*P*-thio-3'-adenylate, duplex with *all-P-ambo*-2'-*O*-methyl-*P*-thioguanyl-(5'→3')-2'-*O*-methyl-*P*-thiouridylyl-(5'→3')-2'-*O*-methylguanylyl-(5'→3')-2'-*O*-methylguanylyl-(5'→3')-2'-*O*-methyluridylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluorocytidylyl-(5'→3')-2'-*O*-methylguanylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(5'→3')-2'-*O*-methyladenyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluorocytidylyl-(5'→3')-2'-*O*-methyladenyl-(5'→3')-2'-*O*-methyladenyl-(5'→3')-2'-*O*-methylcytidyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(5'→3')-2'-*O*-



N : A,C,G,U

N : 2'-O-methyl-*N* / 2'-O-méthyl-*N* / 2'-O-metil-*N*

N : 2'-deoxy-2'-fluoro-N / 2'-désoxy-2'-fluoro-N / 2'-desoxi-2'-fluoro-N

$$- : -\text{PO}(\text{OH})- \quad = : -\text{PS}(\text{OH})-$$
**bazipsudilum**

bazipsudil

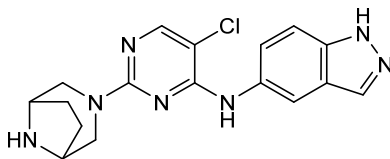
N-[5-chloro-2-(3,8-diazabicyclo[3.2.1]octan-3-yl)pyrimidin-4-yl]-1*H*-indazol-5-amine
Rho-associated protein kinase inhibitor

bazipsudil

N-[5-chloro-2-(3,8-diazabicyclo[3.2.1]octan-3-yl)pyrimidin-4-yl]-1*H*-indazol-5-amine
inhibiteur de la protéine kinase associée à *Rho*

bazipsudil

N-[5-cloro-2-(3,8-diazabicyclo[3.2.1]octan-3-il)pirimidin-4-il]-1*H*-indazol-5-amina
inhibidor de la proteína kinasa asociada al Rho

**bentolanerum**

bentolaner

2-chloro-5-[(1*R*,3*R*)-2,2-dichloro-3-(3,5-dichlorophenyl)cyclopropane-1-carboxamido]-*N*-(3,5-difluoropyridin-2-yl)benzamide
antiparasitic (veterinary use)

bentolaner

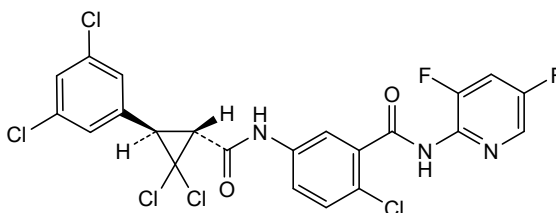
2-chloro-5-[(1*R*,3*R*)-2,2-dichloro-3-(3,5-dichlorophényl)cyclopropane-1-carboxamido]-*N*-(3,5-difluoropyridin-2-yl)benzamide
antiparasitaire (usage vétérinaire)

bentolaner

2-cloro-5-[(1*R*,3*R*)-2,2-dicloro-3-(3,5-diclorofenil)ciclopropano-1-carboxamido]-*N*-(3,5-difluoropiridin-2-il)benzamida
antiparasitario (uso veterinario)

C₂₂H₁₂Cl₅F₂N₃O₂

2027517-19-5

**besnotamigum #**

besnotamig

immunoglobulin (H-gamma4_L-kappa)_(VH-G4(CH1)_(L-kappa)-10mer-VH-TRBC2-G4(9h-CH2-CH3)_V-kappa-TRAC), anti-[*Homo sapiens* MS4A1 (membrane-spanning 4-domains subfamily A member 1, CD20)] and anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], chimeric and humanized monoclonal antibody, bispecific, trivalent ;
heavy chain H-gamma4 chimeric anti-MS4A1 (hole) (H) (1-447) [VH (*Mus musculus* IGHV1-47-27*01 (99.0%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (87.5%) S128>A (121), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 14-G4v75 CH3 C5, 14-G4v33 CH3 S22, A24, V86 (hole), 10-G4v110 CHS delK2 (CH1 (122-219), hinge 1-12 S10>P (229) (220-231), CH2 L92 (310) (232-341), CH3 Y5>C (350), T22>S (367), L24>A (369), Y86>V (408) (342-446), CHS K2>del (447)) (122-447)], (135-213')-disulfide with light chain L-kappa chimeric anti-MS4A1 (L') (1'-213') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV4-72*01 (95.8%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (27'-31'.49'-51'.88'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213')]
heavy chain VH-G4(CH1) chimeric anti-MS4A1 -10mer -VH-TRBC2-G4(9h-CH2-CH3) humanized anti-CD3E (knob) (H'') (1''-720'') [VH-G4(CH1) chimeric anti-MS4A1 (1''-227'') [VH (*Mus musculus* IGHV1-47-27*01 (99.0%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (87.5%) S128>A (121), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG4*01 (CH1 (122''-219'')) -10-mer bis(tetraglycyl-seryl) linker (220''-229'') -VH-TRBC2-G4(9h-CH2-CH3) humanized anti-CD3E (230''-700'') [VH (*Homo sapiens* IGHV1-3*01 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.12] (255''-262'' 280''-287''.326''-337'')) (230''-347'') -*Homo sapiens* TRBC2*01 (97.7%) 17-TRBC2v1 C79, Q85.6, A85.1, A125 del (C-BETA-2 S79>C (404''), N85.6>Q (417''), C85.1>A (422''), A125>del)) (348''-475'') -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 14-G4v74 CH3 C10, 14-G4v32 CH3 W22 (knob), 10-G4v110 CHS delK2 (hinge 4-12 S10>P (482'') (476''-484''), CH2 L92 (563'') (485''-594''), CH3 S10>C (608''), T22>W (620'') (595''-699''), CHS K2>del (700'')) (476''-700'')], (135''-213'')-disulfide with light chain L-kappa chimeric anti-MS4A1 (1'''-213'') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV4-72*01 (95.8%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (27'''-31''' 49'''-51''' 88'''-96'')) (1'''-106'') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152''), V101 (190'')) (107'''-213'')], (404''-161''')-disulfide with light chain V-kappa-TRAC humanized anti-CD3E (1'''-207'') [V-KAPPA

(*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (89.9%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.8] (27^{'''}-38^{'''}.56^{'''}-58^{'''}.95^{'''}-102^{'''})) (1^{'''}-112^{'''}) -*Homo sapiens* TRAC*01 (95.6%) 17-TRACv1 Q38, C84, Q90, Q109 (C-ALPHA N38>Q (146^{'''}), T84>C (161^{'''}), N90>Q (180^{'''}), N109>Q (191^{'''}) (113^{'''}-204^{'''})-CONNECTING-REGION (205^{'''}-207^{'''})) (113^{'''}-207^{'''}); dimer 227-480^{''}:230-483^{''}:350-608^{''})-trisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa
antineoplastic

besnotamig

immunoglobuline (H-gamma4_L-kappa)_(VH-G4(CH1)_(L-kappa)-10mer-VH-TRBC2-G4(9h-CH2-CH3)_V-kappa-TRAC), anti-[*Homo sapiens* MS4A1 (membre 1 de la sous-famille A à 4 domaines transmembranaires, CD20)] et anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], anticorps monoclonal chimérique et humanisé, bispécifique, trivalent;
chaîne lourde H-gamma4 chimérique anti-MS4A1 (hole) (H) (1-447) [VH (*Mus musculus* IGHV1-47-27*01 (99.0%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (87.5%) S128>A (121), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 14-G4v75 CH3 C5, 14-G4v33 CH3 S22, A24, V86 (hole), 10-G4v110 CHS delK2 (CH1 (122-219), charnière 1-12 S10>P (229) (220-231), CH2 L92 (310) (232-341), CH3 Y5>C (350), T22>S (367), L24>A (369), Y86>V (408) (342-446), CHS K2>del (447)) (122-447)], (135-213')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa chimérique anti-MS4A1 (L') (1'-213') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV4-72*01 (95.8%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (27'-31'.49'-51'.88'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213')];
chaîne lourde VH-G4(CH1) chimérique anti-MS4A1 -10mer -VH-TRBC2-G4(9h-CH2-CH3) humanisée anti-CD3E (knob) (H") (1"-720") [VH-G4(CH1) chimérique anti-MS4A1 (1"-227") [VH (*Mus musculus* IGHV1-47-27*01 (99.0%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (87.5%) S128>A (121), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG4*01 (CH1 (122"-219")) -10-mer bis(tétraglycyl-séryl) linker (220"-229") -VH-TRBC2-G4(9h-CH2-CH3) humanisée anti-CD3E (230"-700") [VH (*Homo sapiens* IGHV1-3*01 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.12] (255"-262".280"-287".326"-337")) (230"-347") -*Homo sapiens* TRBC2*01 (97.7%) 17-TRBC2v1 C79, Q85.6, A85.1, A125 del (C-BETA-2 S79>C (404"), N85.6>Q (417"), C85.1>A (422"), A125>del)) (348"-475") -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 14-G4v74 CH3 C10, 14-G4v32 CH3 W22 (knob), 10-G4v110 CHS delK2 (charnière 4-12 S10>P (482") (476"-484"), CH2 L92 (563") (485"-594"), CH3 S10>C (608"), T22>W (620") (595"-699"), CHS K2>del (700")) (476"-700")], (135"-213")-disulfure avec la chaîne légère L-kappa chimérique anti-MS4A1 (1"-213") [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV4-72*01 (95.8%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (27"-31".49"-51".88"-96")) (1"-106") -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152"), V101 (190")) (107"-213")], (404"-161")-disulfure avec la chaîne légère V-kappa-TRAC humanisée anti-CD3E (1"-207") [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (89.9%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.8] (27"-38"-56"-58"-95"-102")) (1"-112") -*Homo sapiens* TRAC*01 (95.6%) 17-TRACv1 Q38, C84, Q90, Q109 (C-ALPHA N38>Q (146"), T84>C (161"), N90>Q (180"), N109>Q (191") (113"-204")-CONNECTING-REGION (205"-207")) (113"-207"); dimère 227-480^{''}:230-483^{''}:350-608^{''})-trisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster

chinoiso (CHO), glycoforme alfa
antineoplasique

besnotamig

inmunoglobulina (H-gamma4_L-kappa)_(VH-G4(CH1)_(L-kappa)-10mer-VH-TRBC2-G4(9h-CH2-CH3)_V-kappa-TRAC), anti-[*Homo sapiens* MS4A1 (miembro 1 de la subfamilia A con 4 dominios transmembranarios, CD20)] y anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 épsilon, Leu-4)], anticuerpo monoclonal quimérico y humanizado, biespecífico, trivalente;
cadena pesada H-gamma4 quimérica anti-MS4A1 (hole) (H) (1-447) [VH (*Mus musculus*IGHV1-47-27*01 (99.0%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (87.5%) S128>A (121), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens*IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 14-G4v75 CH3 C5, 14-G4v33 CH3 S22, A24, V86 (hole), 10-G4v110 CHS delK2 (CH1 (122-219), bisagra 1-12 S10>P (229) (220-231), CH2 L92 (310) (232-341), CH3 Y5>C (350), T22>S (367), L24>A (369), Y86>V (408) (342-446), CHS K2>del (447)) (122-447)], (135-213')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa quimérica anti-MS4A1 (L') (1'-213') [V-KAPPA (*Mus musculus*IGKV4-72*01 (95.8%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (27'-31'.49'-51'.88'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213')];
cadena pesada VH-G4(CH1) quimérica anti-MS4A1 -10mer-VH-TRBC2-G4(9h-CH2-CH3) humanizada anti-CD3E (knob) (H") (1"-720") [VH-G4(CH1) quimérica anti-MS4A1 (1"-227") [VH (*Mus musculus*IGHV1-47-27*01 (99.0%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (87.5%) S128>A (121), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens*IGHG4*01 (CH1 (122"-219")) -10mer bis(tetraglicil-seril) enlace (220"-229") -VH-TRBC2-G4(9h-CH2-CH3) humanizada anti-CD3E (230"-700") [VH (*Homo sapiens*IGHV1-3*01 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.12] (255"-262".280"-287".326"-337")) (230"-347") -*Homo sapiens*TRBC2*01 (97.7%) 17-TRBC2v1 C79, Q85.6, A85.1, A125 del (C-BETA-2 S79>C (404"), N85.6>Q (417"), C85.1>A (422"), A125>del)) (348"-475") -*Homo sapiens*IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 14-G4v74 CH3 C10, 14-G4v32 CH3 W22 (knob), 10-G4v110 CHS delK2 (bisagra 4-12 S10>P (482") (476"-484"), CH2 L92 (563") (485"-594"), CH3 S10>C (608"), T22>W (620") (595"-699"), CHS K2>del (700")) (476"-700")], (135"-213""-disulfuro con la cadena ligera L-kappa quimérica anti-MS4A1 (1""-213"" [V-KAPPA (*Mus musculus*IGKV4-72*01 (95.8%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (27""-31"".49""-51"".88""-96"")) (1""-106"" -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152""), V101 (190"")) (107""-213""), (404"-161""-disulfuro con la cadena ligera V-kappa-TRAC humanizada anti-CD3E (1""-207"" [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV4-1*01 (89.9%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.8] (27""-38"".56""-58"".95""-102"")) (1""-112"" -*Homo sapiens*TRAC*01 (95.6%) 17-TRACv1 Q38, C84, Q90, Q109 (C-ALPHA N38>Q (146""), T84>C (161""), N90>Q (180""), N109>Q (191"" (113""-204""-CONNECTING-REGION (205""-207"")) (113""-207"")]; dímero 227-480":230-483":350-608")-trisdifuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa
antineoplásico

3082353-64-5

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: H-gamma4 anti-MS4A1 (hole) (H)

QVQLQQPGAE LVKPGASVKM SCKASGYTFT SYNMHWVKQT PGRGLEWIGA 50
IYPNGDTSY NQKFKGKATL TADKSSSTAY MQLSSLTSED SAVYYCARST 100
YYGGDWYFNV WGAGTTVTVS AASTKGPSVF PLAPCSRSTS ESTAALGCLV 150
KDYFPEPFTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS SGLYSLSSVV TVPSSSLGSK 200
TYTCNVDPKPE SNTKVDKRV SKYGPCCPPC PAPEFLGGPS VFLFPKPKD 250
TLMISRTPEV TCVVVDVSQE DPEVQFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQFNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKGLP SSIIEKTISKA KGQPREPQVC 350
TLPPSQEEMT KNQVSLSCAV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD 400
SDGSFFLVSR LTVDKSRWQE GNVFSCSMH EALHNHYTQK SLSLSLG 447

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: common L-kappa anti-MS4A1 (L',L'")

QIVLSQSPAI LSASPGKVT MTCRASSSVS YIHWFQQKPG SSPKFWIYAT 50
SNLASGVPVR FSGSGSGTSY SLTISRVEAE DAATYYCQW TSNPTTFGGG 100
TKLEIKRTVA APSVFIFPPS DEQLKSGTAS VVCLLNNFYP REAKVQWKVD 150
NALQSGNSQE SVTEQDSKDS TYSLSSTLTL SKADYEKKHV YACEVTHQGL 200
SSPVTKSFNR GEC 213

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: VH-G4(CH1) anti-MS4A1 -10mer-VH-TRBC2-G4(9h-CH2-CH3) anti-CD3E (knob) (H")

QVQLQQPGAE LVKPGASVKM SCKASGYTFT SYNMHWVKQT PGRGLEWIGA 50
IYPNGDTSY NQKFKGKATL TADKSSSTAY MQLSSLTSED SAVYYCARST 100
YYGGDWYFNV WGAGTTVTVS AASTKGPSVF PLAPCSRSTS ESTAALGCLV 150
KDYFPEPFTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS SGLYSLSSVV TVPSSSLGSK 200
TYTCNVDPKPE SNTKVDKRV GGGSGGGGSG VQLVQSGAEV KKPSSSVKVS 250
CKASGFAFTD YYIHWRQAP GQGLEWMGIW SPGNVNTKYN ENFKGRVTIT 300
ADKSTSTAY ELSSLRSED AVYYCARDGY SLYYFDYWGQ GTLVTVLEDL 350
KNVFPEPAV FEPSEAEISH TQKATLVCLA TGFYPDHVEL SWWWNGKEVH 400
SGVCTDPQPL KEQPALQDSR YALSSRLRVS ATFWQNP RNH FRCQVQFYGL 450
SENDEWTQDR AKPVTQIVSA EAWGRYGPPC PPCPAPEFLG GPSVFLFPPK 500
PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SQEDPEVQFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQF 550
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK GLPSSIEKTI SKAKGQPREP 600
QVYTLPPCQE EMTKNQVSLW CLVKGFPYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTTPP 650
VLDSGGSFFL YSRLTVDKSR WQEGNVFSCS VMHEALHNHY TQKLSLSLSLG 700

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: V-kappa-TRAC anti-CD3E (L'")

DIVMTQSPDS LAVSLGERAT INCKSSQSLL NSRTRKNYLA WYQQKPGQPP 50
KLLIYWASTR QSGVPDRFSG SSGSGTDFTLT ISSLQAEDVA VYYCTQSHLT 100
RTFGGGTKVE IKPDIQNPD AVYQLRDSKS SDKSVCLFTD FDSQTQVSQS 150
KDSVYITDK CVLDMRSMDF KSN SAVAWSQ KSDFACANAF QNSIIPEDTF 200
FSPFESS 207

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22-96 148-204 262-322 368-426

Intra-H" (C23-C104) 22"-96" 148"-204" 251"-325" 378"-443" 515"-575" 621"-679"

Intra-L' (C23-C104) 23'-87' 133'-193'

Intra-L" (C23-C104) 23"-87" 133"-193"

Intra-L"" (C23-C104) 23""-94"" 136""-186""

Inter-H-L', inter-H"-L" (CH1 C10-CL 126) 135-213' 135"-213"

Inter-H"-L" (C79 TRBC-C84 TRAC)* 404"-161"

Inter-H-H" (h 8, h 11) 227-480" 230-483"

Inter-H-H" (CH3 C5-CH3 C10)** 350-608"

*additional inter H-L disulfide bond owing to variants TRBC2v1 (which includes C79) and TRACv1 (which includes C84)

**additional inter-H-H disulfide bond owing to variants 14-G4v75 (H CH3 C5) and 14-G4v74 (H" CH3 C10)

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal

Q> pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl) / pyroglutamyle (pE, 5-oxopropyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxopropilo)

H VH Q1: 1, 1"

L VL V-KAPPA Q1: 1', 1""

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 298, 551"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados.

besvoprostum

besvoprost

(5Z,13E,15S)-17-(2,5-dichlorothiophen-3-yl)-9 α ,11 α ,15-trihydroxy-18,19,20-trinorprosta-5,13-dien-1-amide
prostaglandin receptor agonist, antiglaucoma

besvoprost

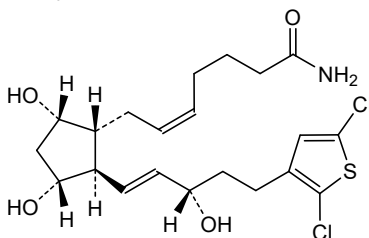
(5Z,13E,15S)-17-(2,5-dichlorothiophén-3-yl)-9 α ,11 α ,15-trihydroxy-18,19,20-trinorprosta-5,13-dién-1-amide
agoniste des récepteurs des prostaglandines, antiglaucomateux

besvoprost

(5Z,13E,15S)-17-(2,5-diclorotiofen-3-il)-9 α ,11 α ,15-trihidroxi-18,19,20-trinorprosta-5,13-dien-1-amida
agonista del receptor de prostaglandina, antiglaucoma

C₂₁H₂₉Cl₂NO₄S

215863-14-2

**bilpatidum**

bilpatide

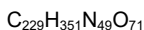
N^{6,17},N^{6,20}-(2,2'-[[(22S)-22,42-dicarboxy-10,19,24-trioxo-3,6,12,15-tetraoxa-9,18,23-triazadotetracontan-1-oyl]azanediyl]diacetyl)(L-tyrosyl-2-methylalanyl-L- α -glutamylglycyl-L-threonyl-L-phenylalanyl-L-threonyl-L-seryl-L- α -aspartyl-L-tyrosyl-L-seryl-L-isoleucyl-2-methylalanyl-L-leucyl-L- α -aspartyl-L-lysyl-L-lysyl-L-alanyl-L-glutamyl-L-lysyl-L-alanyl-L-phenylalanyl-L-valyl-L- α -glutamyl-L-tryptophyl-L-leucyl-L-isoleucyl-L-alanyl-L-glycyl-L-glycyl-L-prolyl-L-seryl-L-seryl-L-glycyl-L-alanyl-L-prolyl-L-prolyl-L-prolyl-L-serinamide)
gastric inhibitory polypeptide (GIP) and glucagon-like peptide 1 (GLP-1) receptor agonist, antidiabetic

bilpatide

N^{6,17},N^{6,20}-(2,2'-[[(22S)-22,42-dicarboxy-10,19,24-trioxo-3,6,12,15-tetraoxa-9,18,23-triazadotetracontan-1-oyl]azanediyl]diacetyl)(L-tyrosyl-2-méthylalanyl-L- α -glutamylglycyl-L-thréonyl-L-phénylalanyl-L-thréonyl-L-séryl-L- α -aspartyl-L-tyrosyl-L-séryl-L-isoleucyl-2-méthylalanyl-L-leucyl-L- α -aspartyl-L-lysyl-L-lysyl-L-alanyl-L-glutamyl-L-lysyl-L-alanyl-L-phénylalanyl-L-valyl-L- α -glutamyl-L-tryptophyl-L-leucyl-L-isoleucyl-L-alanyl-L-glycyl-L-glycyl-L-prolyl-L-séryl-L-séryl-L-glycyl-L-alanyl-L-prolyl-L-prolyl-L-prolyl-L-sérinamide)
agoniste du récepteur du polypeptide inhibiteur gastrique (GIP) et du peptide 1 de type glucagon (GLP-1), antidiabétique

bilpatida

N^{6,17},N^{6,20}-(2,2'-[[(22S)-22,42-dicarboxi-10,19,24-trioxo-3,6,12,15-tetraoxa-9,18,23-triazadotetracontan-1-oi]azanodiil]diacetil)(L-tirosil-2-metilalanil-L- α -glutamilglicil-L-treonil-L-fenilalanil-L-treonil-L-seril-L- α -aspartil-L-tirosil-L-seril-L-isoleucil-2-metilalanil-L-leucil-L- α -aspartil-L-lisil-L-lisil-L-alanil-L-glutaminil-L-lisil-L-alanil-L-fenilalanil-L-valil-L- α -glutamil-L-triptofil-L-leucil-L-isoleucil-L-alanilglicilglicil-L-prolil-L-seril-L-serilglicil-L-alanil-L-prolil-L-prolil-L-prolil-L-serinamida)
agonista dual del receptor del polipéptido inhibidor gástrico (GIP) y del péptido 1 similar al glucagón (GLP-1), antidiabético

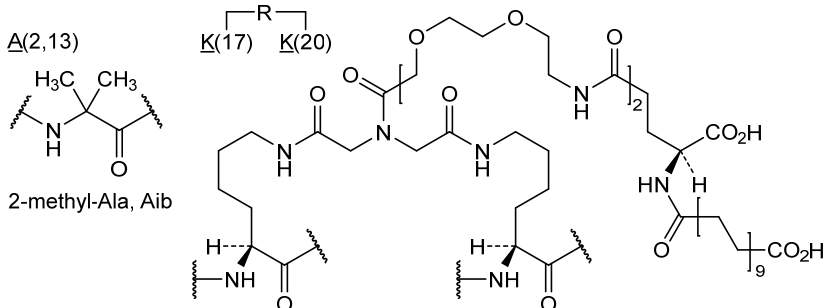


2869056-74-4

Sequence / Séquence / Secuencia

YAEGTFTSDY SIALDKKAQK AFVEWLIAGG PSSGAPPPS—NH₂ 39

Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados



birfutamigum # birfutamig

immunoglobulin (H-gamma1_L-kappa)_ (VH-G1(CH1-5h)-scFvhl-G1(h-CH2-CH3)_L-kappa), anti-[*Homo sapiens* GPRC5D (G protein-coupled receptor class C group 5 member D)] and anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], monoclonal antibody, bispecific, trivalent;
heavy chain H-gamma1 anti-GPRC5D (hole) (H) (1-449) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV1-47-14*01 (83.7%) - (IGHD) -IGHJ3*01 (91.7%) A128>S (119)/*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (78.6%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 1-G1v66 CH2 A27, 6-G1v14-4 CH2 A1.3, A1.2, A114, 14-G1v75 CH3 C5, 14-G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) (CH1 K120 (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237), D27>A (267), P114>A (331) (233-342), CH3 Y5>C (351), D12 (358), L14 (360), T22>S (368), L24>A (370), Y86>V (409) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-220')-disulfide with light chain common L-kappa (L') (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (94.1%) -IGKJ4*01 (90.9%) V124>L (110'), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103'') (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197'') (114'-220'')];
heavy chain VH-G1(CH1-5h) anti-GPRC5D -scFvhl anti-CD3E -G1(h-CH2-CH3) (knob) (H'') (1"-704'') [VH-G1(CH1-5h) chimeric anti-GPRC5D (1"-222'') [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV1-47-14*01 (83.7%) - (IGHD) -IGHJ3*01 (91.7%) A128>S (119'')/*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (78.6%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.12] (26"-33".51"-58".97"-108'') (1"-119'') -*Homo sapiens* IGHG1*01 CH1-5h, G1m17,1 CH1 K120 (CH1 K120 (216'') (120"-217''), hinge 1-5 (218"-222'') (120"-222'') -scFvhl anti-CD3E (223"-471'') [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV10-1*02 (90.8%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (91.7%) S123>T (342'')/*Homo sapiens* IGHV3-73*01 (90.0%) - (IGHD) -IGHJ6*01 (100%), CDR-IMGT [8.10.16] (248"-255".273"-282".321"-336'') (223"-347'') -15-mer tris(tetraglycyl-seryl) linker (348"-362'') -V-LAMBDA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGLV1*01 (82.3%) -IGLJ1*01 (100%)/*Homo sapiens* IGLV7-46*01 (78.9%) -IGLJ3*02 (100%), CDR-IMGT [9.3.9] (388"-396".414"-

416".453"-461")) (363"-471"))] -1-mer glycyl linker (472") -G1(h-CH2-CH3) *Homo sapiens* IGHG1*01 h-CH2-CH3-CHS, G1m17,1 CH3 D12, L14, 15-G1v37 h S5, 1-G1v66 CH2 A27, 6-G1v14-4 CH2 A1.3, A1.2, A114, 14-G1v74 CH3 C10, 14-G1v32 CH3 W22 (knob) (hinge 1-15 C5>S (477")) (473"-487"), CH2 L1.3>A (491"), L1.2>A (492"), D27>A (522"), P114>A (586") (488"-597"), CH3 S10>C (611"), D12 (613"), L14 (615"), T22>W (623") (598"-702"), CHS (703"-704")) (473"-704"))], (222"-220")-disulfide with light chain common L-kappa (L") (1"-220") [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (94.1%) -IGKJ4*01 (90.9%) V124>L (110"), CDR-IMGT [12.3.9] (27"-38".56"-58".95"-103")) (1"-113") -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159"), V101 (197")) (114"-220"))]; dimer (228-483":231-486":351-611")-trisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa *antineoplastic*

birfutamig

immunoglobuline (H-gamma1_L-kappa)_ (VH-G1(CH1-5h)-scFvhl-G1(h-CH2-CH3)_L-kappa), anti-[*Homo sapiens* GPRC5D (membre D du groupe 5 de la classe C des récepteurs couplés aux protéines G)] et anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], anticorps monoclonal, bispécifique, trivalent; chaîne lourde H-gamma1 anti-GPRC5D (hole) (H) (1-449) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV1-47-14*01 (83.7%) - (IGHD) -IGHJ3*01 (91.7%) A128>S (119)/*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (78.6%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR -IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 1-G1v66 CH2 A27, 6-G1v14-4 CH2 A1.3, A1.2, A114, 14-G1v75 CH3 C5, 14-G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) (CH1 K120 (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237), D27>A (267), P114>A (331) (233-342), CH3 Y5>C (351), D12 (358), L14 (360), T22>S (368), L24>A (370), Y86>V (409) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-220')-disulfure avec la chaîne légère commune L-kappa (L') (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (94.1%) -IGKJ4*01 (90.9%) V124>L (110'), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220'))]; chaîne lourde VH-G1(CH1-5h) anti-GPRC5D -scFvhl anti-CD3E -G1(h-CH2-CH3) (knob) (H") (1"-704") [VH-G1(CH1-5h) anti-GPRC5D (1"-222") [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV1-47-14*01 (83.7%) - (IGHD) -IGHJ3*01 (91.7%) A128>S (119)/*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (78.6%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR -IMGT [8.8.12] (26"-33".51"-58".97"-108")) (1"-119") -*Homo sapiens* IGHG1*01 CH1-5h, G1m17,1 CH1 K120 (CH1 K120 (216") (120"-217"), charnière 1-5 (218"-222")) (120"-222"))] -scFvhl anti-CD3E (223"-471") [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV10-1*02 (90.8%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (91.7%) S123>T (342")/*Homo sapiens* IGHV3-73*01 (90.0%) - (IGHD) -IGHJ6*01 (100%), CDR -IMGT [8.10.16] (248"-255".273"-282".321"-336")) (223"-347") -15-mer tris(tétraglycyl-séryl) linker (348"-362") -V-LAMBDA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGLV1*01 (82.3%) -IGLJ1*01 (100%)/*Homo sapiens* IGLV7-46*01 (78.9%) -IGLJ3*02 (100%), CDR -IMGT [9.3.9] (388"-396".414"-416".453"-461")) (363"-471"))] -1-mer glycyl linker (472") -G1(h-CH2-CH3) *Homo sapiens* IGHG1*01 h-CH2-CH3-CHS, G1m17,1 CH3 D12, L14, 15-G1v37 h S5, 1-G1v66 CH2 A27, 6-G1v14-4 CH2 A1.3, A1.2, A114, 14-G1v74 CH3 C10, 14-G1v32 CH3 W22 (knob) (charnière 1-15 C5>S (477")) (473"-487"), CH2 L1.3>A (491"), L1.2>A (492"), D27>A (522"), P114>A (586") (488"-597"), CH3 S10>C (611"), D12 (613"), L14 (615"), T22>W (623") (598"-

702"), CHS (703"-704")) (473"-704"))], (222"-220'")-disulfure avec la chaîne légère commune L-kappa (L'') (1'""-220'") [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (94.1%) -IGKJ4*01 (90.9%) V124>L (110'"), CDR-IMGT [12.3.9] (27'""-38'""-56'""-58'""-95'""-103'")) (1'""-113'") -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'"), V101 (197'")) (114'""-220'")]; dimère (228-483'":231-486'":351-611'")-trisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
antinéoplasique

birfutamig

immunoglobulina (H-gamma1_L-kappa)_ (VH-G1(CH1-5h)-scFvhl-G1(h-CH2-CH3)_L-kappa), anti-[*Homo sapiens* GPRC5D (miembro D del grupo 5 de la clase C de los receptores acoplados a las proteínas G)] y anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 épsilon, Leu-4)], anticuerpo monoclonal, biespecífico, trivalente; cadena pesada H-gamma1 anti-GPRC5D (hole) (H) (1-449) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV1-47-14*01 (83.7%) - (IGHD) -IGHJ3*01 (91.7%) A128>S (119)/*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (78.6%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR -IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108))] (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 1-G1v66 CH2 A27, 6-G1v14-4 CH2 A1.3, A1.2, A114, 14-G1v75 CH3 C5, 14-G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) (CH1 K120 (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237), D27>A (267), P114>A (331) (233-342), CH3 Y5>C (351), D12 (358), L14 (360), T22>S (368), L24>A (370), Y86>V (409) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-220')-disulfuro con la cadena ligera común L-kappa (L') (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (94.1%) - IGKJ4*01 (90.9%) V124>L (110'), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114"-220'"); cadena pesada VH-G1(CH1-5h) anti-GPRC5D -scFvhl anti-CD3E -G1(h-CH2-CH3) (knob) (H'') (1"-704'") [VH-G1(CH1-5h) anti-GPRC5D (1"-222'") [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV1-47-14*01 (83.7%) - (IGHD) -IGHJ3*01 (91.7%) A128>S (119'")/*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (78.6%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR -IMGT [8.8.12] (26"-33".51"-58".97"-108'") (1"-119'") -*Homo sapiens* IGHG1*01 CH1-5h, G1m17,1 CH1 K120 (CH1 K120 (216'") (120"-217'"), bisagra 1-5 (218"-222'")) (120"-222'")] - scFvhl anti-CD3E (223"-471'") [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV10-1*02 (90.8%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (91.7%) S123>T (342'")/*Homo sapiens* IGHV3-73*01 (90.0%) - (IGHD) -IGHJ6*01 (100%), CDR -IMGT [8.10.16] (248"-255".273"-282".321"-336'")) (223"-347'") -15-mer tris(tetraglicil-seril) enlace (348"-362'") -V-LAMBDA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGLV1*01 (82.3%) -IGLJ1*01 (100%)/*Homo sapiens* IGLV7-46*01 (78.9%) -IGLJ3*02 (100%), CDR -IMGT [9.3.9] (388"-396".414"-416".453"-461'")) (363"-471'")] -1-mer glicil enlace (472'") -G1(h-CH2-CH3) *Homo sapiens* IGHG1*01 h-CH2-CH3-CHS, G1m17,1 CH3 D12, L14, 15-G1v37 h S5, 1-G1v66 CH2 A27, 6-G1v14-4 CH2 A1.3, A1.2, A114, 14-G1v74 CH3 C10, 14-G1v32 CH3 W22 (knob) (bisagra 1-15 C5>S (477'") (473"-487'"), CH2 L1.3>A (491'"), L1.2>A (492'"), D27>A (522'"), P114>A (586'") (488"-597'"), CH3 S10>C (611'"), D12 (613'"), L14 (615'"), T22>W (623'") (598"-702'"), CHS (703"-704'")) (473"-704'"))], (222"-220'")-disulfuro con la cadena ligera común L-kappa (L'') (1'""-220'") [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (94.1%) -IGKJ4*01 (90.9%) V124>L (110'"), CDR-IMGT [12.3.9] (27'""-38'""-56'""-58'""-95'""-103'")) (1'""-113'") - *Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'"), V101 (197'")) (114'""-220'")]; dímero (228-483'":231-

486"-351-611")-trisdifuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa antineoplásico

3080184-95-5

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: H-gamma1 anti-GPRC5D (hole) (H)

QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT THYMYWVRQA PGQGLEWIGG 50
 INPSNEATNF NEKFVKATL TVDKSTSTAY MELSSLRSED TAVYYCTRVG 100
 GLSYTMDYWG QGTLVTVSSA STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
 YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TTPAVLQSSG LYSLSVVTV PSSSLGTQTY 200
 ICNVNHHKPSN TKVDKKVEPK SCDKTHTCPP CPAPEAAGGP SVFLFPPKPK 250
 DTLMISSRTP ETCVVVAVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
 TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL AAPIEKTISK AKQGPPEPQV 350
 CTRLPSPRDEL TKNQVSLSCA VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTPPV 400
 DSDGSFFFLVS KLTVDKSRWQ QGNVFSQVM HEALHNYHTQ KSLSLSPGK 449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: common L-kappa (L', L'')

DIVMTQSPDS LAVSLGERVT MNCKSSQSL YSSNQKNYLA WYQQKPGQPP 50
 KLLIYWASTR ESGVPDRFSG SGYGTDFTLT ISSLQAEDVA VYCCQYYSY 100
 PRTFGGGTKL EIKRTVAAPS VFIFPPSDEQ LKSGTASVVC LLNNFYPREA 150
 KVQWKVDNAL QSGNSQESVT EQDSKDYTS LSSTLTLSKA DYEKHKVYAC 200
 EVTHQGLSSP VTKSFNRGEC 220

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: VH-G1(CH1-5h) anti-GPRC5D

-scFvH1 anti-CD3E -G1(h-CH2-CH3) (knob) (H'')

QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT THYMYWVRQA PGQGLEWIGG 50
 INPSNEATNF NEKFVKATL TVDKSTSTAY MELSSLRSED TAVYYCTRVG 100
 GLSYTMDYWG QGTLVTVSSA STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
 YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TTPAVLQSSG LYSLSVVTV PSSSLGTQTY 200
 ICNVNHHKPSN TKVDKKVEPK SCEVQLVESG GGLVQPGGSL KLSAASGFT 250
 FSTYAMNWR QAPGKGLEWV GRIRSKYNNY ATYYADSVKD RFTISRDDSK 300
 NTLYLQMSNL KTEDAVYYC TRHGNFGNSY VSWFAYWGQG TTVTVSSGGG 350
 GSGGGGSGG GSQAVVTQEP SLTVSPGGTV TLTCSRSTGA VTSNYANWV 400
 QKPGQAPRG LIGGTNKRAP GVPARFSGSL LGGKAALTLS GAQPEDEAEY 450
 FCALWYSNLW VFGGGTKLTV LGPEKSSDKT HTCPPCPAPE AAGGPSVF 500
 PPKPKDTLMI SRTPEVTCV VAVSHEDPEV KFNWYVDGVE VHNATKPRE 550
 EQYNSTYRVV SVLTVLHQDW LNKKEYKCKV SNKALAAPIE KTISKAKGP 600
 REPQVYTLPP CRDELTKNQV SLWCLVKGFY PSDIAVEWES NGQPENNYKT 650
 TPPVLDSGS FFLYSKLTVD KSRWQQGNVF SCSVMHEALH NHYTQKSLSL 700
 SPGK 704

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22-96 146-202 263-323 369-427
 Intra-H" (C23-C104) 22"-96" 146"-202" 244"-320" 384"-452" 518"-578" 624"-682"
 Intra-L' (C23-C104) 23'-94' 140'-200'
 Intra-L" (C23-C104) 23"-94" 140"-200"
 Inter-H-L', inter-H"-L" (h 5-CL 126) 222-220' 222"-220"
 Inter-H-H" (h 11, h 14) 228-483" 231-486"
 Inter-H-H" (CH3 C5-C10)* 351-611"

*additional inter-H-H disulfide bond owing to variants 14-G1v75 (H CH3 C5) and 14-G1v74 (H" CH3 C10)

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal

Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl) / pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolylo)
 H VH Q1: 1, 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 299, 554"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados.

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: 449, 704"

birmiglipronum

birmiglipron

9⁴-cyano-9²-fluoro-7-oxa-3(1,2)-[1,3]benzimidazola-6(2,6)-pyridina-5(1,4)-piperidina-1(5)-[1,3]thiazola-9(1)-benzenanonaphane-3⁶-carboxylic acid
glucagon-like peptide 1 (GLP-1) receptor agonist

birmiglipron

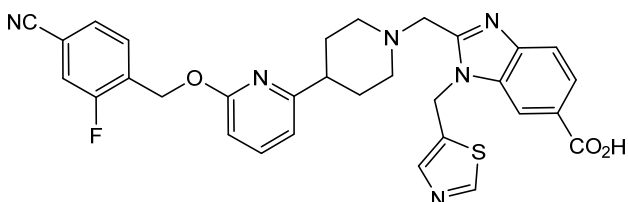
acide 9⁴-cyano-9²-fluoro-7-oxa-3(1,2)-[1,3]benzimidazola-6(2,6)-pyridina-5(1,4)-pipéridina-1(5)-[1,3]thiazola-9(1)-benzénanonaphane-3⁶-carboxylique
agoniste du récepteur du peptide 1 de type glucagon (GLP-1)

birmigliprón

ácido 9⁴-ciano-9²-fluoro-7-oxa-3(1,2)-[1,3]benzimidazola-6(2,6)-piridina-5(1,4)-piperidina-1(5)-[1,3]tiazola-9(1)-bencenanonafano-3⁶-carboxílico
agonista del receptor del péptido 1 similar al glucagón (GLP-1)

C₃₁H₂₇FN₆O₃S

2920752-37-8

**blumicimentum #**

blumiciment

immunoglobulin (H-gamma4_L-kappa_G4(hCH2CH3), anti-[*Homo sapiens* VWF (von Willebrand factor) C-terminal cystine knot (CTCK) domain], *Homo sapiens* monoclonal antibody; H-gamma4 heavy chain anti-VWF *Homo sapiens* hole (H) (1-452) [VH (*Homo sapiens* GHV1-24*01 (85.6%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (90.9%) L123>T (121), CDR-IMGT [8.8.19] (26-33.51-58.97-115)) (1-126) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 6-G4v4 CH2 A1.3, A1.2, 14-G4v33 CH3 S22, A24, V86 (hole), 10-G4v110 CHS delK2 (CH1 (127-224), hinge 1-12 S10>P (234) (225-236), CH2 F1.3>A (240), L1.2>A (241), L92 (315) (237-346), CH3 T22>S (372), L24>A (374), Y86>V (413) (347-451), CHS K2>del (452)) (127-452)], (140-213')-disulfide with L-kappa light chain anti-VWF *Homo sapiens* (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (89.9%) -IGKJ4*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.8] (27'-32'.50'-52'.89'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (152'), V101 (190') (107'-213')]; G4(hCH2CH3) chain *Homo sapiens* knob (H") (1"-228") [*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 6-G4v4 CH2 A1.3, A1.2, 14-G4v32 CH3 W22 (knob), 10-G4v110 CHS delK2 (hinge 1-12 S10>P (10") (1"-12"), CH2 F1.3>A (16"), L1.2>A (17"), L92 (91") (13"-122"), CH3 T22>W (148") (123"-227"), CHS K2>del (228")]; dimer (232-8":235-11")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1SV, lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, glycoform alfa
haemostatic, von Willebrand disease

blumiciment

immunoglobuline (H-gamma4_L-kappa)_G4(hCH2CH3), anti-[*Homo sapiens* VWF (facteur de von Willebrand) domaine C-terminal à noeu d cystine (CTCK)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;

chaîne lourde H-gamma4 anti-VWF *Homo sapiens* hole (H) (1-452) [VH (*Homo sapiens* GHV1-24*01 (85.6%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (90.9%) L123>T (121), CDR-IMGT [8.8.19] (26-33.51-58.97-115))] (1-126) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 6-G4v4 CH2 A1.3, A1.2, 14-G4v33 CH3 S22, A24, V86 (hole), 10-G4v110 CHS delK2 (CH1 (127-224), charnière 1-12 S10>P (234) (225-236), CH2 F1.3>A (240), L1.2>A (241), L92 (315) (237-346), CH3 T22>S (372), L24>A (374), Y86>V (413) (347-451), CHS K2>del (452)) (127-452)], (140-213')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa anti-VWF *Homo sapiens* (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (89.9%) -IGKJ4*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.8] (27'-32'.50'-52'.89'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (152'), V101 (190') (107'-213')]; chaîne G4(hCH2CH3) *Homo sapiens* knob (H") (1"-228") [*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 6-G4v4 CH2 A1.3, A1.2, 14-G4v32 CH3 W22 (knob), 10-G4v110 CHS delK2 (charnière 1-12 S10>P (10") (1"-12"), CH2 F1.3>A (16"), L1.2>A (17"), L92 (91") (13"-122"), CH3 T22>W (148") (123"-227"), CHS K2>del (228"))]; dimère (232-8":235-11")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1SV, ne présentant pas le gène de la glutamine synthétase (GS-KO), glycoforme alfa

hémostatique, maladie de von Willebrand

blumiciment

inmunoglobulina (H-gamma4_L-kappa)_G4(hCH2CH3), anti-[*Homo sapiens* VWF (factor de von Willebrand) dominio C-terminal con nudo de cistina (CTCK)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*;

cadena pesada H-gamma4 anti-VWF *Homo sapiens* hole (H) (1-452) [VH (*Homo sapiens* GHV1-24*01 (85.6%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (90.9%) L123>T (121), CDR-IMGT [8.8.19] (26-33.51-58.97-115))] (1-126) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 6-G4v4 CH2 A1.3, A1.2, 14-G4v33 CH3 S22, A24, V86 (hole), 10-G4v110 CHS delK2 (CH1 (127-224), bisagra 1-12 S10>P (234) (225-236), CH2 F1.3>A (240), L1.2>A (241), L92 (315) (237-346), CH3 T22>S (372), L24>A (374), Y86>V (413) (347-451), CHS K2>del (452)) (127-452)], (140-213')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa anti-VWF *Homo sapiens* (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (89.9%) -IGKJ4*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.8] (27'-32'.50'-52'.89'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (152'), V101 (190') (107'-213')]; cadena G4(hCH2CH3) *Homo sapiens* knob (H") (1"-228") [*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 6-G4v4 CH2 A1.3, A1.2, 14-G4v32 CH3 W22 (knob), 10-G4v110 CHS delK2 (bisagra 1-12 S10>P (10") (1"-12"), CH2 F1.3>A (16"), L1.2>A (17"), L92 (91") (13"-122"), CH3 T22>W (148") (123"-227"), CHS K2>del (228"))]; dímero (232-8":235-11")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1SV, en ausencia del gen de la glutamina sintetasa (GS-KO), forma glicosilada alfa

hemostático, enfermedad de von Willebrand

3075548-87-4

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada : H-gamma4 (H)
QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKVSGSTFS NYAIHWVRQA PGKGLEWMGG 50
IVPLSGTAIY AQKFQGRVTM TEDTSTDYAY MELSSLKSED TAVYYCARDQ 100
GESSGWYAIY EGMDEVGQGT TVTVSSASTK GPSVFPLAPC SRSTSESTAA 150
LGCLVKDYFP EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP AVLQSSGLYS LSSVTVFPSS 200
SLGKTKYTCN VDHKPSNTKV DKRVESKYGP PCPPCPAPEA AGGPSVFLFP 250
PKPKDTLMIS RTPEVTCVVV DVSQEDPEVQ FNVYVDGVEV HNAKTKPREE 300
QFNSTYRVVS VLTVLHQDWL NGKEYKCKVS NKGLPSSIEK TISKAKGQPR 350
EPQVYTLPPS QEEMTKNQVS LSCAVKGFYP SDIAVEWESN GQPENNYKTT 400
PPVLDSGGSF FLVSRLTVDK SRWQEGNVFS CSVMHEALHN HYTKSLSL 450
LG 452

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera : L-kappa (L')
DIQMTQSPSS VSASVGDRVT ITCRASQGIG TYLAWYQQKP GKAPKLLIYG 50
ASTRATGVPS RFSGSGSGTD FTLTISSLQP EDFANYCQQ SYSKVTFGGG 100
TKVEIKRTVA APSVFIFPPS DEQLKSGTAS VVCLLNNFYP REAKVQWKVD 150
NALQSGNSQE SVTEQDSKDS TYSLSTLTLL SKADYEKKHV YACEVTHQGL 200
SSPVTKSFNR GEC 213

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada : G4hCH2CH3 (H'')
ESKYGPPCPP CPAPEAAGGP SVFLFPPKPK DTLMISRTPE VTCVVVDVSQ 50
EDPEVQFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQFNS TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE 100
YKCKVSNKGL PSSIEKTISK AKGQPREPQV YTLPPSQEEM TKNQVSLWCL 150
VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL DSDGSFFLYS RLTVDKSRWQ 200
EGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSLG 228

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 153-209 267-327 373-431
no VH no CH1 43"-103" 149"-207"
Intra-L (C23-C104) 23'-88" 133'-193'
Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 140-213'
Inter-HH (h 8, h 11) 232-8" 235-11"

N-terminal glutaminy cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal
Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl) / pyroglutamide (pE, 5-oxoprolyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolylo)
H VH Q1: 1

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 303, 79"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenaríos complejos fucosilados

brelgometonum
brelgometon

(6*S*,9*aRS*)-6-methyl-8-[(2*S*)-2-methylbutyl]-1-[[4-(trifluoromethyl)phenyl]methyl]tetrahydro-2*H*-pyrazino[1,2-*a*]pyrimidine-4,7(3*H*,6*H*)-dione
hepatocyte growth factor receptor agonist

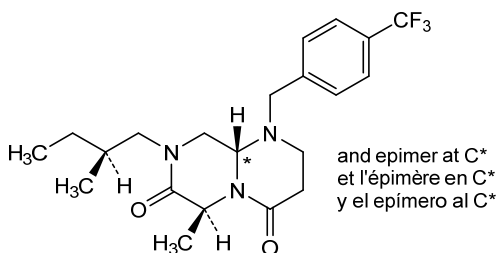
brelgométon

(6*S*,9*aRS*)-6-méthyl-8-[(2*S*)-2-méthylbutyl]-1-[[4-(trifluorométhyl)phényl]méthyl]tétrahydro-2*H*-pyrazino[1,2-*a*]pyrimidine-4,7(3*H*,6*H*)-dione
agoniste du récepteur du facteur de croissance des hépatocytes

brelgometón

(6*S*,9*aRS*)-6-metil-8-[(2*S*)-2-metilbutil]-1-[[4-(trifluorometil)fenil]metil]tetrahidro-2*H*-pirazino[1,2-*a*]pirimidina-4,7(3*H*,6*H*)-diona
agonista del receptor del factor de crecimiento de hepatocitos

C₂₁H₂₈F₃N₃O₂ 3060541-19-4

**buratriginum**

buratrigine

(2*R*)-*N*-{(*S*)-(3-chloro-2,4-difluorophenyl)[*trans*-3-(trifluoromethyl)cyclobutyl]methyl}-2-methyl-3-oxo(5,5,6,6-²H₄)piperazine-1-carboxamide
sodium channel blocker, analgesic

buratrigine

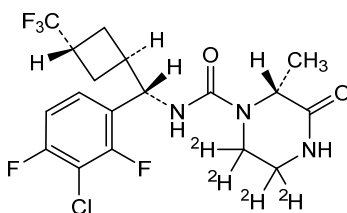
(2*R*)-*N*-{(*S*)-(3-chloro-2,4-difluorophényl)[*trans*-3-(trifluorométhyl)cyclobutyl]méthyl}-2-méthyl-3-oxo(5,5,6,6-²H₄)pipérazine-1-carboxamide
bloqueur des canaux sodiques, analgésique

buratrigina

(2*R*)-*N*-{(*S*)-(3-cloro-2,4-difluorofenil)[*trans*-3-(trifluorometil)ciclobutil]metil}-2-metil-3-oxo(5,5,6,6-²H₄)piperazina-1-carboxamida
bloqueador del canal de sodio, analgésico

C₁₈H₁₅²H₄ClF₅N₃O₂

2864428-32-8

**busegamparum**

busegampar

(2*S*)-3-(4-acetamidophenyl)-2-methoxypropanoic acid
*peroxisome proliferator activated receptor (PPAR)
gamma agonist (topical)*

buségampar

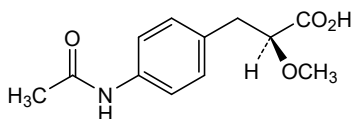
acide (2*S*)-3-(4-acétamidophényl)-2-méthoxypropanoïque
*agoniste des récepteurs gamma activés par les
proliférateurs de peroxysomes (topique)*

busegampar

ácido (2*S*)-3-(4-acetamidofenil)-2-metoxipropanoico
*agonista de los receptores activados por los
proliferadores peroxisómicos tipo gamma (topico)*

C₁₂H₁₅NO₄

1190427-41-8

**camprenstatum**

camprenstat

N-{[(2*S*)-2-benzyl-4-[(5-méthyl-1*H*-imidazol-4-yl)méthyl]-3-oxopipérazine-1-carbonyl]-*L*-leucine} *geranylgeranyl transferase type 1 (GGTase-1) inhibitor, antineoplastic*

camprenstat

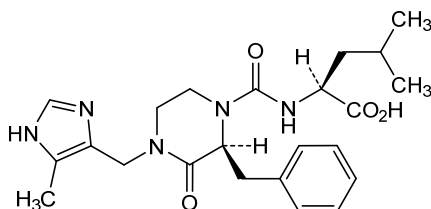
N-{[(2*S*)-2-benzyl-4-[(5-méthyl-1*H*-imidazol-4-yl)méthyl]-3-oxopipérazine-1-carbonyl]-*L*-leucine} *inhibiteur de la géranylgéranyltransférase de type 1 (GGTase-1), antinéoplasique*

camprenstat

N-{[(2*S*)-2-bencil-4-[(5-metil-1*H*-imidazol-4-il)metil]-3-oxopiperazina-1-carbonil]-*L*-leucina} *inhibidor de la geranilgeranil transferasa tipo 1 (GGTasa-1), antineoplásico*

C₂₃H₃₁N₅O₄

501010-06-6

**caroglipronum**

caroglipron

(2²*R*,7²*S*)-1⁴-chloro-1²-fluoro-2²*H*-5(2,1)-[1,3]benzimidazola-3(4,1)-piperidina-2(2,8)-[1]benzopyrana-7(2)-oxetana-1(1)-benzenaheptaphane-5⁶-carboxylic acid *glucagon-like peptide 1 (GLP-1) receptor agonist*

caroglipron

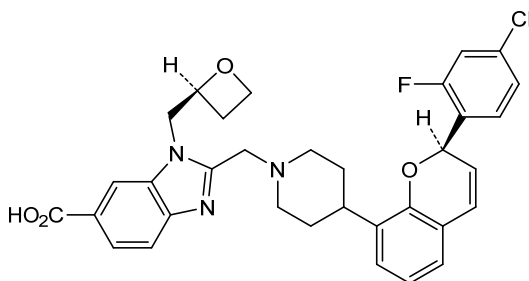
acide (2²*R*,7²*S*)-1⁴-chloro-1²-fluoro-2²*H*-5(2,1)-[1,3]benzimidazola-3(4,1)-pipéridina-2(2,8)-[1]benzopyrana-7(2)-oxétana-1(1)-benzénaheptaphane-5⁶-carboxylique *agoniste du récepteur du peptide 1 similaire au glucagon (GLP-1)*

carogliprón

ácido (2²*R*,7²*S*)-1⁴-cloro-1²-fluoro-2²*H*-5(2,1)-[1,3]bencimidazola-3(4,1)-piperidina-2(2,8)-[1]bencopirana-7(2)-oxetana-1(1)-bencenaheptafano-5⁶-carboxílico *agonista del receptor del péptido 1 similar al glucagón (GLP-1)*

C₃₃H₃₁ClFN₃O₄

2902596-52-3



cesalutamigum #
cesalutamig

immunoglobulin (H-gamma1-scFv_{hk} L-kappa) dimer, anti-[*Homo sapiens* VEGFA (vascular endothelial growth factor A, VEGF-A, VEGF)] and anti-[*Homo sapiens* PDCD1 (programmed cell death 1, PD-1, PD1, CD279)], monoclonal antibody, bispecific, tetravalent; heavy chain H-gamma1 anti-VEGFA -15mer -scFv_{hk} anti-PDCD1 (H) (1-711) [H-gamma1 anti-VEGFA (1-450) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV9-3-1*01 (87.6%) - (IGHD) -IGHJ1*01 (94.1%)/*Homo sapiens* IGHV7-4-1*02 (73.2%) - (IGHD) -IGHJ3*01 (85.7%) Q120>A (112), M123>T (115), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*01v, G1m17,1>G1m3,1 CH1 R120, CH3 D12, L14, 6-G1v14-1 CH2 A1.3, A1.2, A1 (CH1 R120 (217) (121-218), hinge 1-15 (219-233), CH2 L1.3>A (237), L1.2>A (238), G1>A (240) (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)] -15-mer tris (tetraglycyl-seryl) linker (451-465) -scFv_{hk} anti-PDCD1, 11-scFv-v1 VH C49, V-KAPPA C120 (466-711) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (91.7%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) G49>C (509), L123>S (578), CDR-IMGT [8.8.11] (491-498.516-523.562-572)) (466-583) -20-mer tetrakis(tetraglycyl-seryl) linker (584-603) -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*01 (87.4 %) -IGKJ2*02 (90.9%) Q120>C (703), CDR-IMGT [6.3.9] (630-635.653-655.692-700)) (604-711)]; (223-219')-disulfide with light chain L-kappa anti-VEGFA (L') (1'-219') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV8-21*01 (92.0%) -IGKJ2*01 (91.7%) K123>N (108')/*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (86.9%) -IGKJ2*01 (83.3%) Q120>G (105'), K123>N (108'), CDR-IMGT [12.3.8] (27'-38'.56'-58'.95'-102'') (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219'')]; dimer (229-229":232-232")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1SV, lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, glycoform alfa antineoplastic

césalutamig

immunoglobuline (H-gamma1-scFv_{hk} L-kappa) dimère, anti-[*Homo sapiens* VEGFA (facteur de croissance A de l'endothélium vasculaire, VEGF-A, VEGF)] et anti-[*Homo sapiens* PDCD1 (protéine 1 de mort cellulaire programmée, PD-1, PD1, CD279)], anticorps monoclonal, bispécifique, tétravalent; chaîne lourde H-gamma1 anti-VEGFA -15mer -scFv_{hk} anti-PDCD1 (H) (1-711) [H-gamma1 anti-VEGFA (1-450) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV9-3-1*01 (87.6%) - (IGHD) -IGHJ1*01 (94.1%)/*Homo sapiens* IGHV7-4-1*02 (73.2%) - (IGHD) -IGHJ3*01 (85.7%) Q120>A (112), M123>T (115), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo*

*sapiens*IGHG1*01v, G1m17,1>G1m3,1 CH1 R120, CH3 D12, L14, 6-G1v14-1 CH2 A1.3, A1.2, A1 (CH1 R120 (217) (121-218), charnière 1-15 (219-233), CH2 L1.3>A (237), L1.2>A (238), G1>A (240) (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)] -15-mer tris (tétraglycyl-séryl) linker (451-465) -scFv_h anti-PDCD1, 11-scFv-v1 VH C49, V-KAPPA C120 (466-711) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*04 (91.7%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) G49>C (509), L123>S (578), CDR-IMGT [8.8.11] (491-498.516-523.562-572)) (466-583) -20-mer tetrakis(tétraglycyl-séryl) linker (584-603) -V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-9*01 (87.4 %) -IGKJ2*02 (90.9%) Q120>C (703), CDR-IMGT [6.3.9] (630-635.653-655.692-700)) (604-711)]; (223-219')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa anti-VEGFA (L') (1'-219') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus*IGKV8-21*01 (92.0%) -IGKJ2*01 (91.7%) K123>N (108'))/*Homo sapiens*IGKV4-1*01 (86.9%) -IGKJ2*01 (83.3%) Q120>G (105'), K123>N (108'), CDR-IMGT [12.3.8] (27'-38'.56'-58'.95'-102')) (1'-112') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')]; dimère (229-229":232-232")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1SV, ne présentant pas le gène de la glutamine synthétase (GS-KO), glycoforme alfa antinéoplasique

cesalatamig

immunoglobulina (H-gamma1-scFv_h_L-kappa) dímero, anti-[*Homo sapiens* VEGFA (factor de crecimiento A del endotelio vascular VEGF-A, VEGF)] y anti-[*Homo sapiens* PDCD1 (proteína 1 de muerte celular programada, PD-1, PD1, CD279)], anticuerpo monoclonal, biespecífico, tetravalente; cadena pesada H-gamma1 anti-VEGFA -15mer -scFv_h anti-PDCD1 (H) (1-711) [H-gamma1 anti-VEGFA (1-450) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus*IGHV9-3-1*01 (87.6%) - (IGHD) -IGHJ1*01 (94.1%)/*Homo sapiens*IGHV7-4-1*02 (73.2%) - (IGHD) -IGHJ3*01 (85.7%) Q120>A (112), M123>T (115), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens*IGHG1*01v, G1m17,1>G1m3,1 CH1 R120, CH3 D12, L14, 6-G1v14-1 CH2 A1.3, A1.2, A1 (CH1 R120 (217) (121-218), bisagra 1-15 (219-233), CH2 L1.3>A (237), L1.2>A (238), G1>A (240) (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)] -15-mer tris (tetraglicil-seril) enlace (451-465) -scFv_h anti-PDCD1, 11-scFv-v1 VH C49, V-KAPPA C120 (466-711) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*04 (91.7%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) G49>C (509), L123>S (578), CDR-IMGT [8.8.11] (491-498.516-523.562-572)) (466-583) -20-mer tetrakis(tetraglicil-seril) enlace (584-603) -V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-9*01 (87.4 %) -IGKJ2*02 (90.9%) Q120>C (703), CDR-IMGT [6.3.9] (630-635.653-655.692-700)) (604-711)]; (223-219')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa anti-VEGFA (L') (1'-219') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus*IGKV8-21*01 (92.0%) -IGKJ2*01 (91.7%) K123>N (108'))/*Homo sapiens*IGKV4-1*01 (86.9%) -IGKJ2*01 (83.3%) Q120>G (105'), K123>N (108'), CDR-IMGT [12.3.8] (27'-38'.56'-58'.95'-102')) (1'-112') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')]; dímero (229-229":232-232")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1SV, en ausencia del gen de la glutamina sintetasa (GS-KO), forma glicosilada alfa antineoplásico

3082356-04-2

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: H-gamma1 anti-VEGFA -15mer-scFvhk anti-PDCD1 (H, H")

DVQLVQSGVE	VKNPGASVKV	SCRASGYSFT	NSGINWVKQA	PGKGLKWMGW	50
INTYTGEPY	ADDFKGRFAF	SLETSASSAY	LQINNLIKED	TATYFCARFG	100
DGYWFFDVW	GAGTTVTVSS	ASTKGPSVFP	LAPSSKSTSG	GTAALGCLVK	150
DYFPEPVTVS	WNSGALTSGV	HTFPAVLQSS	GLYSLSSVVT	VPSSSLGTQT	200
YICNVNHKPS	NTKVDKRVEP	KSCDKTHTCP	PCPAPEAAGA	PSVFLFPPKP	250
KDTLMISRTF	EVTQVVVDVS	HEDPEVKFNW	YVDGVEVHNA	KTKPREEQYN	300
STYRVVSVLT	VLHQDWLNGK	EYKCKVSNKA	LPAPIEKTIS	KAKGQPREPQ	350
VYTLPPSRDE	LTKNQVSLTC	LVKGFYPSDI	AVEWESNGQP	ENNYKTTTPV	400
LDSDGSFFLY	SKLTVDKSRW	QQGNVFSCSV	MHEALHNHYT	QKSLSLSPGK	450
GGGGSGGGGS	GGGGSEVQLV	ESGGGLVQPG	GSRLRLSCAAS	GFTFSRYDMS	500
WVRQAPGKCL	EWVSTISGGG	RYTYYPDSVK	GRFTISRDN	KNTLYLQMSN	550
LRAEDTAVYY	CTSPYGNYGM	DYWGQGTSTV	VSSGGGGSGG	GGSGGGSGG	600
GGSDIQLTQS	PSFLSASVGD	RVITITCKASQ	DAGSAVAWYQ	QKPGKAPKLL	650
IYWASTRHTG	VPSRFSGSGS	GTEFTLTISS	LQPEDFATYY	CQQYSSYPWT	700
FGCGTKLEIK	R				711

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: L-kappa anti-VEGFA (L, L")

DIVMTQSPDS	LAVSLGERAT	INCKSSQSLL	NSRTRKNFLA	WYQQKPGQSP	50
KLLIYWASTR	ESGVPDRFTG	SGSGTDFTLT	ISSVQAEDLA	VYCKQSYNL	100
YTFGGGTNLE	IKRTVAAPSV	FIFPPSDEQL	KSGTASVCL	LNNFYPREAK	150
VQWKVDNALQ	SGNSQESVTE	QDSKDYSTSL	SSTLTLSKAD	YEKHKVYACE	200
VTHQGLSPFV	TKSFNRGEC				219

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22"-96" 147"-203" 264"-324" 370"-428" 487"-561" 626"-691"

Intra-H" (C23-C104) 22"-96" 147"-203" 264"-324" 370"-428" 487"-561" 626"-691"

Intra-H scFv C49 (VH)-C120 (VL)* 509"-703"

Intra-H" scFv C49 (VH)-C120 (VL)* 509"-703"

Intra-L' (C23-C104) 23'-94" 139"-199"

Intra-L" (C23-C104) 23"-94" 139"-199"

Inter-H-L', inter-H"-L" (h 5-CL 126) 223"-219' 223"-219"

Inter-H-H" (h 11, h 14) 229-229" 232-232"

*engineered additional disulfide bond C49 (VH)-C120 (VL) to stabilize the scFv (variant 11-scFv-v1).

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 300, 300"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados.

clasornoflastum

clasornoflast

5-(3-(((3*R*)-1-ethylpiperidin-3-yl)amino)-5-methyl-1,2,4-triazin-6-yl)-2,3-dihydro-1-benzofuran-4-ol
NLRP3 inflammasome inhibitor, non-steroidal anti-inflammatory

clasornoflast

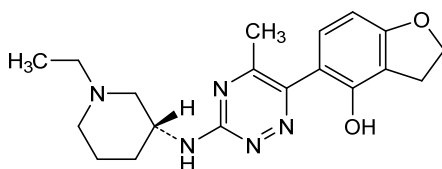
5-(3-(((3*R*)-1-éthylpipéridin-3-yl)amino)-5-méthyl-1,2,4-triazin-6-yl)-2,3-dihydro-1-benzofuran-4-ol
inhibiteur de l'inflammasome NLRP3, anti-inflammatoire non stéroïdien

clasornoflast

5-(3-(((3*R*)-1-etilpiperidin-3-il)amino)-5-metil-1,2,4-triazin-6-il)-2,3-dihidro-1-benzofuran-4-ol
inhibidor del inflammasoma NLRP3, antiinflamatorio no esteroide

C₁₉H₂₅N₅O₂

2878442-24-9

**cleruvirsenum**

cleruvirsén

2'-O-(2-methoxyethyl)-P-thioguanylyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)-5-methyl-P-thiocytidyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)-P-thioadenyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)-P-thioguanylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioguanylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioguanylyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)-P-thioadenyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioguanylyl-(3'→5')-2'-deoxy-5-methyl-P-thiocytidyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioguanylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)-P-thioadenyl-(3'→5')-2'-O,4'-C-methylene-P-thioguanylyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)-5-methyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O,4'-C-methylene-P-thioguanylyl-(3'→5')-5-methyl-2'-O,4'-C-methylenecytidine
hepatitis B surface antigen (HBsAg) inhibitor, antiviral

cléruvirsén

2'-O-(2-méthoxyéthyl)-P-thioguanylyl-(3'→5')-2'-O-(2-méthoxyéthyl)-5-méthyl-P-thiocytidyl-(3'→5')-2'-O-(2-méthoxyéthyl)-P-thioadényl-(3'→5')-2'-O-(2-méthoxyéthyl)-P-thioguanylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioadényl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioguanylyl-(3'→5')-P-thiothymidyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioguanylyl-(3'→5')-2'-O-(2-méthoxyéthyl)-P-thioadényl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioadényl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioguanylyl-(3'→5')-2'-désoxy-5-méthyl-P-thiocytidyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioguanylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioadényl-(3'→5')-2'-O-(2-méthoxyéthyl)-P-thioadényl-(3'→5')-2'-O,4'-C-méthylène-P-thioguanylyl-(3'→5')-2'-O-(2-méthoxyéthyl)-5-méthyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O,4'-C-méthylène-P-thioguanylyl-(3'→5')-5-méthyl-2'-O,4'-C-méthylèncytidine
inhibiteur de l'antigène de surface de l'hépatite B (HBsAg), antiviral

cleruvirsén

2'-O-(2-metoxietil)-P-tioguanilil-(3'→5')-2'-O-(2-metoxietil)-5-metil-P-tiocitidilil-(3'→5')-2'-O-(2-metoxietil)-P-tioadenilil-(3'→5')-2'-O-(2-metoxietil)-P-tioguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioadenilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioguanilil-(3'→5')-P-tiotimidilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioguanilil-(3'→5')-2'-O-(2-metoxietil)-P-tioadenilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioadenilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-5-metil-P-tiocitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioadenilil-(3'→5')-2'-O-(2-metoxietil)-P-tioadenilil-(3'→5')-2'-O,4'-C-metileno-P-tioguanilil-(3'→5')-2'-O-(2-metoxietil)-5-metil-P-tiouridilil-(3'→5')-2'-O,4'-C-metileno-P-tioguanilil-(3'→5')-5-metil-2'-O,4'-C-metilenocitidina
inhibidor del antígeno de superficie de la hepatitis B (HBsAg), antiviral

C₂₂₄H₂₉₁N₈₈O₁₁₂P₁₉S₁₉

3072046-94-4

5' C=C=A=G=A=G=T=G=A=A=G=C=G=A=A=G=U=G=C 3' (1-20)

N : nucleoside / nucléoside / nucleósido

N : 2'-deoxy-N / 2'-désoxy-N / 2'-desoxi-N

N : 2'-O-(2-methoxyethyl)-N / 2'-O-(2-méthoxyéthyl)-N / 2'-O-(2-metoxietil)-N**N** : 5-methyl-N / 5-méthyl-N / 5-metil-NN : 2'-O,4'-C-methylene-N / 2'-O,4'-C-méthylène-N / 2'-O,4'-C-metileno-N

=: -PS(OH)-

clulevibartum #

clulevibart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[human respiratory syncytial virus (RSV) fusion glycoprotein F], *Homo sapiens* monoclonal antibody; H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-456) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-49*04 (87.0%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (93.8%), CDR-IMGT [8.10.17] (26-33.51-60.99-115)) (1-126) -*Homo sapiens*IGHG1*01v, G1m17,1>G1m3,1 CH1 R120, CH3 D12, L14, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 R120 (223) (127-224), hinge 1-15 (225-239), CH2 M15.1>Y (261), S16>T (263), T18>E (265) (240-349), CH3 D12 (365), L14 (367) (350-454), CHS (455-456)) (127-456)], (229-214')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-17*03 (94.7%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimer (235-235'':238-238'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
respiratory syncytial virus (RSV) fusion glycoprotein (F) blocker, antiviral

clulévibart

immunoglobuline G1-kappa, anti-[glycoprotéine de fusion F du virus respiratoire syncytial (VRS) humain], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;
chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens* (1-456) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-49*04 (87.0%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (93.8%), CDR-IMGT [8.10.17] (26-33.51-60.99-115)) (1-126) -*Homo sapiens*IGHG1*01v, G1m17,1>G1m3,1 CH1 R120, CH3 D12, L14, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 R120 (223) (127-224), charnière 1-15 (225-239), CH2 M15.1>Y (261), S16>T (263), T18>E (265) (240-349), CH3 D12 (365), L14 (367) (350-454), CHS (455-456)) (127-456)], (229-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-17*03 (94.7%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimère (235-235'':238-238'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
bloqueur de la glycoprotéine F de fusion du virus respiratoire syncytial (VRS), antiviral

clulevibart

immunoglobulina G1-kappa, anti-[glicoproteína de fusión F del virus respiratorio sincitial (VRS) humano], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*;
cadena pesada H-gamma1 *Homo sapiens* (1-456) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-49*04 (87.0%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (93.8%), CDR-IMGT [8.10.17] (26-33.51-60.99-115)) (1-126) -*Homo sapiens*IGHG1*01v, G1m17,1>G1m3,1 CH1 R120, CH3 D12, L14, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 R120 (223) (127-224), bisagra 1-15 (225-239), CH2 M15.1>Y (261), S16>T (263), T18>E (265) (240-349), CH3 D12 (365), L14 (367) (350-454), CHS (455-456)) (127-456)], (229-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-17*03 (94.7%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dímero (235-235'':238-238'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa
bloqueador de la glicoproteína de fusión (F) del virus sincitial respiratorio (VSR), antiviral

3078314-06-1

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H^{''})

EVQLVESGGG LVQGRSLRL SCTASGFTFA DYSMTWVRQA PGKGLEWVGL 50
 IKRNAYGGTT EYAASVRGRF TISRDDRSI AYLQMHSLKS EDTAVYFCLR 100
 GYSQYDWEGL DAFEVWGQGT MVTVSSASTK GPSVFPLAP SKSTSGGTAA 150
 LGCLVKDYFP EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP AVLQSSGLYS LSSVVTVPSS 200
 SLGTQTYICN VNHKPSNTKV DKRVEPKSCD KTHTCPPCPA PELLGGPSVF 250
 LFPPKPKDTL YITREPEVTC VVVDVSHEDP EVKFNWYVDG VEVHNAKTKP 300
 REEQYNSTYR VVSVLTVLHQ DWLNGKEYK KVSNKALPAP IEKTISKAKG 350
 QPREPQVYTL PPSRDELTKN QVSLTCLVKG FYPSDIAVEW ESNQGPENNY 400
 KTTTPVLDSD GSFFLYSKLT VDKSRWQQGN VFSCSVMHEA LHNHYTQKSL 450
 SLSPGK 456

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L^{''})

DIQMTQSPSA MSASVGDRTV ITCRASQGSS TYLAWFQQKP GKVPKRLIYA 50
 VSSLQSGVPS RFGSGSGTE FTLTISLQP EDSATYYCLQ HNSFPLTFGQ 100
 GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSSLT LSKADYEEKH VYACEVTHQG 200
 LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22"-98 153"-209 270"-330 376"-434
 22"-98" 153"-209" 270"-330" 376"-434"

Intra-L (C23-C104) 23'-88' 134'-194'
 23'''-88''' 134'''-194'''

Inter-H-L (h 5-CL 126) 229"-214' 229'"-214'''

Inter-H-H (h 11, h 14) 235"-235" 238"-238"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 306, 306"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenaricos complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: 456, 456"

corubrutinibum

corubrutinib

1-*tert*-butyl-*N*-[(5*R*)-8-{2-[(1-methyl-1*H*-pyrazol-4-yl)amino]pyrimidin-4-yl}-2-(oxetan-3-yl)-2,3,4,5-tetrahydro-1*H*-2-benzazepin-5-yl]-1*H*-1,2,3-triazole-4-carboxamide

Bruton's tyrosine kinase inhibitor

corubrutinib

1-*tert*-butyl-*N*-[(5*R*)-8-{2-[(1-méthyl-1*H*-pyrazol-4-yl)amino]pyrimidin-4-yl}-2-(oxétan-3-yl)-2,3,4,5-tétrahydro-1*H*-2-benzazépin-5-yl]-1*H*-1,2,3-triazole-4-carboxamide

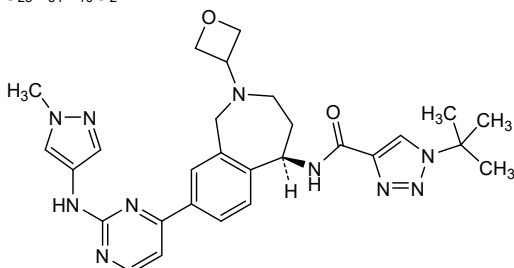
inhibiteur de la tyrosine kinase de Bruton

corubrutinib

1-*terc*-butil-*N*-[(5*R*)-8-{2-[(1-metil-1*H*-pirazol-4-il)amino]pirimidin-4-il}-2-(oxetan-3-il)-2,3,4,5-tetrahidro-1*H*-2-benzazepin-5-il]-1*H*-1,2,3-triazol-4-carboxamida

*inhibidor de la tirosina kinasa de Bruton*C₂₈H₃₄N₁₀O₂

2247614-80-6



crozunafuspum alfa #
crozunafusp alfa

human alpha-*N*-acetylglucosaminidase (NAGLU, Uniprot: P54802; EC:3.2.1.50) (1-721 in the current sequence) variant (S⁴⁵>ins, Q²¹⁰>R) fused via a peptide linker ⁷²²RSGGGGSGGGGSGGGGS⁷³⁸ to a humanized fragment antigen-binding (Fab) region anti-[human transferrin receptor (TFRC, TfR1, TFR1, CD71)] [H-gamma1 heavy chain (739-964) [VH (*Homo sapiens* IGHV5-51*01 -(IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.9] (769-773.788-804.837-845)) (739-856) - *Homo sapiens* IGHG1*01 (CH1 (857-954), hinge (CPPCP⁹⁶⁵⁻⁹⁶⁹>del) (955-964)) (857-964)], (959-219')-disulfide with kappa light chain (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2D-29*02 -IGKJ1*01, CDR-Kabat [16.7.9] (24'-39'.55'-61'.94'-102')) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (113'-219')]]], non-covalent trimer, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1 GS-KO, glycoform alfa
enzyme replacement therapy (mucopolysaccharidosis type IIIB)

crozunafusp alfa

alpha-*N*-acétylglucosaminidase humaine (NAGLU, Uniprot: P54802; EC: 3.2.1.50) (1-721 dans la séquence actuelle), variante (S⁴⁵>ins, Q²¹⁰>R), fusionné par un coupleur polypeptidique ⁷²²RSGGGGSGGGGSGGGGS⁷³⁸ à une région Fab (fragment de liaison à l'antigène) humanisé anti-[récepteur de la transferrine humaine (TFRC, TfR1, TFR1, CD71)] [chaîne lourde H-gamma1 (739-964) [VH (*Homo sapiens* IGHV5-51*01 -(IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.9] (769-773.788-804.837-845)) (739-856) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (CH1 (857-954), charnière (CPPCP⁹⁶⁵⁻⁹⁶⁹>del) (955-964)) (857-964)], (959-219')-disulfure avec chaîne légère kappa (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2D-29*02 -IGKJ1*01, CDR-Kabat [16.7.9] (24'-39'.55'-61'.94'-102')) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (113'-219')]]], trimère non covalent, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1 GS-KO, glycoforme alfa
thérapie enzymatique substitutive (mucopolysaccharidose de type IIIB)

crozunafusp alfa

alfa-*N*-acetilglucosaminidasa humana (NAGLU, Uniprot: P54802; EC: 3.2.1.50) (1-721 en la secuencia actual), variante (S⁴⁵>ins, Q²¹⁰>R), fusionada mediante un acoplador polipeptídico ⁷²²RSGGGGSGGGGSGGGGS⁷³⁸ a una región Fab (fragmento de unión al antígeno) humanizada anti-[receptor de la transferrina humano (TFRC, TfR1, TFR1, CD71)] [cadena pesada H-gamma1 (739-964) [VH (*Homo sapiens* IGHV5-51*01 -(IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.9] (769-773.788-804.837-845)) (739-856) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (CH1 (857-954), bisagra (CPPCP⁹⁶⁵⁻⁹⁶⁹>del) (955-964)) (857-964)], (959-219')-disulfuro con la cadena ligera kappa (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2D-29*02 -IGKJ1*01, CDR-Kabat [16.7.9] (24'-39'.55'-61'.94'-102')) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (113'-219')]]], trimero no covalente, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1 GS-KO, glicoforma alfa
terapia de reemplazo enzimático (mucopolisacaridosis tipo IIIB)

2914840-80-3

Sequence / Séquence / Secuencia	
Heavy chains / Chaînes lourdes / Cadenas pesadas (H, H ¹ , H ¹⁰⁰ ; NAGLU)	
DEAREAAVR ALVARLLGPG PAADFSVSVE RALAAKPGLD TYSLSGGGGA	50
ARVRVRGDTG VAAAAGLHRY LRDFCGCHVA WSGSQLRLPR PLPAVPEGLT	100
EATPNRYRY QNVCTQSYSF VVWDWARWER EIDWMALNGI NLALAWSGQE	150
AIWQVRVYAL GLTQAEINEF FTGPAFLAWG RMGNLHTWDG PLPPSWHIKQ	200
LYLQHRVLDL MRSFGMTPVL PAFAGHVPEA VTRVFPQNVN TKMGSWGHEFN	250
CSYSCSFLLA PEDPIFFIIG SLFLRELIEK FGTDHIYGAD TFNEMQPPSS	300
EPSYLAAAT AVYEAMTAVD TEAVWLLQGW LFQHQPPQFWG PAQIRAVLGA	350
VPRGRLLVLD LFAESQFVYT RTASFQSQPF IWCMLHNFEG NHGLFGALEA	400
VNGGPEAARL FPNSTMVGTG MAPEGISQNE VVYSLMAELG WRKDPVPDLA	450
AWVTSFAARR YGVSHPDAGA AWRLLLRSVY NCSGEACRGH NRSPLVRRPS	500
LQMNTSIWYN RSDVFEEAWRL LLTSAPSLAT SPAFRYDILL LTRQAVQELV	550
SLYYEEARSA YLSKELASLL RAGGVLAYEL LPALDEVLAS DSRFLLGSWL	600
EQARAAAYSE AEADEFYEQNS RYQLTLWGPE GNILDYANKQ LAGLVANYYT	650
PRWRFLFEAL VDSVAQGIFP QHQFDFKNVF QLEQAFVLSK QRYPSQPRGD	700
TVDLAKKIFL KYIPRWVAGS WRSGGGGSGG GSGGGGGSEV QLVQSGAEVK	750
KPGESLKISC KSGSYFSMNY WLGWVRQMPG KGLEWMGSIY PGGDYPTYSE	800
KFKVQVTISA DKSISTAYLQ LSSSLKASDTA MYCARSNGY DEVAYWGQGT	850
LVTGVSSATK GPSVFPLAPS SKSTSGGTAA LGCLVKDYFP EPVTVSWNSG	900
ALTSGVHTFP AVLQSSGLYS LSSVVTVPSS SLGTQTYICN VNHNKPSNTKV	950
DKKVEPKSCD KTHH	964

Light chains / Chaînes légères / Cadenas ligeras (L, L ¹ , L ¹⁰⁰)	
DIVMTQSPSS LSVTPGQRAT ISCRSSQSLV HSNNGTYLHW YLQKPGQSPQ	50
LLIYKVSNRG SGVPDRFSGS GSGTDFTLKI SRVEAEDGVG YYCSQSTHYV	100
WTFGGQTKVE IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVCL LNNFYPREAK	150
VQWVKDNLQ SGNSQESVTE QDSKDYSL SSTLTLSKAD YEKHKVYACE	200
VTHQGLSSPV TKSFNRGEC	219

Mutations / Mutations / Mutaciones
H, H¹, H¹⁰⁰ (NAGLU): S⁴⁵>ins, Q²⁰⁹>R²¹⁰

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión
H, H¹, H¹⁰⁰: ⁷²²RSGGGGSGGGSGGGGS⁷³⁸

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-chain H: 251-255, 482-487; 760-834, 883-939
H¹: 251¹-255¹, 482¹-487¹; 760¹-834¹, 883¹-939¹
H¹⁰⁰: 251¹⁰⁰-255¹⁰⁰, 482¹⁰⁰-487¹⁰⁰; 760¹⁰⁰-834¹⁰⁰, 883¹⁰⁰-939¹⁰⁰
L: 23¹-93¹, 139¹-199¹
L¹: 23¹⁰⁰-93¹⁰⁰, 139¹⁰⁰-199¹⁰⁰
L¹⁰⁰: 23¹⁰⁰-93¹⁰⁰, 139¹⁰⁰-199¹⁰⁰
Inter-chain H-L: 959-219¹; H¹-L¹⁰⁰: 959¹-219¹⁰⁰; H¹⁰⁰-L¹⁰⁰: 959¹⁰⁰-219¹⁰⁰

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H, H¹, H¹⁰⁰: N239, N250, N413, N481, N504, N510

dalvaprubartum #
dalvaprubart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* MS4A1 (membrane-spanning 4-domains subfamily A member 1, CD20)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-9*01 (97.0%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1CH1_10-17_3giz G10, S12, K13, S14, T15, S16 (CH1 K120 (219), S10>G (136), K12>S (138), S13>K (139), T14>S (140), S15>T (141), G16>S (142) (123-220), hinge 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 D12 (361), L14 (363) (346-450), CHS (451-452)) (123-452)], (225-214')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*01 (100%) -IGKJ5*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9]

dalvaprubart

(27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214'); dimer (231-231":234-234")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, lacking the enzyme alpha-(1,6)-fucosyltransferase (FUT8-KO), glycoform alfa
immunosuppressant

dalvaprubart

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* MS4A1 (membre 1 de la sous-famille A à 4 domaines transmembranaires, CD20)], anticorps monoclonal
Homo sapiens;
chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens* (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-9*01 (97.0%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1CH1_10-17_3giz G10, S12, K13, S14, T15, S16 (CH1 K120 (219), S10>G (136), K12>S (138), S13>K (139), T14>S (140), S15>T (141), G16>S (142) (123-220), charnière 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 D12 (361), L14 (363) (346-450), CHS (451-452)) (123-452)], (225-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*01 (100%) -IGKJ5*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214'); dimère (231-231":234-234")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, ne présentant pas l'enzyme alpha-(1,6)-fucosyltransférase (FUT8-KO), glycoforme alfa
immunosupprimeur

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* MS4A1 (miembro 1 de la subfamilia A con 4 dominios transmembranarios, CD20)], anticuerpo monoclonal
Homo sapiens;
cadena pesada H-gamma1 *Homo sapiens* (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-9*01 (97.0%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1CH1_10-17_3giz G10, S12, K13, S14, T15, S16 (CH1 K120 (219), S10>G (136), K12>S (138), S13>K (139), T14>S (140), S15>T (141), G16>S (142) (123-220), bisagra 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 D12 (361), L14 (363) (346-450), CHS (451-452)) (123-452)], (225-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*01 (100%) -IGKJ5*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214'); dímero (231-231":234-234")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, en ausencia de la enzima alfa-1,6-fucosiltransferasa (FUT8-KO), forma glicosilada alfa
inmunosupresor

2766342-51-0

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H")
EVQLVESGGG LVQPGRSLRL SCAASGFTFN DYAMHWVRQA PGKGLEWVST 50
ISWNSGSIGY ADSVKGRFTI SRDPAKSLY LQMNSLRAED TALYYCAKDI 100
QYGNYYYGMD VWGQGTTVTV SSASTKGPSV FPLAPGSSKS TSGTAALGCL 150
VKDYFFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFFPAVLQ SSGLYSLSSV VTPSSSLGT 200
QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSCDKTHT CPPCPAPELL GGPSVFLFPP 250
KPRDTLMISR TPEVTCVVVD VSHEDPEVKF NWYVDGVEVH NAKTKPREQ 300
YNSTYRVVSV LTVLHQDWLN GKEYKCKVSN KALPAPIEKI ISKAKQPRE 350
PQVYTLPPSR DELTKNQVSL TCVKGFFYP DIAVEWESNG QPENNYKTT 400
PVLDSGSGFF LYSKLTVDKS RWQQGNVFSC SVMHEALHNN YTQKSLSLSP 450
GK 452

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L")
EIVLTQSPAT LSLSPGERAT LSCRASQSVS SYLAWYQQKP GQAPRLLIYD 50
ASNRATGIPA RFGSGSGSTD FTLTISSLEP EDFAVYYCQ RSNWPITFGQ 100
GTRLEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNFFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSK STYSLSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 149-205 266-326 372-430
22"-96" 149"-205" 266"-326" 372"-430"
Intra-L (C23-C104) 23'-88' 134'-194'
23'''-88''' 134'''-194'''
Inter-H-L (h 5-CL 126) 225-214' 225"-214"
Inter-H-H (h 11, h 14) 231-231" 234-234"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 302, 302"
Afucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires
complexes afucosylés / glicanos de tipo CHO biantenaríos complejos afucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 452, 452"

daxokafuspum alfa #
daxokafusp alfa

human interleukin-15 receptor subunit alpha (IL-15RA, IL-15Rα, CD215; Uniprot Q13261) sushi domain containing fragment (1-77), fused via peptide linker ⁷⁸SGGSGGGGSGGGSGGGGSLQ⁹⁷ to human interleukin-15 (IL-15; Uniprot P40933) (98-211 in the current sequence) variant (N⁶⁵>S¹⁶²), fused via a (G₄S)₆ peptide linker (212-241) to the N-terminus of one heavy chain of human immunoglobulin IgG1-kappa anti-[human programmed cell death protein 1 (PD-1, PDCD1, programmed cell death 1 receptor, CD279)] (242-688) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 -(IGHD) -IGHJ6*01, CDR-Kabat [5.17.8] (272-276.291-307.340-347)) (242-358) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (CH1 (359-456), hinge (457-471), CH2 L⁴⁷⁵>A, L⁴⁷⁶>A (472-581), CH3 Y⁵⁹⁰>C, T⁶⁰⁷>S, L⁶⁰⁹>A, Y⁶⁴⁸>V (582-686), CHS (687-688)) (359-688)], (461-214')-disulfide with V-kappa light chain (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1D-12*01 -IGKJ2*02, CDR-Kabat [11.7.9] (24'-34'.50'-56'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (108'-214')], (467-226": 470-229")-bisdisulfide with H-gamma1 heavy chain (1"-447") [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 - (IGHD) -IGHJ6*01, CDR-Kabat [5.17.8] (31"-35".50"-66".99"-106")) (1"-117") -*Homo sapiens* IGHG1*01 (CH1 (118"-215"), hinge (216"-230"), CH2 L²³⁴>A, L²³⁵>A (231"-340"), CH3 S³⁵⁴>C, T³⁶⁶>W (341"-445"), CHS (446"-447")) (118"-447")], (220"-214")-disulfide with V-kappa light chain (1'''-214''') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1D-12*01 -IGKJ2*02, CDR-Kabat [11.7.9] (24'''-34'''-50'''-56'''-89'''-97''')) (1'''-107''') -*Homo sapiens* IGKC*01 (108'''-214''')], produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa antineoplastic

daxokafusp alfa

fragment contenant le domaine sushi de la sous-unité alpha du récepteur de l'interleukine-15 humaine (IL-15RA, IL-15R α , CD215; Uniprot Q13261) (1-77), fusionné par un coupleur polypeptidique ⁷⁸SGGSGGGSGGGSGGGSLQ⁹⁷ à l'interleukine-15 humaine (IL-15; Uniprot P40933), variante (N⁶⁵>S¹⁶²) (98-211 dans la séquence actuelle), fusionnée par un coupleur polypeptidique (G₄S)₆ (212-241) à l'extrémité N-terminale d'une chaîne lourde de l'immunoglobuline IgG1-kappa humaine anti-[protéine 1 de mort cellulaire programmée humaine (PD-1, PDCD1, récepteur de mort cellulaire programmée 1, CD279)] (242-688) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 -(IGHD) -IGHJ6*01, CDR-Kabat [5.17.8] (272-276.291-307.340-347)) (242-358) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (CH1 (359-456), charnière (457-471), CH2 L⁴⁷⁵>A, L⁴⁷⁶>A (472-581), CH3 Y⁵⁹⁰>C, T⁶⁰⁷>S, L⁶⁰⁹>A, Y⁶⁴⁸>V (582-686), CHS (687-688)) (359-688)], (461-214')-disulfure avec chaîne légère V-kappa (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1D-12*01 -IGKJ2*02, CDR-Kabat [11.7.9] (24'-34'.50'-56'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (108'-214')], (467-226": 470-229")-bisdisulfure avec chaîne lourde H-gamma1 (1"-447") [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 -(IGHD) -IGHJ6*01, CDR-Kabat [5.17.8] (31"-35".50"-66".99"-106")) (1"-117") -*Homo sapiens* IGHG1*01 (CH1 (118"-215"), charnière (216"-230"), CH2 L²³⁴>A, L²³⁵>A (231"-340"), CH3 S³⁵⁴>C, T³⁶⁶>W (341"-445"), CHS (446"-447")) (118"-447"))], (220"-214")-disulfure avec chaîne légère V-kappa (1""-214'') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1D-12*01 -IGKJ2*02, CDR-Kabat [11.7.9] (24""-34"".50""-56"".89""-97'')) (1""-107'') -*Homo sapiens* IGKC*01 (108""-214'')], produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
antineoplasique

daxokafusp alfa

fragmento que contiene el dominio sushi de la subunidad alfa del receptor de la interleukina-15 humana (IL-15RA, IL-15R α , CD215; Uniprot Q13261) (1-77), fusionado mediante un acoplador polipeptídico ⁷⁸SGGSGGGSGGGSGGGSLQ⁹⁷ a la variante (N⁶⁵>S¹⁶²) (98-211 en la secuencia actual) de la interleukina-15 humana (IL-15; Uniprot P40933), fusionado mediante un acoplador polipeptídico (G₄S)₆ (212-241) en el extremo N-terminal a una cadena pesada de la inmunoglobulina IgG1-kappa humana anti-[proteína 1 de muerte celular programada de humana (PD-1, PDCD1, receptor de muerte celular programada 1, CD279)] (242-688) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 -(IGHD) -IGHJ6*01, CDR-Kabat [5.17.8] (272-276.291-307.340-347)) (242-358) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (CH1 (359-456), bisagra (457-471), CH2 L⁴⁷⁵>A, L⁴⁷⁶>A (472-581), CH3 Y⁵⁹⁰>C, T⁶⁰⁷>S, L⁶⁰⁹>A, Y⁶⁴⁸>V (582-686), CHS (687-688)) (359-688)], (461-214')-disulfuro con cadena ligera V-kappa (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1D-12*01 -IGKJ2*02, CDR-Kabat [11.7.9] (24'-34'.50'-56'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (108'-214')], (467-226": 470-229")-bisdisulfuro con cadena pesada H-gamma1 (1"-447") [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 -(IGHD) -IGHJ6*01, CDR-Kabat [5.17.8] (31"-35".50"-66".99"-106")) (1"-117") -*Homo sapiens* IGHG1*01 (CH1 (118"-215"), bisagra (216"-230"), CH2 L²³⁴>A, L²³⁵>A (231"-340"), CH3 S³⁵⁴>C, T³⁶⁶>W (341"-445"), CHS (446"-447")) (118"-447"))], (220"-214")-disulfuro con cadena ligera V-kappa (1""-214'') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1D-12*01 -IGKJ2*02, CDR-Kabat [11.7.9] (24""-34"".50""-56"".89""-97'')) (1""-107'') -*Homo sapiens* IGKC*01 (108""-214'')], producido en las células ováricas de hamster chino (CHO), línea celular CHO-K1, glicofoma alfa
antineoplásico

3083144-96-8

Sequence / Séquence / Secuencia		
Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H)		
ITC PP MS VE	HADI WV KS YS	LYSR ERY IC N
SG FKR KAG TS	SL TEC VL NKA	50
T NA HW TT PS	L KC IRD PAL V	HQR PAP SGG
SGGGSGGGG	GGGGSL Q W V	100
N VI SD LK K IE	D L I Q SM H IDA	TL Y TES DV HP
S CK VT AM K CF	L L EL Q VI S LE	150
S GD AS I HT TV	E SL I L IL AN NS	L SS NG N V TES
G CK EC EE LE E	K N KE F L Q SF	200
V H IV Q MF INT	S GG GS GG GG	SGGGSGGGG
SGGGSGGGG	SE V QL L ES GG	250
GL V Q PG GS L R	L SC AAS G FT F	SS Y W MS W VR Q
AP G K GL EW S	A IS GS G ST Y	300
Y AD SV K GR FT	I SR DN SK N TL	Y L Q M NS L RA E
DT AV Y C ASS	PL Q W D V W G Q	350
G T TV T V SS AS	T K GPS V F PL A	P SS K ST SG T
A AL GL CL V K D Y	F PE P V T V SW N	400
S G ALT SG V HT	F PA VL Q SS GL	Y SL SS V V T VP
SS S L GT Q T Y I	C N V N H K PS N T	450
K V D KK VE PK S	CD K TH T CP PC	PA PE AA G GP S
V FL F PP K PK D	T LM IS R TP EV	500
T CV V D VS HE	D PE V K FN W Y V	D G VE V H NA K T
K P RE E Q YN ST	Y RV V S VL T VL	550
H Q D W LN G KEY	K CK V SN K AL P	A PI E K T IS KA
K G Q P RE P Q VC	T L PP S R DE LT	600
K N Q V SL SC AV	K GF Y P S D IA V	E W ES NG Q PE N
NY K TT P P V LD	SD G S FF L V SK	650
LT V D K SR W Q Q	G N V F SC S VM H	E AL HN HY T Q K
LS SL SP G K		688
Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H")		
EV Q LL ES GGG	LV Q PG G SL R L	SCAAS G FT F S
SY W MS W VR Q A	PG K GL EW V S A	50
I SG SG G ST Y	AD SV K GR FT I	S R D NS K N T L Y
L Q M NS L RA ED	T AV Y C ASS P	100
L Q W D V W Q G	T T V T V SS AST	K G PS V F PL AP
S SK ST SG GT A	AL G CL V K D Y F	150
P EP V T V SW NS	G ALT SG V HT F	P AV L Q SS G L
SL SS V V T VP S	SS L GT Q T Y IC	200
N V N H K PS N T K	V D K VE PK SC	DK TH T CP PC P
A PE AA G GP SV	FL FP PK PD T	250
L M IS R T PE VT	C V V D VS H ED	P EV K FN W Y VD
G VE V H NA K T K	P RE E Q YN ST Y	300
R V V S VL T VL H	Q D W LN G KEY K	C K V SN K AL PA
P IE K T IS K AK	G Q P RE P Q V T	350
L PP C R DEL T K	N Q V SL W CL V K	G F Y P S D IA VE
W ES NG Q P ENN	Y K TT P P V LD S	400
D G S FF L Y SK L	T V D K SR W Q Q	N V F SC S VM HE
AL HN HY T Q K S	LS SL SP G K	447
Light chains / Chaînes légères / Cadenas ligeras (L', L'")		
DI Q MT Q SP SS	LS AS V G DR VT	IT C RAS ES IS
SW L AW Y Q Q K P	G K AP K LL I Y D	50
A SS LES G VP S	R FS G S G S GT D	FT L T IS SL Q P
ED F AT Y Y C Q Q	G D S F P F T FG Q	100
G T K L E I K RT V	A AP S V F I F P P	S D E Q L K SG T A
SV V CL L NN F Y	P RE AK V Q W K V	150
D N AL Q SG NS Q	E SV TE Q D SK D	ST Y SL S ST L T
LS K AD Y E K HK	V Y ACE V TH Q G	200
L SS P V T K S FN	R G EC	214
Mutations / Mutations / Mutaciones		
(H) IL15: N ⁶⁵ >S ⁶² ; IgG1: L ⁴⁷⁵ >A, L ⁴⁷⁶ >A, Y ⁵⁹⁰ >C, T ⁶⁰⁷ >S, L ⁶⁰⁹ >A, Y ⁶⁴⁸ >Y		
(H") IgG1: L ²³⁴ >A, L ²³⁵ >A, S ³⁵⁴ >C, T ³⁶⁶ >W		
Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión		
⁷⁸ SGGGSGGGSGGGSGGGSLQ ⁹⁷ , ²¹² GGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGG ²⁴¹		
Post-translational modifications		
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro		
Intra-chain H: 3-45, 29-63, 132-182, 139-185, 263-337, 385-441, 502-562, 608-666		
H": 22"-96", 144"-200", 261"-321", 367"-425"		
L', L'": 23"-88", 134"-194", 23"-88", 134"-194"		
Inter-chain H-L': 461-214'		
H"-L'": 220"-214"		
H- H": 467-226" and 470-229" or 470-226" and 467-229", 590-354"		
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación		
N168, N176, N209, N538; N297"		
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal		
H CHS K2: K688, K447"		

daznelimgenum lisbacum #
daznelimgene lisbac

live attenuated *Listeria monocytogenes* bacterium based on strain *Lmdda* transformed with a plasmid encoding a fusion protein comprising a C-terminally truncated non-hemolytic fragment of listeriolysin-O

daznelimgène lisbac

(tLLO) toxin fused to three antigenic epitopes (two extracellular fragments and one intracellular fragment) of the human epidermal growth factor receptor 2 (HER2, proto-oncogene Neu, receptor tyrosine-protein kinase erbB-2, CD340) protein, under control of the bacterial *hly* promoter.

The attenuated *Listeria monocytogenes* strain *LmddA* has deletions in three genes (*dal*, *dat*, and *actA*) with the deletion of virulence gene *actA* being the principal determinant of attenuation. The plasmid vector also encodes a copy of the *Bacillus subtilis* *dal* gene under control of the *L. monocytogenes* *iap* gene promoter, which complements the genomic deletions for *dal* and *dat*

genetically modified bacteria, immunomodulator

daznelimgén lisbac

bactérie *Listeria monocytogenes* vivante atténuée, dérivée de la souche *LmddA*, transformée par un plasmide codant une protéine de fusion. Cette protéine est constituée d'un fragment non hémolytique tronqué en C-terminal de la toxine listériolysine-O (tLLO) fusionné à trois épitopes antigéniques (deux fragments extracellulaires et un fragment intracellulaire) du récepteur 2 du facteur de croissance épidermique humain (HER2, proto-oncogène Neu, récepteur tyrosine-protéine kinase erbB-2, CD340), sous le contrôle du promoteur bactérien *hly* (hémolysine).

La souche atténuée de *Listeria monocytogenes* *LmddA* présente des délétions dans trois gènes (*dal*, *dat* et *actA*), la délétion du gène de virulence *actA* étant le principal déterminant de l'atténuation. Le vecteur plasmidique code également une copie du gène *dal* de *Bacillus subtilis*, sous le contrôle du promoteur du gène *iap* de *L. monocytogenes*, qui complète les délétions génomiques pour *dal* et *dat*

bactérie génétiquement modifiée, immunomodulateur

bacteria *Listeria monocytogenes* viva atenuada basada en la cepa *LmddA* transformada con un plásmido que codifica una proteína de fusión que consta de un fragmento no hemolítico C-terminal truncado de la toxina listeriolisina-O (tLLO) fusionado a tres épitopos antigénicos (dos fragmentos extracelulares y un fragmento intracelular) del receptor del factor de crecimiento epidérmico 2 humano (HER2, proto-oncogén Neu, receptor tirosina-proteína quinasa erbB-2, CD340), bajo el control del promotor bacteriano *hly*.

La cepa *LmddA* atenuada de *Listeria monocytogenes* tiene deleciones en tres genes (*dal*, *dat*, y *actA*) siendo la deleción del gen de virulencia *actA* el determinante principal de la atenuación. El vector plasmídico también codifica una copia del gen *dal* de *Bacillus subtilis* bajo el control del promotor del gen *iap* de *L. monocytogenes*, lo que complementa las deleciones genómicas de *dal* y *dat*

bacteria modificada genéticamente, inmunomodulador

debecarasibum

debecarasib

2-amino-7-fluoro-4-(5-fluoro-3-(((2*R*,7*aS*)-2-fluorotetrahydro-1*H*-pyrrolizin-7*a*(5*H*)-yl)methoxy)-1-(((1*R*,5*S*)-3-((2*R*)-2-hydroxypropyl)-3,8-diazabicyclo[3.2.1]octan-8-yl)-7,9-dihydrofuro[3,4-*f*]quinazolin-6-yl)thieno[3,2-*c*]pyridine-3-carbonitrile

Kirsten rat sarcoma viral oncogene homologue (KRAS) inhibitor, antineoplastic

débécarasib

2-amino-7-fluoro-4-(5-fluoro-3-(((2*R*,7*aS*)-2-fluorotétrahydro-1*H*-pyrrolizin-7*a*(5*H*)-yl)méthoxy)-1-(((1*R*,5*S*)-3-((2*R*)-2-hydroxypropyl)-3,8-diazabicyclo[3.2.1]octan-8-yl)-7,9-dihydrofuro[3,4-*f*]quinazolin-6-yl)thiéno[3,2-*c*]pyridine-3-carbonitrile

inhibiteur de l'homologue de l'oncogène viral du sarcome du rat de Kirsten (KRAS), antinéoplasique

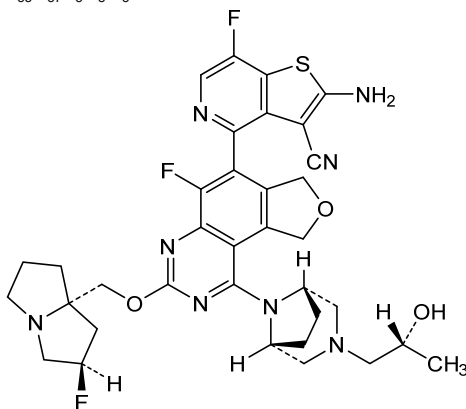
debecarasib

2-amino-7-fluoro-4-(5-fluoro-3-(((2*R*,7*aS*)-2-fluorotetrahydro-1*H*-pirrolizin-7*a*(5*H*)-il)metoxi)-1-(((1*R*,5*S*)-3-((2*R*)-2-hidroxiopropil)-3,8-diazabíciclo[3.2.1]octan-8-il)-7,9-dihidrofuro[3,4-*f*]quinazolin-6-il)tieno[3,2-*c*]piridina-3-carbonitrilo

inhibidor homólogo del oncógen viral del sarcoma de rata de Kirsten (KRAS), antineoplásico

C₃₅H₃₇F₃N₈O₃S

2991354-62-0

**deubaloxavirum marboxilum**

deubaloxavir marboxil

((((12*aR*)-12-[(11*S*)-7,8-difluoro-6,11-(11-²H)dihydrodibenzo[*b,e*]thiepin-11-yl]-6,8-dioxo-3,4,6,8,12,12*a*-hexahydro-1*H*-[1,4]oxazino[3,4-*c*]pyrido[2,1-*f*][1,2,4]triazin-7-yl)oxy)methyl methyl carbonate
influenza CAP-dependent endonuclease inhibitor, antiviral

deubaloxavir marboxil

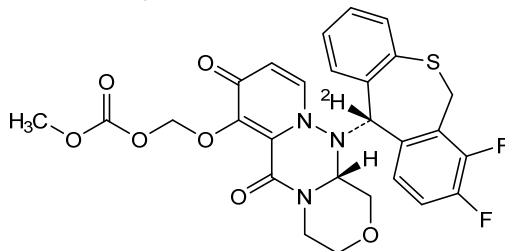
carbonate de (((12*aR*)-12-[(11*S*)-7,8-difluoro-6,11-(11-²H)dihydrodibenzo[*b,e*]thiépin-11-yl]-6,8-dioxo-3,4,6,8,12,12*a*-hexahydro-1*H*-[1,4]oxazino[3,4-*c*]pyrido[2,1-*f*][1,2,4]triazin-7-yl)oxy)méthyle et de méthyle
inhibiteur de l'endonucléase dépendante du CAP du virus influenza, antiviral

deubaloxavir marboxilo

carbonato de (((12a*R*)-12-[(11*S*)-7,8-difluoro-6,11-(11-²H)dihidrodibenzo[*b,e*]tiepin-11-il]-6,8-dioxo-3,4,6,8,12,12a-hexahidro-1*H*-[1,4]oxazino[3,4-*c*]pirido[2,1-*f*][1,2,4]triazin-7-il)oxi)metilo y de metilo
inhibidor de la endonucleasa dependiente de CAP de la influenza, antiviral

C₂₇H₂₂²HF₂N₃O₇S

2246959-10-2

**deziglipelum**

deziglipel

2-((1*S*)-1-[1-(5-ethylpyrimidin-2-yl)piperidin-4-yl]ethoxy)-6-[2-fluoro-4-(methanesulfonyl)phenyl]imidazo[2,1-*b*][1,3,4]thiadiazole
G-Protein-Coupled Receptor 119 (GPR119) activator, steatohepatitis and type 2 diabetes

déziglipel

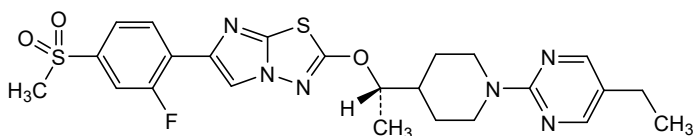
2-((1*S*)-1-[1-(5-éthylpyrimidin-2-yl)pipéridin-4-yl]éthoxy)-6-[2-fluoro-4-(méthanesulfonyl)phényl]imidazo[2,1-*b*][1,3,4]thiadiazole
agoniste du récepteur couplé aux protéines G 119 (GPR119), stéatohépatite et diabète de type 2

deziglipel

2-((1*S*)-1-[1-(5-etilpirimidin-2-il)piperidin-4-il]etoxi)-6-[2-fluoro-4-(metanosulfonyl)fenil]imidazo[2,1-*b*][1,3,4]tiadiazol
agonista del receptor acoplado a proteína G 119 (GPR119), esteatohepatitis y diabetes de tipo 2

C₂₄H₂₇FN₆O₃S₂

2137977-29-6

**domusiranum**

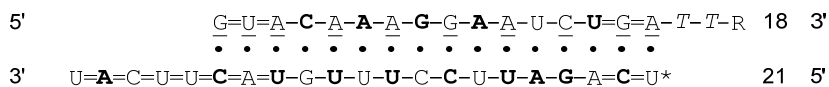
domusiran

*all-P-ambo-(2*RS*)-6-docosanamido-2-(hydroxymethyl)hexyl hydrogen 2'-O-methyl-P-thioguanlyl-(3'→5')-2'-O-methyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorocytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroguanlyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoro-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-methyl-P-thioguanlyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-thymidylyl-(3'→5')-3'-thymidylate,*

	duplex with <i>all-P-ambo-2'-O-methyl-P-thiouridylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoro-P-thioadenylyl-(5'→3')-2'-O-methyl-P-thiocytidylyl-(5'→3')-2'-O-methyl-P-thiouridylyl-(5'→3')-2'-O-methyl-P-thiouridylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoro-P-thiocytidylyl-(5'→3')-2'-O-methyl-P-thioadenylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluorouridylyl-(5'→3')-2'-O-methylguanylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluorouridylyl-(5'→3')-2'-O-methyluridylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluorouridylyl-(5'→3')-2'-O-methylcytidylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluorocytidylyl-(5'→3')-2'-O-methyluridylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluorouridylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroguanlylyl-(5'→3')-2'-O-methyl-P-thioadenylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoro-P-thiocytidylyl-(5'→3')-(5'E)-2'-O-methyl-5',C^{5'}-didehydro-O^{5'}-carba-5'-uridylic acid</i> <i>Janus kinase 1 (Jak-1) synthesis reducer</i>
domusiran	<i>tout-P-ambo-2'-O-méthyl-P-thioguanilyl-(3'→5')-2'-O-méthyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluorocytidylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroadénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroguanilyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroadénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoro-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-méthyl-P-thioguanilyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-thymidylyl-(3'→5')-hydrogéo-3'-thymidylate de (2RS)-6-docosanamido-2-(hydroxyméthyl)hexyle,</i> duplex avec acide <i>tout-P-ambo-2'-O-méthyl-P-thiouridylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoro-P-thioadénylyl-(5'→3')-2'-O-méthyl-P-thiocytidylyl-(5'→3')-2'-O-méthyl-P-thiouridylyl-(5'→3')-2'-O-méthyl-P-thiouridylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoro-P-thiocytidylyl-(5'→3')-2'-O-méthyl-P-thioadénylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluorouridylyl-(5'→3')-2'-O-méthylguanylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluorouridylyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluorocytidylyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluorouridylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoroadénylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoroguanilyl-(5'→3')-2'-O-méthyl-P-thioadénylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoro-P-thiocytidylyl-(5'→3')-(5'E)-2'-O-méthyl-5',C^{5'}-didéhydro-O^{5'}-carba-5'-uridylique</i> <i>réducteur de la synthèse de la Janus kinase 1 (JAK1)</i>
domusirán	<i>todo-P-ambo-2'-O-metil-P-tioguanilil-(3'→5')-2'-O-metil-P-tiouridilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorocitidilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroadenilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroguanilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroadenilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoro-P-tiouridilil-(3'→5')-2'-O-metil-P-tioguanilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-timidilil-(3'→5')-hidrógeno-3'-timidilato de (2RS)-6-docosanamido-2-(hidroximetil)hexilo,</i> dúplex con ácido <i>todo-P-ambo-2'-O-metil-P-tiouridilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluoro-P-tioadenilil-(5'→3')-2'-O-metil-P-tiocitidilil-(5'→3')-2'-O-metil-P-tiouridilil-(5'→3')-2'-O-metil-P-tiouridilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluoro-P-tiocitidilil-(5'→3')-2'-O-metil-P-tioadenilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluorouridilil-(5'→3')-2'-O-metilguanilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluorouridilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluorouridilil-(5'→3')-2'-O-</i>

metilcitolidilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluorocitidilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluorouridilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluoroadenilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluoroguanilil-(5'→3')-2'-O-metil-*P*-tiadenilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluoro-*P*-tiocitidilil-(5'→3')-(5'*E*)-2'-O-metil-5', *C*⁶-didehidro-*O*⁵-carba-5'-uridilico

reductor de la síntesis de la Janus quinasa 1 (Jak-1)

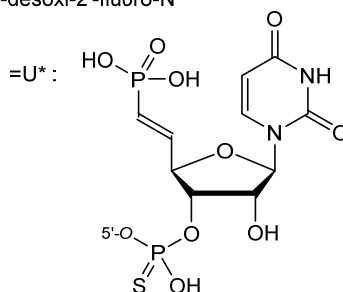
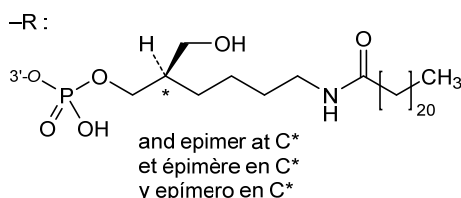


N : nucleoside / nucléoside / nucleósido

N : 2'-deoxy-N / 2'-désoxy-N / 2'-desoxi-N

N : 2'-O-methyl-N / 2'-O-méthyl-N / 2'-O-metil-N

N : 2'-deoxy-2'-fluoro-N / 2'-désoxy-2'-fluoro-N / 2'-desoxi-2'-fluoro-N

$$- : -\text{PO}(\text{OH})- \quad \equiv : -\text{PS}(\text{OH})-$$


dovarafuspum alfa #

dovarafusp alfa

humanized immunoglobulin G1-kappa anti-[human angiopoietin-1 receptor (endothelial tyrosine kinase, tyrosine-protein kinase receptor TIE-2, hTIE2, CD202b, TEK)) fused at the C-terminus of each heavy chain, via peptide linker ⁴⁴⁶GGGGSGGGGSEPKSSDKTHT⁴⁶⁵ to a human vascular endothelial growth factor receptor 1 (VEGFR-1, Fms-like tyrosine kinase 1, FLT-1, Uniprot P17948) domain 2 fragment (103-206; 466-569 in the current sequence), joined at the C-terminus with a human VEGFR-2 (fetal liver kinase 1, FLK-1, Uniprot P35968) domain 3 fragment (208-308; 570-670 in the current sequence).

H-gamma1 heavy chain (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01) (IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.6] (31-35.50-66.99-104)) (1-115) *Homo sapiens* IGHG1*01 (CH1 (116-213), hinge (214-228), CH2 L^{232>A}, L^{233>A}, H^{308>A} (229-338), CH3 (339-443), CHS (444-445)) (116-445)], fused at the C-terminus via a peptide linker

446GGGGSGGGGSEPKSSDKTHT⁴⁶⁵ to a human VEGFR-1 domain 2 fragment (466-569), fused with a human VEGFR-2 domain 3 fragment (570-670), (218-214')-disulfide with L-kappa light chain (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-17*01 -IGKJ2*01, CDR-Kabat [11.7.9] (24'-34'.50'-56'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (108'-214')]; dimer (224-224'':227-227'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa
angiogenesis inhibitor

dovarafusp alfa

immunoglobuline G1-kappa humanisée anti-[récepteur de l'angiopoïétine-1 humaine (tyrosine kinase endothéliale, récepteur tyrosine-protéine kinase TIE-2, hTIE2, CD202b, TEK)], fusionnée à l'extrémité C-terminale de chaque chaîne lourde, par un coupleur polypeptidique

⁴⁴⁶GGGGSGGGGSEPKSSDKTHT⁴⁶⁵, à un fragment du domaine 2 du récepteur 1 du facteur de croissance endothélial vasculaire humain (FCEVh; VEGFR-1, tyrosine kinase de type Fms 1, FLT-1, Uniprot P17948), lié à l'extrémité C-terminale à un fragment du domaine 3 du VEGFR-2 humain (kinase 1 du foie fœtal, FLK-1, Uniprot P35968).

Chaîne lourde H-gamma1 (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 -(IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.6] (31-35.50-66.99-104)) (1-115) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (CH1 (116-213), charnière (214-228), CH2 L^{232>A}, L^{233>A}, H^{308>A} (229-338), CH3 (339-443), CHS (444-445)) (116-445)], fusionnée à l'extrémité C-terminale via un coupleur polypeptidique ⁴⁴⁶GGGGSGGGGSEPKSSDKTHT⁴⁶⁵ à un fragment du domaine 2 du VEGFR-1 humain (466-569), fusionné avec un fragment du domaine 3 (570-670) du VEGFR-2 humain, ponté par un disulfure (218-214') avec la chaîne légère L-kappa (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-17*01 -IGKJ2*01, CDR-Kabat [11.7.9] (24'-34'.50'-56'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (108'-214')]; dimère bisdisulfure (224-224'':227-227''), produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

inhibiteur de l'angiogénèse

dovarafusp alfa

immunoglobulina G1-kappa humanizada anti-[receptor de la angiopoyetina-1 humana (tirosina kinasa endotelial, receptor proteina tirosina kinasa TIE-2, hTIE2, CD202b, TEK)], fusionada en el extremo C-terminal de cada cadena pesada, mediante un acoplador polipeptidico

⁴⁴⁶GGGGSGGGGSEPKSSDKTHT⁴⁶⁵, a un fragmento del dominio 2 del recepto 1 del factor de crecimiento endotelial vascular humano (FCEVh; VEGFR-1, tirosina kinasa de tipo Fms 1, FLT-1, Uniprot P17948), unido al extremo C-terminal a un fragmento del dominio 3 del VEGFR-2 humano (kinasa 1 del hígado fetal, FLK-1, Uniprot P35968).

Cadena pesada H-gamma1 (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 -(IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.6] (31-35.50-66.99-104)) (1-115) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (CH1 (116-213), bisagra (214-228), CH2 L^{232>A}, L^{233>A}, H^{308>A} (229-338), CH3 (339-443), CHS (444-445)) (116-445)], fusionada en el extremo C-terminal mediante un acoplador polipeptidico ⁴⁴⁶GGGGSGGGGSEPKSSDKTHT⁴⁶⁵ a un fragmento del dominio 2 del VEGFR-1 humano (466-569), fusionado con un fragmento del dominio 3 (570-670) del VEGFR-2 humano, unido por un disulfuro (218-214') con la cadena ligera L-kappa (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-17*01 -IGKJ2*01, CDR-Kabat [11.7.9] (24'-34'.50'-56'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (108'-214')]; dímero bisdisulfuro (224-224'':227-227''), producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), glicoforma alfa

inhibidor de la angiogénesis

3082355-89-0

Sequence / Séquence / Secuencia		
Heavy chains / Chaînes lourdes / Cadenas pesadas (anti-Tie-VEGFR; H, H')		
EVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYSFT SYWMNWVRQA PGQGLEWMGM	50	
IHPDSETRL NQKFMDRVTM TRDTSTSTVY MELSSLRSED TAVYYCARGL	100	
YGNSWGQGTI VTVSSASTKG PSVFPLAPSS KSTSGGTAAL GCLVKDYFPE	150	
PVTVSWNSGA LTSGVHTFPA VLQSSGLYSL SSVVTVPPSS LGTQTYICNV	200	
NHKPSNTKVD KKVEPKSCDK THTCPPCPAP <u>EAA</u> GGPSVFL FPPKPKDTLM	250	
ISRTPEVTCV VVDVSHEDPE VKFNWYVDGV EVHNAKTKPR EEQYNSTYRV	300	
VSVLTIVL <u>AQD</u> WLNKEYKCK VSNKALPAPI EKTISKAKGQ PREPQVYTLF	350	
PSRDELTKNQ VSLTCLVKGF YPSDIAVEWE SNGQPENNYK TTPPVLDSDG	400	
SFFLYSKLTV DKSRWQQGNV FSCSVMEAL HNHYTKSLS LSPGKGGGGS	450	
<u>GGGGSEPKSS</u> <u>DKTH</u> <u>TS</u> <u>D</u> <u>TGR</u> <u>PFVEMYSEIP</u> <u>EIIHMTGRE</u> <u>LVIPCRVTSP</u>	500	
<u>NITVTLLKFP</u> <u>LDTLIPDGKR</u> <u>IIWDSRKGF</u> <u>ISNATYKEIG</u> <u>LLTCEATVNG</u>	550	
<u>HLTKTNYLTH</u> <u>RQNTIIDV</u> <u>LSPSHGIELS</u> <u>VGEKLVNCT</u> <u>ARTELVGID</u>	600	
<u>FNWEYPSSKH</u> <u>QHKKLVRDL</u> <u>KTQSGSEMKK</u> <u>FLSTLTIDGV</u> <u>TRSDQGLYTC</u>	650	
<u>AASSGLMTKK</u> <u>NSTFVRVHEK</u>	670	
Light chains / Chaînes légères / Cadenas ligeras (L', L'')		
DIQMTQSPSS LSASVGDRVT ITCRASQDIG ISLNWYQQEP GKAIKRLIYA	50	
TSSLDSGVPK RFSGSRSGTE YTLTISSLES EDFADYYCLQ YASSPYTFGG	100	
GTKLEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV	150	
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG	200	
LSPSVTKSFN RGEC	214	
Mutations / Mutations / Mutaciones		
IgG1: L ²³² > <u>A</u> , L ²³³ > <u>A</u> , H ³⁰⁸ > <u>A</u> ; L ²³² > <u>A</u> , L ²³³ > <u>A</u> , H ³⁰⁸ > <u>A</u>		
Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión		
⁴⁴⁶ <u>GGGSGGGGSEPKSSDKTH</u> ⁴⁶⁵ , ⁴⁴⁶ <u>GGGSGGGGSEPKSSDKTH</u> ⁴⁶⁵		
Post-translational modifications		
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro		
Intra chain H: 22-96, 142-198, 259-319, 365-423, 495-544, 589-650		
H': 22"-96", 142"-198", 259"-319", 365"-423", 495"-544", 589"-650"		
L': 23'-88', 134'-194'; L'': 23'''-88''', 134'''-194'''		
Inter-chain H-L': 218-214'		
H"-L'': 218"-214'"		
H-H': 224-224", 227-227"		
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación		
N295, N501, N533, N588, N661; N295'', N501'', N533'', N588'', N661''		
O-glycosylation sites / Sites de O-glycosylation / Posiciones de O-glicosilación		
S459 and/or S460 (glycosyl); S459" and/or S460" (glycosyl)		
O-xylosylation sites / Sites de O-xylosylation / Posiciones de O-xylosylation		
S450 and/or S455 (xylosyl); S450" and/or S455" (xylosyl)		

dovipegleukinum #
dovipegleukin

human interleukin 2 (IL2, IL-2, T-cell growth factor (TCGF); Uniprot: P60568) fragment (2-133 in the current sequence), variant (H¹⁶>N⁶(2-azidoethoxy)-carbonyl-L-lysine, C¹²⁵>S) to allow for a site-specific pegylation at position 16 with a {2-[8-(4-{[α-methylpoly(oxyethylene)-ω-yl]amino}-4-oxobutanoyl)-8,9-dihydro-1H (or 3H)-dibenzo[*b,f*][1,2,3]triazolo[4,5-*d*]azocin-1 (or 3-yl)ethoxy}carbonyl group, produced in *Escherichia coli* strain BL21 (DE3), not glycosylated
immunomodulator

dovipegleukine

fragment d'interleukine 2 humaine (IL2, IL-2, facteur de croissance des cellules T (FCCT; *TCGF*); Uniprot: P60568) (2-133 dans la séquence actuelle), variant (H¹⁶>N⁶(2-azidoéthoxy)-carbonyl-L-lysine, C¹²⁵>S) pour permettre une pégylation spécifique au site en position 16 avec un groupe {2-[8-(4-{{α-méthylpoly(oxyéthylène)-ω-yl]amino}-4-oxobutanoyl)-8,9-dihydro-1*H* (ou 3*H*)-dibenzo[*b,f*][1,2,3]triazolo[4,5-*d*]azocin-1 (ou 3)-yl]éthoxy}carbonyle, produit dans la souche BL21 (DE3) d'*Escherichia coli*, non glycosylé
immunomodulateur

dovipegleukina

fragmento de interleukina 2 humana (IL2, IL-2, factor de crecimiento de las células T (FCCT; *TCGF*); Uniprot: P60568) (2-133 en la secuencia actual), variante (H¹⁶>N⁶(2-azidoetoxi)-carbonil-L-lisina, C¹²⁵>S) para permitir una pegilación específica en la posición 16 con un grupo {2-[8-(4-{{α-metilpoli(oxietileno)-ω-il]amino}-4-oxobutanoil)-8,9-dihidro-1*H* (ou 3*H*)-dibenzo[*b,f*][1,2,3]triazolo[4,5-*d*]azocin-1 (ou 3)-il]etoxi}carbonilo, producido en la cepa BL21 (DE3) de *Escherichia coli*, no glicosilado
inmunomodulador

3076365-91-5

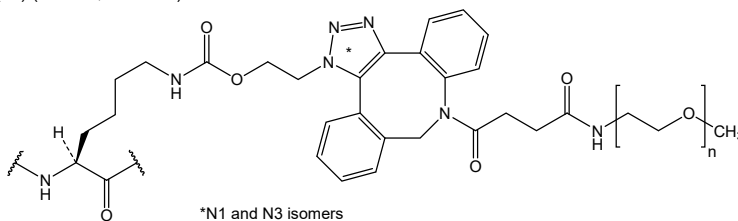
Sequence / Séquence / Secuencia

M P T S S S T K K T	Q L Q L E X L L L D	L Q M I L N G I N N	Y K N P K L T R M L	T F K F Y M P K K A	50
T E L K H L Q C L E	E E L K P L E E V L	N L A Q S K N F H L	R P R D L I S N I N	V I V L E L K G S E	100
T T F M C E Y A D E	T A T I V E F L N R	W I T F S Q S I I S	T L T		133

Mutations / Mutations / Mutaciones

A¹>**del**, N-L-methionyl (**M**¹) >added, H¹⁶>**X** (N⁶(2-azidoethoxy)-carbonyl-L-lysine), C¹²⁵>**S**

Modified residue / Résidu modifié / Residuo modificado

X (16) (n ~1100, ~50 kDa):**Post-translational modifications**

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
58-105

The N-terminal methionine is cleaved off during protein biogenesis (M¹>del)

drocamorelinum

drocamorelin

N'-[(1*S*)-1-(2,3-dichloro-4-methoxyphenyl)ethyl]-*N*-methyl-*N*-[(4*R*)-1,3,3-trimethylpiperidin-4-yl]urea
ghrelin mimetic, heart failure

drocamoréline

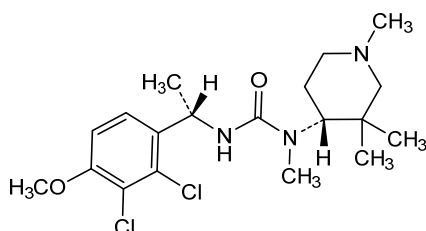
N'-[(1*S*)-1-(2,3-dichloro-4-méthoxyphényl)éthyl]-*N*-méthyl-*N*-[(4*R*)-1,3,3-triméthylpipéridin-4-yl]urée
mimétique de la ghréline, insuffisance cardiaque

drocamorelina

N'-[(1*S*)-1-(2,3-dicloro-4-metoxifenil)etil]-*N*-metil-*N*-
[(4*R*)-1,3,3-trimetilpiperidin-4-il]urea
mimético de la grelina, insuficiencia cardíaca

C₁₉H₂₉Cl₂N₃O₂

3078069-08-3

**durocitinibum**

durocitinib

6-(cyclopropanecarboxamido)-*N*-(²H₃)methyl-4-[[[(4*S*)-
2,4,5-trimethyl-4,5-dihydro-2*H*-[1,2,3]triazolo[4,5-
c][1,7]naphthyridin-6-yl]amino]pyridazine-3-
carboxamide

*Janus kinase inhibitor, anti-inflammatory,
immunosuppressant*

durocitinib

6-(cyclopropanecarboxamido)-*N*-(²H₃)méthyl-4-[[[(4*S*)-
2,4,5-triméthyl-4,5-dihydro-2*H*-[1,2,3]triazolo[4,5-
c][1,7]naphthyridin-6-yl]amino]pyridazine-3-
carboxamide

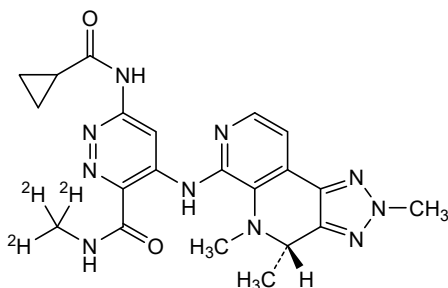
*inhibiteur de la tyrosine kinase Janus, anti-
inflammatoire, immunosuppresseur*

durocitinib

6-(ciclopropanocarboxamida)-*N*-(²H₃)metil-4-[[[(4*S*)-
2,4,5-trimetil-4,5-dihidro-2*H*-[1,2,3]triazolo[4,5-
c][1,7]naftiridin-6-il]amino}piridazina-3-carboxamida
*inhibidor de la tirosina kinasa Janus, antiinflamatorio,
inmunosupresor*

C₂₁H₂₁²H₃N₁₀O₂

2821087-28-7

**ecagitugum #**

ecagitug

immunoglobulin G2-kappa, anti-[*Homo sapiens* MET
(met proto-oncogene, hepatocyte growth factor (HGF)
receptor, HGFR, scatter factor (SF) receptor, HGF/SF
receptor, receptor tyrosine-protein kinase c-met,
papillary renal cell carcinoma 2, RCCP2)], monoclonal
antibody;

	H-gamma2 heavy chain (1-446) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-30-5*03 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) L123>T (115), CDR-IMGT [8.7.14] (26-33.51-57.96-109)) (1-120) -<i>Homo sapiens</i> IGHG2*01 (100%) G2m.. CH2 V45.1 (CH1 (121-218), hinge 1-12 (219-230), CH2 V45.1 (281) (231-339), CH3 (340-444), CHS (445-446)) (121-446)], (134-218')-disulfide with L-kappa light chain (1'-218') [V-KAPPA Musmus/Homsap (<i>Mus musculus</i> IGKV3-12*01 (81.8%) -IGKJ1*02 (90.9%) G120>Q (104')/<i>Homo sapiens</i> IGKV4-1*01 (79.2%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [10.3.9] (27'-36'.54'-56'.93'-101'')) (1'-111') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (157'), V101 (195')) (112'-218')]; dimer (222-222":223-223":226-226":229-229")-tetrakisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1SV, lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, glycoform alfa <i>antineoplastic</i>
écagitug	immunoglobuline G2-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> MET (proto-oncogène met, récepteur du facteur de croissance hépatocytaire, HGFR, récepteur du facteur de dispersion (SF), récepteur de l'HGF/SF, récepteur protéine-tyrosine kinase c-met, carcinome papillaire à cellules rénales 2, RCCP2)], anticorps monoclonal; chaîne lourde H-gamma2 (1-446) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-30-5*03 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) L123>T (115), CDR-IMGT [8.7.14] (26-33.51-57.96-109)) (1-120) -<i>Homo sapiens</i> IGHG2*01 (100%) G2m.. CH2 V45.1 (CH1 (121-218), charnière 1-12 (219-230), CH2 V45.1 (281) (231-339), CH3 (340-444), CHS (445-446)) (121-446)], (134-218')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa (1'-218') [V-KAPPA Musmus/Homsap (<i>Mus musculus</i> IGKV3-12*01 (81.8%) -IGKJ1*02 (90.9%) G120>Q (104')/<i>Homo sapiens</i> IGKV4-1*01 (79.2%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [10.3.9] (27'-36'.54'-56'.93'-101'')) (1'-111') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (157'), V101 (195')) (112'-218') dimère (222-222":223-223":226-226":229-229")-tétrakisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1SV, ne présentant pas le gène de la glutamine synthétase (GS-KO), glycoforme alfa <i>antinéoplasique</i>
ecagitug	immunoglobulina G2-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> MET (proto-oncogén met, receptor del factor de crecimiento hepatocitario, HGFR, receptor del factor de dispersión (SF), receptor del HGF/SF, receptor proteína-tirosina kinasa c-met, carcinoma papilar de las células renales 2, RCCP2)], anticuerpo monoclonal; cadena pesada H-gamma2 (1-446) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-30-5*03 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) L123>T (115), CDR-IMGT [8.7.14] (26-33.51-57.96-109)) (1-120) -<i>Homo sapiens</i> IGHG2*01 (100%) G2m.. CH2 V45.1 (CH1 (121-218), bisagra 1-12 (219-230), CH2 V45.1 (281) (231-339), CH3 (340-444), CHS (445-446)) (121-446)], (134-218')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa (1'-218') [V-KAPPA

Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV3-12*01 (81.8%)
-IGKJ1*02 (90.9%) G120>Q (104')/*Homo sapiens*
IGKV4-1*01 (79.2%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT
[10.3.9] (27'-36'.54'-56'.93'-101')) (1'-111') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA
A45.1 (157'), V101 (195')) (112'-218') dímero (222-
222":223-223":226-226":229-229")-tetrakisdisulfuro,
producido en las células ováricas de hámster chino
(CHO), línea celular CHO-K1SV, en ausencia del gen de
la glutamina sintetasa (GS-KO), forma glicosilada alfa
antineoplásico

3076369-09-7

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H')

QVQLVESGGG VVQPGRSLRL SCAASGFSLS NYGVHWVRQA PGKGLEWLAV 50
IWSGGSTNYA AAFVSRLTIS KDNSKNTVYL QMNSLRAEDT AVYYCARNHD 100
NPYNYAMDYW GQGTTVTVSS ASTKGPSVFP LAPCSRSTSE STAALGCLVK 150
DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSNFGTQT 200
YTCNVDHKPS NTKVDKTVR KCCVECPPCP APPVAGPSVF LFPPKPKDTL 250
MISRTPEVTC VVVDVSHEDP EVQFNWYVDG VEVHNAKTKP REEQFNSTFR 300
VVSVLTVVHQ DWLNGKEYKC KVSNGKLPAP IEKTI SKTKG QPREPQVYTL 350
PPSREEMTKN QVSLTCLVKG FYPSDIAVEW ESNGQPENNY KTTTPMLDSD 400
GSFFLYSKLT VDKSRWQQGN VFSCSVMEHA LHNHYTQKSL SLSPGK 446

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L')

DIVLTQSPDS LAVSLGERAT INCRADKSVS TSTYNLHWY QQKPGQPCKL 50
LIYLASNLAS GVPDRFSGSG SGTDFTLTIS SLQAEDVAVY YQHSRDLPP 100
TFGQGTKLEI KRTVAAPSVF IFPPSDEQLK SGTASVVCLL NNFYPREAKV 150
QWKVDNALQS GNSQESVTEQ DSKDSTYSL STLTLSKADY EKHKVYACEV 200
THQGLSSPVT KSFNRGEC 218

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22-95 147-203 260-320 366-424
22"-95" 147"-203" 260"-320" 366"-424"

Intra-L (C23-C104) 23'-92' 138'-198'
23'''-92''' 138'''-198'''

Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 134-218' 134"-218"

Inter-H-H (h 4, h 5, h 8, h11) 222-222" 223-223" 226-226" 229-229"

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal

Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl) / pyroglutamy (pE, 5-oxoprolyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)

H VH Q1: 1, 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 296, 296"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenaríos complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: 446, 446"

ecagitatugum rezetecanum #

ecagitatug rezetecan

immunoglobulin G2-kappa, anti-[*Homo sapiens* MET (met proto-oncogene, hepatocyte growth factor (HGF) receptor, HGFR, scatter factor (SF) receptor, HGF/SF receptor, receptor tyrosine-protein kinase c-met, papillary renal cell carcinoma 2, RCCP2)], monoclonal antibody; conjugated on an average of 5.3 cysteinyl residues to *rezetecan*, comprising a cleavable linker and a camptothecin derivative (*exatecan*); H-gamma2 heavy chain (1-446) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-30-5*03 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) L123>T (115), CDR-IMGT [8.7.14] (26-33.51-57.96-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG2*01 (100%) G2m.. CH2 V45.1 (CH1 (121-218), hinge 1-12 (219-230), CH2 V45.1 (281) (231-339), CH3 (340-444), CHS (445-446)) (121-446)], (134-218')-disulfide with L-kappa light chain (1'-218') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV3-12*01 (81.8%) -IGKJ1*02 (90.9%) G120>Q (104')/*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (79.2%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [10.3.9] (27'-36'.54'-56'.93'-101')) (1'-111') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (157'), V101 (195')) (112'-218')]; dimer (222-222":223-223":226-226":229-229")-tetrakisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1SV, lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, glycoform alfa; substituted at the sulfur atoms of 5.3 L-cysteinyl residues on an average among 134, 222, 223, 226, 229, 218', 134", 222", 223", 226", 229" and 218"" with (3RS)-1-[(2R,10S)-10-benzyl-2-cyclopropyl-1-[(1S,9S)-9-ethyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-methyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1H,12H-benzo[de]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinolin-1-yl]amino]-1,6,9,12,15,18-hexaoxo-3-oxa-5,8,11,14,17-pentaazatricosan-23-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (*rezetecan*) groups
antineoplastic

écagitatug rézétécan

immunoglobuline G2-kappa, anti-[*Homo sapiens* MET (proto-oncogène met, récepteur du facteur de croissance hépatocytaire, HGFR, récepteur du facteur de dispersion (SF), récepteur de l'HGF/SF, récepteur protéine-tyrosine kinase c-met, carcinome papillaire à cellules rénales 2, RCCP2)], anticorps monoclonal; conjugué par 5.3 résidus cystéinyles en moyenne au *rézétécan*, comprenant un coupleur clivable et un dérivé de la camptothécine (*exatécan*); chaîne lourde H-gamma2 (1-446) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-30-5*03 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) L123>T (115), CDR-IMGT [8.7.14] (26-33.51-57.96-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG2*01 (100%) G2m.. CH2 V45.1 (CH1 (121-218), charnière 1-12 (219-230), CH2 V45.1 (281) (231-339), CH3 (340-444), CHS (445-446)) (121-446)], (134-218')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa (1'-218') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV3-12*01 (81.8%) -IGKJ1*02 (90.9%) G120>Q (104')/*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (79.2%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [10.3.9] (27'-36'.54'-56'.93'-101')) (1'-111') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-

KAPPA A45.1 (157'), V101 (195')) (112'-218'))-tétrakisdisulfuro, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1SV, ne présentant pas le gène de la glutamine synthétase (GS-KO), glycoforme alfa; substitué, sur les atomes de soufre de 5.3 résidus L-cystéinyle en moyenne parmi 134, 222, 223, 226, 229, 218', 134", 222", 223", 226", 229" et 218"', avec des groupes (3RS)-1-[(2R,10S)-10-benzyl-2-cyclopropyl-1-[[[(1S,9S)-9-éthyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-méthyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1*H*,12*H*-benzo[de]pyrano[3',4':6',7']indolizino[1,2-*b*]quinoléin-1-yl]amino]-1,6,9,12,15,18-hexaoxo-3-oxa-5,8,11,14,17-pentaazatricosan-23-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (rézetecán)

antineoplasique

ecagitatug rezetecán

inmunoglobulina G2-kappa, anti-[*Homo sapiens* MET (proto-oncogén met, receptor del factor de crecimiento hepatocitario, HGFR, receptor del factor de dispersión (SF), receptor del HGF/SF, receptor proteína-tirosina quinasa c-met, carcinoma papilar de las células renales 2, RCCP2)], anticuerpo monoclonal; conjugado por 5.3 residuos de cisteinilo por término medio con *rezetecán*, que comprende un conector escindible y un derivado de la camptotecina (*exatecán*); cadena pesada H-gamma2 (1-446) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30-5*03 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) L123>T (115), CDR-IMGT [8.7-14] (26-33.51-57.96-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG2*01 (100%) G2m... CH2 V45.1 (CH1 (121-218), bisagra 1-12 (219-230), CH2 V45.1 (281) (231-339), CH3 (340-444), CHS (445-446)) (121-446)], (134-218')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa (1'-218') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV3-12*01 (81.8%) -IGKJ1*02 (90.9%) G120>Q (104')/*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (79.2%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [10.3-9] (27'-36'.54'-56'.93'-101')) (1'-111') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (157'), V101 (195')) (112'-218'))-tétrakisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1SV, en ausencia del gen de la glutamina sintetasa (GS-KO), forma glicosilada alfa; sustituido, en los átomos de azufre de 5.3 residuos de L-cisteinilo en promedio de 134, 222, 223, 226, 229, 218', 134", 222", 223", 226", 229" y 218"', con grupos (3RS)-1-[(2R,10S)-10-bencil-2-ciclopropil-1-[[[(1S,9S)-9-etil-5-fluoro-9-hidroxi-4-metil-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahidro-1*H*,12*H*-benzo[de]pirano[3',4':6',7']indolizino[1,2-*b*]quinolein-1-il]amino]-1,6,9,12,15,18-hexaoxo-3-oxa-5,8,11,14,17-pentaazatricosan-23-il]-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo (*rezetecán*)

antineoplásico

3076369-08-6

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H')

QVQLVSEGGG	VVQPGSRSLRL	SCAASGFSL	NYGVHWVRQA	PGKGLEWLAV	50
IWSGGSTNYA	AAFVSRLTIS	KDNSKNTVYL	QMNSLRAEDT	AVYYCARNHD	100
NPYNYAMDYW	GQGT'TVTVSS	ASTKGPSVFP	LAPCSRSTSE	STAALGCLVK	150
DYFPEPVTVS	WNSGALTSGV	HTFPAVLQSS	GLYSLSSVVT	VPSSNFGTQT	200
YTCNVDHKPS	NTKVDKTVER	KCCVECPSP	APPVAGPSVF	LFPPKPKDTL	250
MISRTPEVTC	VVVDVSHEDP	EVQFNWYVDG	VEVHNAKTKP	REEQFNSTFR	300
VVSVLTVVHQ	DWLNGKEYKC	KVSNKGLPAP	TEKTISKTKG	QPREPQVYTL	350
PPSREEMTKN	QVSLTCLVKG	FYPSDIAVEW	ESNGQPENNY	KTTTPMLDSD	400
GSFFLYSKLT	VDKSRWQQGN	VFSCSVMHEA	LHNHYTQKSL	SLSPGK	446

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L', L'')

DIVLTQSPDS	LAVSLGERAT	INCRADKSVS	TSTYNYLHWY	QQKPGQPPKL	50
LIYLASNLAS	GVPDRFSGSG	SGTDFTLTIS	SLQAEDVAVY	YQHSRDLP	100
TFGQGTKLEI	KRTVAAPSVE	IFPPSDEQLK	SGTASVVCLL	NNFYPREAKV	150
QWKVDNALQS	GNSQESVTEQ	DSKDYSTYSL	STLTLSKADY	EKKHKVYACEV	200
THQGLSSPVT	KSFNRGEC				218

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104)	22-95	147-203	260-320	366-424
	22"-95"	147"-203"	260"-320"	366"-424"

Intra-L (C23-C104)	23'-92'	138'-198'
	23'''-92'''	138'''-198'''

Inter-H-L (CHI 10-CL 126)* 134-218' 134"-218'''

Inter-H-H (h 4, h 5, h 8, h11)* 222-222" 223-223" 226-226" 229-229"

*Most disulfide bridges are not present, an average of 5.3 cysteinyl are conjugated, each via a thioether bond, to a drug linker.

*La plupart des ponts disulfures inter-chaînes ne sont pas présents, en moyenne 5.3 cystéinyl sont conjugués, chacun via une liaison thioéther, à un coupleur-principe actif.

*La mayoría de los puentes disulfuro inter-catenarios no están presentes, un promedio de 5.3 cisteinilo están conjugados, cada uno a través de un enlace tioéther, a un conector de fármaco.

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal

Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl) / pyroglutamyle (pE, 5-oxoprolyle) / pirolutamilo (pE, 5-oxoprolilo)

H VH Q1: 1, 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 296, 296"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenaríos complejos fucosilados

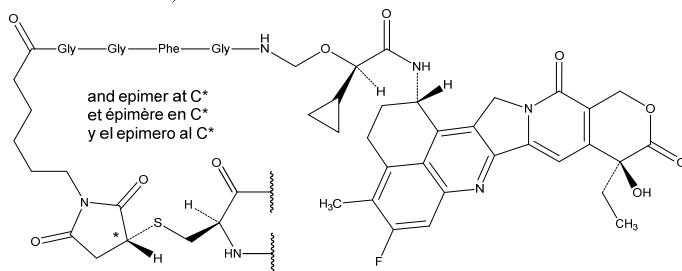
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: 446, 446"

Potential modified residues / résidus modifiés potentiels / restos modificados potenciales*

C (134, 222, 223, 226, 229, 218', 134", 222", 223", 226", 229" and 218''')

*(rezetecan:mAb ~ 5.3:1)



efaxaglutide alfa #

efaxaglutide alfa

human glucagon-like peptide 1 (GLP-1, Uniprot: P01275) (7-35, 1-29 in the current sequence), variant (A⁸>G²), fused at its C-terminus to an exendin 4 (Uniprot: P26349) peptide fragment (30-39) connected via peptide linker (G₄S)₆ (40-69) to a second human glucagon-like peptide 1 (GLP-1, Uniprot: P01275) (7-35, 70-98 in the current sequence), variant (A⁸>G⁷¹) fused to an exendin 4 peptide fragment (99-108) connected via peptide linker (G₄S)₃ (109-123) to a human immunoglobulin G4 (IgG4) Fc fragment (hinge-CH2-CH3-CHS domains) [*Homo sapiens*IGHG1*01 (hinge C¹²⁸>S (124-138)), *Homo sapiens*IGHG4*01 (CH2 AP¹³⁸⁻¹³⁹>del, E¹³⁹>S, F¹⁴⁰>H, L¹⁴¹>T, G¹⁴²>Q, G¹⁴³>P, P¹⁴⁴>L, S¹⁴⁵>G, T¹⁵⁶>Q (139-246), CH3 S²⁶⁰>C, T²⁷²>W, M³³⁴>L (247-351), CHS (352-353)) (124-353)], (134-59':137-62':260-180')-trisdisulfide with glucagon-like-2 (GLP-2, Uniprot: P01275) peptide (1'-33'), variant (H²>G, N¹⁶>G, L¹⁷>Q), fused via peptide linker (G₄S)₃ (34'-48') to a human immunoglobulin G4 (IgG4) Fc fragment (hinge-CH2-CH3-CHS domains) [*Homo sapiens*IGHG4*01 (hinge C⁵³>S (49'-63'), CH2 AP^{63'-64'}>del, E^{64'}>S, F^{65'}>H, L^{66'}>T, G^{67'}>Q, G^{68'}>P, P^{69'}>L, S^{70'}>G, T^{81'}>Q (64'-171'), CH3 Y^{180'}>C, T^{197'}>S, L^{199'}>A, Y^{238'}>V, M^{259'}>L (172'-276')), CHS (277'-278'') (49'-278''); produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, ZFN-engineered CHO-K1 GS-/- cell line, glycoform alfa

glucagon-like peptide 1 (GLP-1) and glucagon-like peptide 2 (GLP-2) receptor agonist

éfaxaglutide alfa

peptide-1 similaire au glucagon humain (GLP-1, Uniprot: P01275) (7-35, 1-29 dans la séquence actuelle), variant (A⁸>G²), fusionné à son extrémité C-terminale à un fragment peptidique d'exendine 4 (Uniprot: P26349) (30-39) relié par un coupleur polypeptidique (G₄S)₆ (40-69) à un second peptide-1 similaire au glucagon humain (GLP-1, Uniprot: P01275) (7-35, 70-98 dans la séquence actuelle), variant (A⁸>G⁷¹), fusionné à un fragment peptidique d'exendine 4 (99-108) relié par un coupleur polypeptidique (G₄S)₃ (109-123) à un fragment Fc d'immunoglobuline G4 (IgG4) humaine (domaines charnière-CH2-CH3-CHS) [*Homo sapiens*IGHG1*01 (charnière C¹²⁸>S (124-138)), *Homo sapiens*IGHG4*01 (CH2 AP¹³⁸⁻¹³⁹>del, E¹³⁹>S, F¹⁴⁰>H, L¹⁴¹>T, G¹⁴²>Q, G¹⁴³>P, P¹⁴⁴>L, S¹⁴⁵>G, T¹⁵⁶>Q (139-246), CH3 S²⁶⁰>C, T²⁷²>W, M³³⁴>L (247-351), CHS (352-353)) (124-353)], (134-59':137-62':260-180')-trisdisulfure avec un peptide-2 similaire au glucagon (GLP-2, Uniprot: P01275) (1'-33'), variante (H²>G, N¹⁶>G, L¹⁷>Q), fusionnés par un coupleur polypeptidique (G₄S)₃ (34'-48') à un fragment Fc d'immunoglobuline G4 (IgG4) humaine (domaines charnière-CH2-CH3-CHS) [*Homo sapiens*IGHG4*01 (charnière C⁵³>S (49'-63'), CH2 AP^{63'-64'}>del, E^{64'}>S, F^{65'}>H, L^{66'}>T, G^{67'}>Q, G^{68'}>P, P^{69'}>L, S^{70'}>G, T^{81'}>Q (64'-171'), CH3 Y^{180'}>C, T^{197'}>S, L^{199'}>A, Y^{238'}>V, M^{259'}>L (172'-276')), CHS (277'-278'') (49'-278'')]; produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1 GS-/- modifiée par ZFN, glycoforme alfa *agoniste des récepteurs du peptide 1 de type glucagon (GLP-1) et du peptide 2 de type glucagon (GLP-2)*

efaxaglutida alfa

péptido-1 similar al glucagón humano (GLP-1, Uniprot: P01275) (7-35, 1-29 en la secuencia actual), variante (A⁸>G²), fusionado en su extremidad C-terminal a un fragmento peptídico de exendina 4 (Uniprot: P26349) (30-39) unido por un acoplador polipeptídico (G₄S)₆ (40-69) a un segundo péptido-1 similar al glucagón humano (GLP-1, Uniprot: P01275) (7-35, 70-98 en la

secuencia actual), variante (A⁸>G⁷¹), fusionado en un fragmento peptídico de exendina 4 (99-108) unido por un acoplador polipeptídico (G₄S)₃ (109-123) a un fragmento Fc de inmunoglobulina G4 (IgG4) humana (dominios bisagra CH2-CH3-CHS) [*Homo sapiens*] IGHG1*01 (bisagra C¹²⁸>S (124-138)), *Homo sapiens* IGHG4*01 (CH2 AP¹³⁸⁻¹³⁹>del, E¹³⁹>S, F¹⁴⁰>H, L¹⁴¹>T, G¹⁴²>Q, G¹⁴³>P, P¹⁴⁴>L, S¹⁴⁵>G, T¹⁵⁶>Q (139-246), CH3 S²⁶⁰>C, T²⁷²>W, M³³⁴>L (247-351), CHS (352-353)) (124-353)], (134-59':137-62':260-180')-trisdисуфuro con un péptido-2 similar al glucacón (GLP-2, Uniprot: P01275) (1'-33'), variante (H²>G, N¹⁶>G, L¹⁷>Q), fusionados en un acoplador polipeptídico (G₄S)₃ (34'-48') a un fragmento Fc de inmunoglobulina G4 (IgG4) humana (dominios bisagra-CH2-CH3-CHS) [*Homo sapiens*] IGHG4*01 (bisagra C⁵³>S (49-63'), CH2 AP⁶³⁻⁶⁴>del, E⁶⁴>S, F⁶⁵>H, L⁶⁶>T, G⁶⁷>Q, G⁶⁸>P, P⁶⁹>L, S⁷⁰>G, T⁸¹>Q (64'-171'), CH3 Y¹⁸⁰>C, T¹⁹⁷>S, L¹⁹⁹>A, Y²³⁸>V, M²⁵⁹>L (172'-276'), CHS (277'-278')) (49'-278')]; producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1 GS/- modificada por ZFN, glicoforma alfa *agonista de los receptores del péptido similar al glucacón tipo 1 (GLP-1) y del péptido similar al glucacón tipo 2 (GLP-2)*

3069923-11-8

Sequence / Séquence / Secuencia

GLP-1-Ex-Fc

HGE**G**T**F**T**S**D**V** **S**S**Y**L**E**G**Q**A**A**K **E**F**I**A**W**L**V**K**G**G **P**S**S**G**A**P**P**P**S**G **G**G**G**S**G**G**G**S**G** 50
GG**G**S**G**G**G**S**G** **G**G**G**S**G**G**G**S**G** **G**E**G**T**F**T**S**D**V**S **S**Y**L**E**G**Q**A**A**K**E **F**I**A**W**L**V**K**G**G**P 100
SS**G**A**P**P**P**S**G**G **G**G**S**G**G**G**S**G**G** **G**S**E**P**K**S**S**D**K** **T**H**T**C**P**P**C**P**S**H **T**O**P**L**G**V**F**L**F**P 150
PK**P**K**Q**L**M**I**S** **R**T**E**V**T**C**V**V **D**V**S**Q**E**D**P**E**V**Q **F**N**W**Y**V**D**G**E**V** **H**N**A**K**T**K**P**R**E**E 200
QF**N**S**T**Y**R**V**V**S **V**L**T**V**L**H**Q**D**W**L **N**G**K**E**Y**K**C**K**V**S **N**K**G**L**P**S**S**I**E**K **T**I**S**K**A**K**G**Q**R**P 250
EP**Q**V**Y**T**L**P**P**C **Q**E**E**M**T**K**N**Q**V**S **L**W**C**L**V**K**G**F**Y**P **S**D**I**A**V**E**W**E**S**N **G**Q**P**E**N**N**Y**K**T**T 300
PP**V**L**S**D**S**D**G**S**F** **F**L**Y**S**R**L**T**V**D**K **S**R**W**Q**E**G**N**V**F**S **C**S**V**L**H**E**A**L**H**N **H**Y**T**Q**K**S**L**S**L**S 350
LG**K** 353

GLP-2-Fc (*)

HG**D**S**F**S**D**E**M** **N**T**I**L**D**Q**Q**A**R** **D**F**I**N**W**L**I**Q**T**K **I**T**D**G**G**G**S**G**G** **G**G**S**G**G**G**S**E**P** 50
KS**S**D**K**T**H**T**C**P **P**C**P**S**H**T**O**P**L**G **V**L**F**F**P**K**P**K**D** **Q**L**M**I**S**R**T**P**E**V **T**C**V**V**D**V**S**Q**E** 100
DP**E**V**Q**F**N**W**Y**V **D**G**V**E**V**H**N**A**K**T **K**P**R**E**E**Q**F**N**S**T **Y**R**V**V**S**V**L**T**V**L **H**Q**D**W**L**N**G**K**E**Y 150
KC**K**V**S**N**K**G**L**P **S**S**I**E**K**T**I**S**K**A **K**G**Q**P**R**E**P**Q**V**C **T**L**P**P**S**Q**E**E**M**T **K**N**Q**V**S**I**S**C**A**V 200
KG**F**Y**P**S**D**I**A**V **E**W**E**S**N**G**Q**P**E**N **N**Y**K**T**T**P**P**V**L**D **S**D**G**S**F**F**L**V**S**R **L**T**V**D**K**S**R**W**Q**E 250
GN**V**F**S**C**S**V**L**H **E**A**L**H**N**H**Y**T**Q**K **S**L**S**L**S**L**G**K 278

Mutations / Mutations / Mutaciones

GLP-1-Ex-Fc: GLP-1: A⁸>G², A⁸>G⁷¹
 Fc: C¹²⁸>S, AP¹³⁸⁻¹³⁹>del, E¹³⁹>S, F¹⁴⁰>H, L¹⁴¹>T, G¹⁴²>Q, G¹⁴³>P, P¹⁴⁴>L, S¹⁴⁵>G, T¹⁵⁶>Q, S²⁶⁰>C, T²⁷²>W, M³³⁴>L
 GLP-2-Fc: GLP-2: H²>G, N¹⁶>G, L¹⁷>Q
 Fc: C⁵³>S, AP⁶³⁻⁶⁴>del, E⁶⁴>S, F⁶⁵>H, L⁶⁶>T, G⁶⁷>Q, G⁶⁸>P, P⁶⁹>L, S⁷⁰>G, T⁸¹>Q, Y¹⁸⁰>C, T¹⁹⁷>S, L¹⁹⁹>A, Y²³⁸>V, M²⁵⁹>L

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión

GLP-1-Ex-Fc:⁴⁰GGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSGGGSG⁶⁹, ¹⁰⁹GGGGSGGGSGGGSG¹²³
 GLP-2-Fc: ³⁴GGGGSGGGSGGGSG⁴⁸

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-chain GLP-1-Ex-Fc: 167-227, 273-331

GLP-2-Fc: 92'-152', 198'-256'

Inter-chain GLP-1-Ex-Fc - GLP-2-Fc: 134-59', 137-62', 260-180'

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

N203, N128'

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: K353, K278'

efserakefuspum alfa #

efserakefusp alfa

human interleukin-15 receptor subunit alpha (IL-15RA, IL-15R α , CD215; Uniprot: Q13261) sushi domain containing fragment (1-73), variant (S⁴⁰>C), fused via peptide linker ⁷⁴G G G G S G G G G S⁸³ to a human immunoglobulin G1 (IgG1) Fc fragment (hinge-CH2-CH3-CHS domains) [*Homo sapiens* IGHG1*03 (hinge C⁸⁸>S (84-98), CH2 (99-208), CH3 (209-313), CHS (314-315)) (84-315)], (40-52')-disulfide with human interleukin-15 (IL-15, Uniprot: P40933) (1'-114')), variant (L⁵²>C); dimer (94-94", 97-97")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
antineoplastic

efsérakéfusp alfa

fragment contenant le domaine sushi de la sous-unité alpha du récepteur de l'interleukine-15 humaine (IL-15RA, IL-15R α , CD215; Uniprot: Q13261) (1-73), variante (S⁴⁰>C), fusionné par un coupleur polypeptidique ⁷⁴G G G G S G G G G S⁸³ à un fragment Fc d'immunoglobuline G1 (IgG1) humaine (domaines charnière-CH2-CH3-CHS) [*Homo sapiens* IGHG1*03 (charnière C⁸⁸>S (84-98), CH2 (99-208), CH3 (209-313), CHS (314-315)) (84-315)], (40-52')-disulfure avec l'interleukine-15 humaine (IL-15, Uniprot: P40933) (1'-114')), variante (L⁵²>C); dimère (94-94", 97-97")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
antinéoplasique

efserakefusp alfa

fragmento que contiene el dominio sushi de la subunidad alfa del receptor de la interleukina-15 humana (IL-15RA, IL-15R α , CD215; Uniprot: Q13261) (1-73), variante (S⁴⁰>C), fusionado mediante un acoplador polipeptídico ⁷⁴G G G G S G G G G S⁸³ a un fragmento Fc de inmunoglobulina G1 (IgG1) humana (dominio bisagra-CH2-CH3-CHS) [*Homo sapiens* IGHG1*03 (bisagra C⁸⁸>S (84-98), CH2 (99-208), CH3 (209-313), CHS (314-315)) (84-315)], (40-52')-disulfuro con la interleukina-15 humana (IL-15, Uniprot: P40933) (1'-114')), variante (L⁵²>C); dímero (94-94", 97-97")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, glicofoma alfa
antineoplásico

3082221-37-9

Sequence / Séquence / Secuencia	
Heavy chains / Chaînes lourdes / Cadenas pesadas (H, H ^{''})	
ITCPPPM S VE HADIWVKSYS LYSRERYICN SGFKRKAGTC SLTECVLNKA	50
TNVAHWTT P S LKCI R DPALV HQRGGGGSGG GGSEPK S SDK THTCPPCPAP	100
ELLGGPSVFL FPPKPKDTLM ISRTPEVTCV VVDVSHEDPE VKFNWYVDGV	150
EVHNAKTKPR EEQYNSTYRV VSVLTVLHQD WLNGKEYKCK VSNKALPAPI	200
EKTISKAKGQ PREPQVYTL P PSREEMTKNQ VSLTCLVKG F YPSDIAVEWE	250
SNGQPENNYK TTPPVLDSDG SFFLYSKLTV DKSRWQQGNV FSCSVMEAL	300
HNHYTQKSLS LSPGK	315

Light chains / Chaînes légères / Cadenas ligeras IL-15 (L', L ^{'''})	
NWVNVISDLK KIEDLIQSMH IDATLYTESD VHP S CKVTAM KCFLLELQVI	50
SCE S GDASIH DTVENLIILA NNSLSSNGNV TESGCKECE E LEEKNIKEFL	100
QSFVHIVQMF INTS	114

Mutations / Mutations / Mutaciones
H, H^{''} (IL-15R α): S⁴⁰> **C**; Fc: C⁸⁸>**S**
L', L^{'''} (IL15): L⁵²>**C**

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión
H, H^{''}: ⁷⁴GGGSGGGG⁸³

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-chain H-H: 3-45, 29-63, 129-189, 235-293
H^{''}-H^{''}: 3^{''}-45^{''}, 29^{''}-63^{''}, 129^{''}-189^{''}, 235^{''}-293^{''}
L'-L' (IL-15): 35'-85', 42'-88'
L^{'''}-L^{'''} (IL-15): 35^{'''}-85^{'''}, 42^{'''}-88^{'''}
Inter-chain H-L' (IL-15): 40-52'
H^{''}-L^{'''} (IL-15): 40^{''}-52^{'''}
H-H^{''}: 94-94^{''}, 97-97^{''}

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
N165, N165^{''}; L', L^{'''} (IL-15): N71', N79'; N71^{'''}, N79^{'''}

O-glycosylation sites / Sites de O-glycosylation / Posiciones de O-glicosilación
S87, S87^{''}

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: K315, K315^{''}

elrelesertibum
elrelesertib

7-fluoro-3-methyl-8-{6-[3-(piperidin-1-yl)propoxy]pyridin-3-yl}-1-(propan-2-yl)-1,3-dihydro-2H-imidazo[4,5-c]quinolin-2-one
serine/threonine kinase inhibitor, antineoplastic

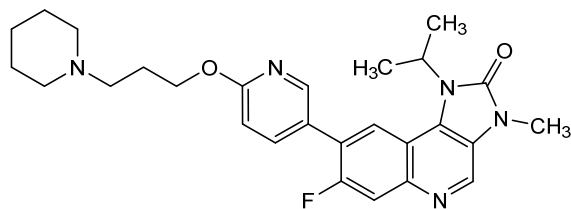
elrlésertib

7-fluoro-3-méthyl-8-{6-[3-(pipéridin-1-yl)propoxy]pyridin-3-yl}-1-(propan-2-yl)-1,3-dihydro-2H-imidazo[4,5-c]quinoléin-2-one
inhibiteur de kinases sérine/thréonine, antinéoplasique

elrelesertib

7-fluoro-3-metil-8-{6-[3-(piperidin-1-il)propoxi]piridin-3-il}-1-(propan-2-il)-1,3-dihidro-2H-imidazo[4,5-c]quinolein-2-ona
inhibidor de la kinasa de serina/treonina, antineoplásico

C₂₇H₃₂FN₅O₂ 2089288-03-7



elzeguranum

elzeguran

guide RNA (gRNA) targeting a splice donor site at the junction of exon 1 and intron 1 of the human proprotein convertase subtilisin/kexin type 9 (*PCSK9*) gene.

all-P-ambo-2'-O-methyl-P-thiocytidyl-(3'→5')-2'-O-methyl-P-thiocytidyl-(3'→5')-2'-O-methyl-P-thiocytidyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-cytidyl-(3'→5')-adenyl-(3'→5')-cytidyl-(3'→5')-cytidyl-(3'→5')-uridyl-(3'→5')-uridyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-cytidyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-cytidyl-(3'→5')-adenyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-cytidyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-uridyl-(3'→5')-uridyl-(3'→5')-uridyl-(3'→5')-uridyl-(3'→5')-adenyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidyl-(3'→5')-2'-O-methyluridyl-(3'→5')-2'-O-methyladenyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenyl-(3'→5')-2'-O-methyladenyl-(3'→5')-2'-O-methyladenyl-(3'→5')-2'-O-methyluridyl-(3'→5')-2'-O-methyladenyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidyl-(3'→5')-2'-O-methyladenyl-(3'→5')-2'-O-methyladenyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-uridyl-(3'→5')-uridyl-(3'→5')-2'-O-methyladenyl-(3'→5')-adenyl-(3'→5')-2'-O-methyladenyl-(3'→5')-adenyl-(3'→5')-2'-O-methyluridyl-(3'→5')-adenyl-(3'→5')-2'-O-methyladenyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidyl-(3'→5')-2'-O-methyluridyl-(3'→5')-2'-O-methyladenyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-uridyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-uridyl-(3'→5')-uridyl-(3'→5')-adenyl-(3'→5')-2'-O-methyluridyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidyl-(3'→5')-adenyl-(3'→5')-adenyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidyl-(3'→5')-2'-O-methyluridyl-(3'→5')-2'-O-methyluridyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenyl-(3'→5')-2'-O-methyladenyl-(3'→5')-2'-O-methyladenyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidyl-(3'→5')-2'-O-methyluridyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidyl-(3'→5')-2'-O-methyluridine

gene editing (human proprotein convertase subtilisin/kexin type 9)

[illegible]

2- O-methylamine
édition génétique (proprotéine convertase
subtilisine/kexine de type 9 humaine)

edición genética (proteína convertasa subtilisina/kexina tipo 9 humana)

2724283-08-1

5' CCCGCACCUU GGCGCAGCGG GUUUUAGAGC UAGAAAUAGC AAGUUAAAAU 50
AAGGCUAGUC CGUUAUCAAC UUGAAAAAGU GGCACCCGAGU CGGUGCUUUU* 3' 100

N : nucleoside 3'-phosphate / 3'-phosphate de nucléoside / 3'-fosfato de nucleósido
 N : nucleoside 3'-thiophosphate / 3'-thiophosphate de nucléoside / 3'-tiofosfato de nucleósido
N : 2'-O-methyl-N / 2'-O-méthyl-N / 2'-O-metil-N
 N* : nucleoside / nucléoside / nucleósido

embricitinibum

embricitinib

4-(((3*S*)-3-[(2,2-difluoroethyl)carbamoyl]piperidin-1-yl)amino)-1*H*-pyrrolo[2,3-*b*]pyridine-5-carboxamide
Janus kinase inhibitor, anti-inflammatory, immunosuppressant

embricitinib

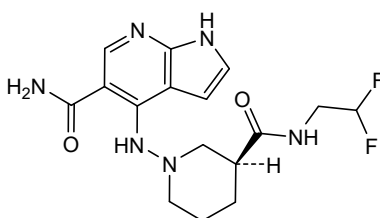
4-(((3*S*)-3-[(2,2-difluoroéthyl)carbamoyl]pipéridin-1-yl)amino)-1*H*-pyrrolo[2,3-*b*]pyridine-5-carboxamide
inhibiteur de la tyrosine kinase Janus, anti-inflammatoire, immunosuppresseur

embricitinib

4-(((3*S*)-3-[(2,2-difluoroetil)carbamoi]piperidin-1-il)amino)-1*H*-pirrolo[2,3-*b*]piridina-5-carboxamida
inhibidor de la tirosina kinasa Janus, antiinflamatorio, inmunosupresor

C₁₆H₂₀F₂N₆O₂

2459377-98-9

**enfipaxetanum**

enfipaxetan

N,N'-(butane-1,4-diyl)bis[1-hydroxy-*N*-[3-(1-hydroxy-6-oxo-1,6-dihydropyridine-2-carboxamido)propyl]-6-oxo-1,6-dihydropyridine-2-carboxamide}
chelating agent

enfipaxétan

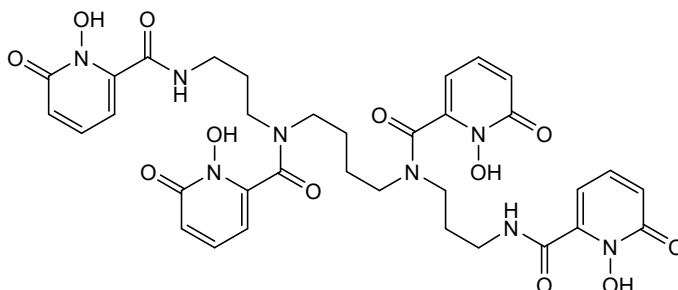
N,N'-(butane-1,4-diyl)bis[1-hydroxy-*N*-[3-(1-hydroxy-6-oxo-1,6-dihydropyridine-2-carboxamido)propyl]-6-oxo-1,6-dihydropyridine-2-carboxamide}
agent chélateur

enfipaxetán

N,N'-(butano-1,4-diil)bis{1-hidroxi-*N*-[3-(1-hidroxi-6-oxo-1,6-dihidropiridina-2-carboxamido)propil]-6-oxo-1,6-dihidropiridina-2-carboxamida}
agente quelante

C₃₄H₃₈N₈O₁₂

110874-36-7



envogmilastum

envogmilast

5-{{[5-(3-chlorophenyl)-6-methoxypyridin-3-yl]methyl}pyrimidin-2-amine
phosphodiesterase-4 (PDE4) inhibitor

envogmilast

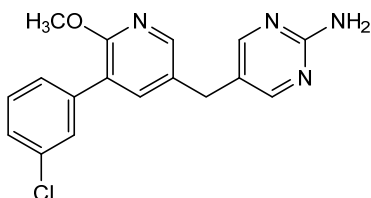
5-{{[5-(3-chlorophényl)-6-méthoxypyridin-3-yl]méthyl}pyrimidin-2-amine
inhibiteur de la phosphodiesterase 4 (PDE4)

envogmilast

5-{{[5-(3-clorofenil)-6-metoxipiridin-3-il]metil}pirimidin-2-amina
inhibidor de la fosfodiesterasa 4 (PDE4)

C₁₇H₁₅ClN₄O

1628114-10-2

**epagananum**

epaganan

S³, S¹⁶: S⁷, S¹²-dicyclo(L-lysyl-L-tryptophyl-L-cysteinyl-L-phenylalanyl-L-arginyl-L-valyl-L-cysteinyl-L-tyrosyl-L-arginylglycyl-L-isoleucyl-L-cysteinyl-L-tyrosyl-L-arginyl-L-arginyl-L-cysteinyl-L-arginyl-L-aspartic acid); *N*-(tachypleisin 1)oyl-L-aspartic acid (natural peptide tachypleisin 1 with a C-terminal aspartic acid added)
antimicrobial (veterinary use)

épaganan

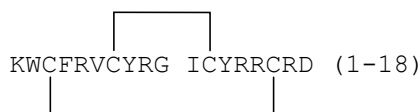
acide S³, S¹⁶: S⁷, S¹²-dicyclo(L-lysyl-L-tryptophyl-L-cystéinyl-L-phénylalanil-L-arginyl-L-valyl-L-cystéinyl-L-tyrosyl-L-arginylglycyl-L-isoleucyl-L-cystéinyl-L-tyrosyl-L-arginyl-L-arginyl-L-cystéinyl-L-arginyl-L-aspartique); acide *N*-(tachyplésine 1)oyl-L-aspartique (peptide naturel tachyplésine 1, auquel un acide aspartique C-terminal a été ajouté)
antimicrobien (usage vétérinaire)

epaganán

ácido S³, S¹⁶: S⁷, S¹²-díciclo(L-lisil-L-triptofil-L-cisteinil-L-fenilalanil-L-arginil-L-valil-L-cisteinil-L-tirosil-L-arginilglicil-L-isoleucil-L-cisteinil-L-tirosil-L-arginil-L-arginil-L-cisteinil-L-arginil-L-aspático); ácido *N*-(taquiplesina 1)oil-L-aspático (péptido natural taquiplesina 1, al que se le ha añadido un ácido aspático C-terminal)
antimicrobiano (uso veterinario)

C₁₀₃H₁₅₅N₃₅O₂₃S₄

3061967-85-6



eramilerminum eramilermin	recombinant human myeloid-derived growth factor (MYDGF, Uniprot: Q969H8) variant (A ¹ >ins), produced in <i>Escherichia coli</i> BL21 (DE3.D/E) cells, containing deletions of the λDE3 phage genes D and E, not glycosylated <i>myeloid-derived growth factor</i>
éramilermine	MYDGF (facteur de croissance dérivé des cellules myéloïdes) humain recombinant (Uniprot: Q969H8) variant (A ¹ >ins), produit dans des cellules <i>Escherichia coli</i> BL21 (DE3.D/E), présentant des délétions des gènes D et E du phage λDE3, non glycosylé <i>facteur de croissance dérivé des cellules myéloïdes</i>
eramilermina	MYDGF (factor de crecimiento derivado de células mieloides) humano recombinante (Uniprot: Q969H8) variante (A ¹ >ins), producido en las células <i>Escherichia coli</i> BL21 (DE3.D/E), que contiene deleciones de los genes D y E del fago λDE3, no glicosilada <i>factor de crecimiento derivado de las células mieloides</i>

3082932-43-9

Sequence / Séquence / Secuencia

A VSEPTTVAF	DVRPGGVVHS	FSHNVGPGDK	YTCMFTYASQ	GGTNEQWQMS	50
LGTSEDHQHF	TCTIWRPQ GK	SYLYFTQFKA	EVRGAEIEYA	MAYSKAAFER	100
ESDVPLKTEE	FEVTKTAVAH	RPGAFKAELS	KLVIVAKASR	TEL	143

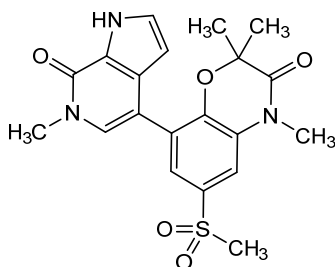
Mutation / Mutation / Mutación

A¹>ins

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra chain: 33-62

ertabresibum ertabresib	6-(methanesulfonyl)-2,2,4-trimethyl-8-(6-methyl-7-oxo-6,7-dihydro-1 <i>H</i> -pyrrolo[2,3- <i>c</i>]pyridin-4-yl)-2 <i>H</i> -1,4-benzoxazin-3(4 <i>H</i>)-one <i>bromodomain and extra-terminal motif (BET) inhibitor, antineoplastic</i>	
ertabrésib	6-(méthanesulfonyl)-2,2,4-triméthyl-8-(6-méthyl-7-oxo-6,7-dihydro-1 <i>H</i> -pyrrolo[2,3- <i>c</i>]pyridin-4-yl)-2 <i>H</i> -1,4-benzoxazin-3(4 <i>H</i>)-one <i>inhibiteur du bromodomaine et du motif extra-terminal (BET), antinéoplasique</i>	
ertabresib	6-(metanosulfonil)-2,2,4-trimetil-8-(6-metil-7-oxo-6,7-dihidro-1 <i>H</i> -pirrolo[2,3- <i>c</i>]piridin-4-il)-2 <i>H</i> -1,4-benzoxazin-3(4 <i>H</i>)-ona <i>inhibidor del bromodominio y del motivo extra-terminal (BET), antineoplásico</i>	
	C ₂₀ H ₂₁ N ₃ O ₅ S	1820889-23-3

**espindololum**

espindolol

(2S)-1-[(1*H*-indol-4-yl)oxy]-3-[(propan-2-yl)amino]propan-2-ol
beta-adrenoceptor antagonist

espindolol

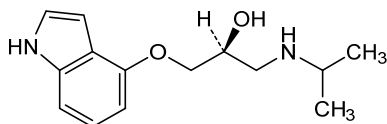
(2S)-1-[(1*H*-indol-4-yl)oxy]-3-[(propan-2-yl)amino]propan-2-ol
antagoniste des récepteurs bêta adrénergiques

espindolol

(2S)-1-[(1*H*-indol-4-il)oxi]-3-[(propan-2-il)amino]propan-2-ol
antagonista del adrenoreceptor beta

C₁₄H₂₀N₂O₂

26328-11-0

**evarucabgenum autoleucelum #**

evarucabgene autoleucel

autologous CD3⁺ T lymphocytes obtained from peripheral blood mononuclear cells by leukapheresis, transduced with non-replicating gamma-retroviral vector (MSGV1) derived from murine stem cell virus (MSCV), encoding a chimeric antigen receptor (CAR) targeting anti-B-cell maturation antigen (BCMA; TNFRSF17, CD269) comprising a CD8 α signal peptide, an anti-BCMA single chain variable fragment (scFv) derived from clone C11D5.3, a CD8 α hinge, a CD8 α transmembrane region, a 4-1BB co-stimulatory domain and a CD3 ζ signalling domain. The construct is flanked by 5' and 3' long terminal repeats (LTRs) derived from MSCV, which control transcription and polyadenylation respectively, and also contains a psi (Ψ) packaging signal, a truncated *gag* sequence and a *pol* region from the Moloney murine leukemia virus (MMLV). The vector is pseudotyped with gibbon ape leukaemia virus (GALV) *env* glycoprotein.

The leukapheresis material is enriched for peripheral blood mononuclear cells (PBMCs), activated by a CD3 agonist (OKT antibody *muromonab-CD3*) in the presence of interleukin 2 (IL-2) and then transduced with the retroviral vector. The cells are then further expanded in growth medium containing IL-2. The T

lymphocytes ($\geq 70\%$) are positive for the transgene ($\geq 10\%$ CAR positive), with $\leq 1\%$ CD19+ and CD14+ cells and secrete interferon gamma (IFN- γ) after co-incubation with BCMA+ target cells
cell-based gene therapy (antineoplastic)

évarucabgène autoleucel

lymphocytes T autologues CD3+, obtenus à partir de cellules mononucléaires du sang périphérique par leucaphérèse, transduits par un vecteur gamma-rétroviral non réplcatif (MSGV1), dérivé du virus des cellules souches murines (MSCV), codant un récepteur d'antigène chimérique (RAC) ciblant l'antigène de maturation des lymphocytes B (BCMA; TNFRSF17, CD269), et comprenant un peptide signal CD8 α , un fragment variable à chaîne unique (scFv) anti-BCMA dérivé du clone C11D5.3, une charnière CD8 α , une région transmembranaire CD8 α , un domaine costimulateur 4-1BB, et un domaine de signalisation CD3 ζ . Le vecteur est flanqué de séquences répétées terminales longues (LTR) 5' et 3' dérivées du MSCV, qui contrôlent respectivement la transcription et la polyadénylation. Il contient également un signal d'encapsulation psi (Ψ), une séquence *gag* tronquée, et une région *pol* du virus de la leucémie murine de Moloney (MMLV). Le vecteur est pseudotypé avec la glycoprotéine *env* du virus de la leucémie du gibbon (GALV).
 Le matériel de leucaphérèse est enrichi en cellules mononucléaires du sang périphérique (PBMC), activées par un agoniste de CD3 (anticorps OKT *muromonab-CD3*), en présence d'interleukine 2 (IL-2), puis transduites par le vecteur rétroviral. Les cellules sont ensuite amplifiées dans un milieu de culture contenant de l'IL-2. Les lymphocytes T ($\geq 70\%$) expriment le transgène ($\geq 10\%$ RAC positifs), avec $\leq 1\%$ de cellules CD19+ et CD14+, et sécrètent de l'interféron gamma (IFN- γ) après co-incubation avec des cellules cibles BCMA+
thérapie génique à base de cellules (antinéoplasique)

evarucabgén autoleucel

linfocitos T autólogos CD3+ obtenidos de células mononucleares de sangre periférica por leucoaféresis, transducidos con un vector gamma retroviral no replicativo (MSGV1) derivado del virus de células madre murino (MSCV), que codifica un receptor de antígenos quimérico (CAR) dirigido anti el antígeno de maduración de células B (BCMA; TNFRSF17, CD269) que consta de un péptido señal de CD8 α , un fragmento variable de cadena sencilla (scFv) anti-BCMA derivado del clon C11D5.3, una bisagra CD8 α , una región transmembrana de CD8 α , un dominio coestimulador de 4-1BB y un dominio de señalización de CD3 ζ . El constructo está flanqueado por repeticiones terminales largas (LTRs) en 5' y 3' derivadas del MSCV, que controlan la transcripción y la poliadenilación respectivamente, y también contiene una señal de empaquetamiento psi (Ψ), una secuencia trucada *gag* y una región *pol* del Virus de la Leucemia Murina de Moloney (MMLV). El vector está pseudotipado con la glicoproteína *env* del virus de la leucemia del gibbon (GALV).

El material de leucoaféresis se enriquece en células mononucleares de sangre periférica (PBMC), se activa con un agonista de CD3 (anticuerpo OKT *muromonab-CD3*) en presencia de interleuquina 2 (IL-2) y después se transduce con el vector retroviral. Las células se expanden más en medio de crecimiento que contiene IL-2. Los linfocitos T ($\geq 70\%$) son positivos para el transgén ($\geq 10\%$ CAR positivos), con $\leq 1\%$ de células CD19+ y células CD14+ y secretan interferón gamma (IFN- γ) tras la coincubación con células diana BCMA+ *terapia génica basada en células (antineoplásico)*

evrisiranum

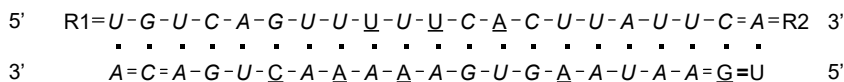
evrisiran

O-[(2*R*,3*S*)-2-(hydroxymethyl)oxolan-3-yl] hydrogen *all-P-ambo-5'-O-}{[(2*R*,3*S*)-3-}{[1-(1-[(2-acetamido-2-deoxy- β -D-galactopyranosyl)oxy]-9,13-bis{2-[(2-{2-[(2-acetamido-2-deoxy- β -D-galactopyranosyl)oxy]ethoxy}ethyl)amino]-2-oxoethyl)-7,14-dioxo-3-oxa-6,9,13-triazaoctadecan-18-oyl)piperidin-4-yl]oxy}(sulfanyl)phosphoryl]oxy}oxolan-2-yl]methoxy}(sulfanyl)phosphoryl)-2'-O-methyluridylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-methylguanylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-methyluridylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-methylcytidylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-methyladenylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-methylguanylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-methyluridylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-methyluridylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-deoxy-2'-fluorouridylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-methyluridylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-deoxy-2'-fluorouridylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-methylcytidylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-methylcytidylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-methyluridylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-methyladenylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-methyluridylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-methyluridylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-methyl-*P*-thiocytidylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-methyl-*P*-thio-3'-adenylate, duplex with *all-P-ambo-2'-O-methyl-P-thioadenylyl-(5' $\rightarrow$ 3')-2'-O-methyl-P-thiocytidylyl-(5' $\rightarrow$ 3')-2'-O-methyladenylyl-(5' $\rightarrow$ 3')-2'-O-methylguanylyl-(5' $\rightarrow$ 3')-2'-O-methyluridylyl-(5' $\rightarrow$ 3')-2'-deoxy-2'-fluorocytidylyl-(5' $\rightarrow$ 3')-2'-O-methyladenylyl-(5' $\rightarrow$ 3')-2'-deoxy-2'-fluoradenylyl-(5' $\rightarrow$ 3')-2'-O-methyladenylyl-(5' $\rightarrow$ 3')-2'-O-methylguanylyl-(5' $\rightarrow$ 3')-2'-O-methyluridylyl-(5' $\rightarrow$ 3')-2'-O-methylguanylyl-(5' $\rightarrow$ 3')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(5' $\rightarrow$ 3')-2'-O-methyladenylyl-(5' $\rightarrow$ 3')-2'-O-methyluridylyl-(5' $\rightarrow$ 3')-2'-O-methyladenylyl-(5' $\rightarrow$ 3')-2'-O-methyl-*P*-thioadenylyl-(5' $\rightarrow$ 3')-2'-deoxy-2'-fluoro-(*Rp*)-*P*-thioguanlylyl-(5' $\rightarrow$ 3')-2'-O-methyluridine**

prekallikrein synthesis reducer, hereditary angioedema

évrisiran

O-[(2*R*,3*S*)-2-(hydroxyméthyl)oxolan-3-yl] hydrogène *tout-P-ambo-5'-O-}{[(2*R*,3*S*)-3-}{[1-(1-[(2-acétamido-2-désoxy- β -D-galactopyranosyl)oxy]-9,13-bis{2-[(2-{2-[(2-acétamido-2-désoxy- β -D-galactopyranosyl)oxy]éthoxy}éthyl)amino]-2-oxoéthyl)-7,14-dioxo-3-oxa-6,9,13-triazaoctadécan-18-oyl)pipéridin-4-yl]oxy}(sulfanyl)phosphoryl]oxy}oxolan-2-yl]méthoxy}(sulfanyl)phosphoryl)-2'-O-méthyluridylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-méthylguanylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-méthyluridylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-méthyladenylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-méthylguanylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-méthyluridylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-méthyluridylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-deoxy-2'-fluorocytidylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-méthyladenylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-deoxy-2'-fluoradenylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-méthyladenylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-méthylguanylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-méthyluridylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-méthylguanylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-méthyladenylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-méthyluridylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-méthyladenylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-méthyl-*P*-thioadenylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-deoxy-2'-fluoro-(*Rp*)-*P*-thioguanlylyl-(3' $\rightarrow$ 5')-2'-O-méthyluridine*

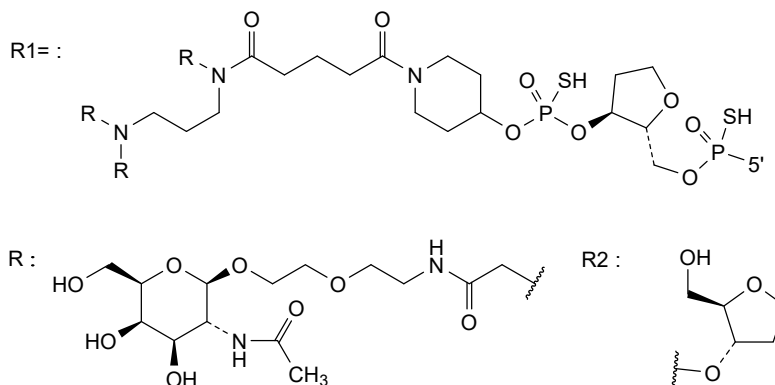


N : A,C,G,U

N : 2'-O-methyl-N / 2'-O-méthyl-N / 2'-O-metil-N

N : 2'-deoxy-2'-fluoro-N / 2'-désoxy-2'-fluoro-N / 2'-desoxi-2'-fluoro-N

- : -PO(OH)- = : -PO(SH)- = : -(Rp)-PO(SH)-

**ezenesgenum autogetemcelum #**

ezenesgene autogetemcel

autologous CD34+ enriched hematopoietic stem and progenitor cells obtained by leukapheresis, genome edited at the neutrophil cytosolic factor 1 (*NCF1*) locus to correct a dinucleotide deletion (delGT) in exon 2 of the *NCF1* gene and to restore expression of a biologically functional NCF1 protein (47 kDa neutrophil oxidase factor, NC-47K, p47phox). The editing is performed by the electroporation of a messenger RNA (mRNA) encoding a prime editing (PE) protein, a prime editing guide RNA (pegRNA) and a nicking guide RNA (ngRNA). The PE protein comprises a mutated CRISPR/Cas9 domain, modified to nick one strand of DNA without causing double strand breaks, and a modified Moloney murine leukemia virus reverse transcriptase (RT). The pegRNA contains a region that targets the PE protein to a specific genomic location and a region that encodes the corrective edit. The ngRNA supports incorporation of the correction into the complementary DNA strand and is used by the PE to transiently nick the complementary strand and direct DNA repair to incorporate the edit.

The leukapheresis material is enriched in CD34+ cells using immunomagnetic microbeads and cultured in the presence of media containing FMS-like tyrosine kinase 3 ligand (Flt-3L), thrombopoietin (TPO) and stem cell factor (SCF). During the culture, the cells are subjected to genome editing. The final substance contains ≥90% CD34+ cells, ≥40% on-target editing in colony-forming cells (≥5% on target editing in all cells) as determined by next-generation sequencing and demonstrate restoration of reactive oxygen species (ROS) production as measured against a reference standard

cell-based gene therapy (chronic granulomatous disease)

ézénéségén autogétemcel

cellules souches et progénitrices hématopoïétiques autologues enrichies en CD34+, obtenues par leucaphérèse, dont le génome a été modifiées au niveau du locus du facteur cytosolique 1 des neutrophiles (*NCF1*), afin de corriger une délétion de deux nucléotides (delGT) dans l'exon 2 du gène *NCF1*, et de restaurer l'expression de la protéine NCF1 biologiquement fonctionnelle (facteur oxydase des neutrophiles de 47 kDa, NCF-47K, p47phox). La modification est réalisée par électroporation d'un ARN messager (ARNm) codant une protéine d'édition prime (PE), un ARN guide d'édition prime (ARNpeg), et un ARN guide de coupure (ARNng). La protéine PE comprend un domaine CRISPR/Cas9 muté, modifié pour couper un brin d'ADN, sans induire de cassures double brin, et une transcriptase inverse (RT) modifiée du virus de la leucémie murine de Moloney. L'ARNpeg contient une région ciblant la protéine PE vers un emplacement génomique spécifique et une région codant pour la correction. L'ARNng permet l'incorporation de cette correction dans le brin complémentaire d'ADN, et est utilisé par la PE, pour couper temporairement le brin complémentaire et diriger la réparation de l'ADN afin d'intégrer la correction. Le matériel de leucaphérèse est enrichi en cellules CD34+ à l'aide de microbilles immunomagnétiques et cultivé en présence d'un milieu contenant un ligand de la tyrosine kinase 3 de type FMS (Flt-3L), de la thrombopoïétine (TPO) et du facteur de cellules souches (SFS). Au cours de la culture, les cellules subissent une édition génomique. La substance finale contient ≥90% de cellules CD34+, ≥40% d'édition de la cible dans les cellules formant des colonies (≥5% d'édition de la cible dans toutes les cellules), comme déterminé par séquençage de nouvelle génération, et démontre une restauration de la production d'espèces réactives de l'oxygène (ROS), mesurée par rapport à un standard de référence *thérapie génique à base de cellules (maladie granulomateuse chronique)*

ezenesgén autogetemcel

células madre y progenitoras hematopoyéticas autólogas enriquecidas en CD34+, obtenidas por leucoaféresis, con el genoma editado en el locus del factor citosólico 1 de neutrófilos (*NCF1*) para corregir una delección dinucleótida (delGT) en el exón 2 del gen *NCF1* y restaurar la expresión de la proteína NCF1 biológicamente funcional (47 kDa factor neutrófilo oxidasa, NCF-47K, p47phox). La edición se realiza mediante la electroporación de un ARN mensajero (ARNm) que codifica una proteína de edición prime (PE), un ARN guía de edición prime (ARNpeg) y un ARN guía de corte (ARNng). La proteína PE consta de un dominio CRISPR/Cas9 mutado, modificado para cortar una hebra de ADN sin causar roturas de doble cadena, y una transcriptasa inversa (RT) modificada del virus de la leucemia de Moloney murino. El ARNpeg contiene una región que dirige la proteína PE a una locación genómica específica y una región que codifica la edición correctora. El ARNng suporta la incorporación de la corrección en la hebra complementaria de ADN y es usado por la PE para cortar transitoriamente la hebra complementaria y dirigir la reparación del ADN para incorporar la edición. El material de leucoaféresis se enriquece en células CD34+ usando microbolas inmunomagnéticas y se cultiva en presencia de medio que contiene ligando de tirosina quinasa 3 similar a FMS (Flt-3L), trombopoyetina (TPO) y factor de

células madre (SCF). Durante el cultivo, las células se someten a la edición genómica. La sustancia final contiene $\geq 90\%$ de células CD34+, $\geq 40\%$ de edición en la diana en células formadoras de colonias ($\geq 5\%$ de edición en la diana en todas las células) determinado por secuenciación de nueva generación y se demuestra la restauración de la producción de especies de oxígeno reactivas (ROS) medido frente a un estándar de referencia

terapia génica basada en células enfermedad granulomatosa crónica)

ezlatamigum #
ezlatamig

immunoglobulin (H-gamma1_L-kappa)_scFvkh-G1(h-CH2-CH3), anti-[*Homo sapiens* CALR (calreticulin, autoantigen Ro, RO, Sjögren syndrome antigen A, SSA)] and anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], humanized and *Homo sapiens* monoclonal antibody, bispecific;
heavy chain H-gamma1 humanized anti-CALR (hole) (H) (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (80.4%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.14] (26-33.51-57.96-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, 6-G1v14-67 CH2 A1.3, A1.2, S27, 14-G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole), 10-G1v83 CH3 R115, F116 (CH1 R120>K (217) (121-218), hinge 1-15 (219-233), CH2 L1.3>A (237), L1.2>A (238), D27>S (268) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361), T22>S (369), L24>A (371), Y86>V (410), H115>R (438), Y116>F (439) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-217')-disulfide with light chain L-kappa humanized anti-CALR (1'-217') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (82.2%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.3.10] (27'-34'.52'-54'.91'-100')) (1'-110') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (156'), V101 (194')) (111'-217')];
heavy chain scFvkh humanized and *Homo sapiens* anti-CD3E -G1(h-CH2-CH3) (knob) (H") (1"-473") [scFvkh humanized and *Homo sapiens* anti-CD3E, 11-scFv-v3 C48(VL)-C10 linker, C13 linker-C120 (VH) (1"-241") [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (85.3%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27"-32".50"-52".89"-97") K48>C (42")) (1"-107") -18-mer (triglycyl-seryl-diglycyl-seryl-diglycyl-cysteiny C10 (117")-dipropyl-cysteiny C13 (120")-diglycyl-seryl-diglycyl) linker (108"-125") -VH (*Homo sapiens* IGHV3-21*01 (89.8%) -IGHD -IGHJ4*01 (92.9%) Q120>C (233"), CDR-IMGT [8.8.9] (151"-158".176"-183".222"-230")) (126"-241")]] -G1(h-CH2-CH3) *Homo sapiens* IGHG1*03v h-CH2-CH3-CHS, nG1m1 CH3 E12, M14, 15-G1v37 h S5, 6-G1v14-67 CH2 A1.3, A1.2, S27, 14-G1v32 CH3 W22 (knob) [(hinge 1-15 C5>S (246") (242"-256"), CH2 L1.3>A (260"), L1.2>A (261"), D27>S (291") (257"-366"), CH3 E12 (382"), M14 (384"), T22>W (392") (367"-471"), CHS (472"-473")) (242"-473")]; dimer (229-252":232-255")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa
antineoplastic

ezlatamig

immunoglobuline (H-gamma1_L-kappa)_scFvkh-G1(h-CH2-CH3), anti-[*Homo sapiens* CALR (calréticuline, autoantigène Ro, RO, Sjögren syndrome antigène A, SSA)] et anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], anticorps monoclonal humanisé et *Homo sapiens*, bispécifique;
chaîne lourde H-gamma1 humanisée anti-CALR (hole) (H) (1-

450) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (80.4%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.14] (26-33.51-57.96-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, 6-G1v14-67 CH2 A1.3, A1.2, S27, 14-G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole), 10-G1v83 CH3 R115, F116 (CH1 R120>K (217) (121-218), charnière 1-15 (219-233), CH2 L1.3>A (237), L1.2>A (238), D27>S (268) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361), T22>S (369), L24>A (371), Y86>V (410), H115>R (438), Y116>F (439) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-217')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa anti-CALR humanisée (H') (1'-217') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (82.2%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.3.10] (27'-34'.52'-54'.91'-100')) (1'-110') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (156'), V101 (194')) (111'-217')]; chaîne lourde scFvkh humanisée et *Homo sapiens* anti-CD3E -G1(h-CH2-CH3) (knob) (H'') (1''-473'') [scFvkh humanisé et *Homo sapiens* anti-CD3E, 11-scFv-v3 C48(VL)-C10 linker, C13 linker-C120 (VH) (1''-241'') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (85.3%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27''-32''.50''-52''.89''-97'') K48>C (42'') (1''-107'') -18-mer (triglycyl-séryl-diglycyl-séryl-diglycyl-cystéinyl C10 (117'')-diprollyl-cystéinyl C13 (120'')-diglycyl-séryl-diglycyl) linker (108''-125'') -VH (*Homo sapiens* IGHV3-21*01 (89.8%) -IGHD -IGHJ4*01 (92.9%) Q120>C (233''), CDR-IMGT [8.8.9] (151''-158''.176''-183''.222''-230'') (126''-241'')] -G1(h-CH2-CH3) *Homo sapiens* IGHG1*03v h-CH2-CH3-CHS, nG1m1 CH3 E12, M14, 15-G1v37 h S5, 6-G1v14-67 CH2 A1.3, A1.2, S27, 14-G1v32 CH3 W22 (knob) [(charnière 1-15 C5>S (246'') (242''-256''), CH2 L1.3>A (260''), L1.2>A (261''), D27>S (291'') (257''-366''), CH3 E12 (382''), M14 (384''), T22>W (392'') (367''-471''), CHS (472''-473'') (242''-473'')]; dimère (229-252'':232-255'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa antinéoplasique

ezlatamig

inmunoglobulina (H-gamma1_L-kappa)_scFvkh-G1(h-CH2-CH3), anti-[*Homo sapiens* CALR (calreticulina, autoantígeno Ro, RO, Antígeno A del síndrome de Sjögren, SSA)] y anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], anticuerpo monoclonal humanizado y *Homo sapiens*, biespecífico; cadena pesada H-gamma1 humanizada anti-CALR (hole) (H) (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (80.4%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.14] (26-33.51-57.96-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, 6-G1v14-67 CH2 A1.3, A1.2, S27, 14-G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole), 10-G1v83 CH3 R115, F116 (CH1 R120>K (217) (121-218), bisagra 1-15 (219-233), CH2 L1.3>A (237), L1.2>A (238), D27>S (268) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361), T22>S (369), L24>A (371), Y86>V (410), H115>R (438), Y116>F (439) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-217')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa anti-CALR humanizada (H') (1'-217') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (82.2%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.3.10] (27'-34'.52'-54'.91'-100')) (1'-110') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (156'), V101 (194')) (111'-217')]; cadena pesada scFvkh humanizada y *Homo sapiens* anti-CD3E -G1(h-CH2-CH3) (knob) (H'') (1''-473'') [scFvkh humanizado y *Homo sapiens* anti-CD3E, 11-scFv-v3 C48(VL)-C10 enlace, C13 enlace-C120 (VH) (1''-241'') [V-KAPPA

(*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (85.3%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27"-32".50"-52".89"-97") K48>C (42")) (1"-107") -18-mer (triglicil-seril-diglicil-seril-diglicil-cisteinil C10 (117")-diprolil-cisteinil C13 (120")-diglicil-seril-diglicil) enlace (108"-125") -VH (*Homo sapiens* IGHV3-21*01 (89.8%) -IGHD -IGHJ4*01 (92.9%) Q120>C (233"), CDR-IMGT [8.8.9] (151"-158".176"-183".222"-230")) (126"-241")) -G1(h-CH2-CH3) *Homo sapiens* IGHG1*03v h-CH2-CH3-CHS, nG1m1 CH3 E12, M14, 15-G1v37 h S5, 6-G1v14-67 CH2 A1.3, A1.2, S27, 14-G1v32 CH3 W22 (knob) [(bisagra 1-15 C5>S (246") (242"-256"), CH2 L1.3>A (260"), L1.2>A (261"), D27>S (291") (257"-366"), CH3 E12 (382"), M14 (384"), T22>W (392") (367"-471"), CHS (472"-473")) (242"-473"))]; dimère (229-252":232-255")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa *antineoplásico*

3081327-08-1

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: H-gamma anti-CALR (hole) (H)

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAVSGIDLS NNAISWVRQA PGKGLLEYVGV 50
 IGNTGDTYYA DSAKGRFTIS RDSSTTLTYL QMNSLRAEDT AVYFCVRGPP 100
 SYSSSVKNIW GQGTILVTSS ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK 150
 DYFPEPTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSVVT VPSSSLGTQT 200
 YICNVNHKPS NTKVDKKVEP KSCDKTHTCP PCPAPEAAGG PSVFLFPPKP 250
 KDTLMISRTPEVTCVVSVS HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN 300
 STYRVSVLT VLHQDWLNGK EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ 350
 VYTLPPSREE MTKNQVSLSC AVKGFYPDSI AVEWESNGQP ENNYKTPPV 400
 LDSGGSFFLV SKLTVDKSRW QQGNVFSCSV MHEALHNRT QKSLSLSPGK 450

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: L-kappa anti-CALR (L')

DIQMTQSPSS VSASVGDRTV ITCQSSQSVY NNNWLSWLQQ KPGKAPKRLLI 50
 YDASKLESGV PSRFGSGSGS TDFTLTISSV QPEDAATYYC AGGFTGNVYT 100
 FGGGKTKVEIK RTVAAPSVFI FPPSDEQLKS GTASVVCLLN NFYPREAKVQ 150
 WKVDNALQSG NSQESVTEQD SKDSTYSLSS TLTLSKADYE KHKVYACEVT 200
 HQGLSSPVTK SFNRGEC 217

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: scFvkh anti-CD3E-G1(h-CH2-CH3) (knob) (H")

DIQMTQSPSS LSASVGDRTV ITCRARQSIG TAIHWYQKPK GCAPKLLIKY 50
 ASESISGVPS RFSGSGSGSD FTLTISSLQP EDFATYYCQQ SGSWPYTFGQ 100
 GTKLEIKGGG SGGSGGCPPC GSGGGEVQLV ESGGLVKPG GSLRLSCAAS 150
 GFTFSRYNMN WVRQAPGKGL EWWSSISTSS NYIYYADSVK GRFTFSRDN 200
 KNSLDLQMSG LRAEDTAIYY CTRGWGPFDD WCGTLVTVS SEPSSSKTH 250
 TCPPCPAPEA AGGPSVFLFP PKPKDTLMIS RTPEVTCVTV SVSHEDPEVK 300
 FNWYVDGVEV HNAKTKPREE QYNSTYRVVS VLTVLHQDWL NGKEYCKKVS 350
 NKALPAPIEK TISKAKGQPR EPQVYTLPPS REEMTKNQVS LWCLVKGFYP 400
 SDIAVEWESN GQPENNYKTT PPVLDSDGSF FLYSKLTVDK SRWQQGNVFS 450
 CSMHEALHN HTQKSLSLSG PGK 473

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22-95 147-203 264-324 370-428

Intra-H" (C23-C104) 23"-88" 147"-221" 287"-347" 393"-451"

Intra-L' (C23-C104) 23'-90' 137'-197'

Intra-H" (VL C48-linker C10)* 42"-117"

Intra-H" (linker C13-VH C120)* 120"-233"

Intra-H-L' (h 5-CL 126) 223-217"

Inter-H-H" (h 11, h 14) 229-252" 232-255"

*Engineered additional disulfide bonds to stabilize the scFv (variant 11-scFv-v3).

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 300, 323"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
 H CHS K2: 450, 473"

fadeucravacitinibum

fadeucravacitinib

2²-(²H₃)methoxy-*N*,1¹-dimethyl-6-oxo-1¹*H*-3,5-diaza-4(5,3)-pyridazina-1(3)-[1,2,4]triazola-2(1,3)-benzena-7(1)-cyclopropanaheptaphane-4⁶-carboxamide
Janus kinase inhibitor, anti-inflammatory, immunosuppressant

fadeucravacitinib

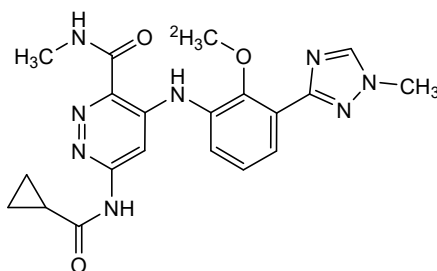
2²-(²H₃)méthoxy-*N*,1¹-diméthyl-6-oxo-1¹*H*-3,5-diaza-4(5,3)-pyridazina-1(3)-[1,2,4]triazola-2(1,3)-benzéna-7(1)-cyclopropanaheptaphane-4⁶-carboxamide
inhibiteur de la tyrosine kinase Janus, anti-inflammatoire, immunosuppresseur

fadeucravacitinib

2²-(²H₃)metoxi-*N*,1¹-dimetil-6-oxo-1¹*H*-3,5-diaza-4(5,3)-piridazina-1(3)-[1,2,4]triazola-2(1,3)-bencena-7(1)-ciclopropanaheptafano-4⁶-carboxamida
inhibidor de la tirosina kinasa Janus, antiinflamatorio, inmunosupresor

C₂₀H₁₉²H₃N₈O₃

2704587-24-4

**faldoritinibum**

faldoritinib

3-[3-(2-((2*S*)-2-[(2*E*)-4-(dimethylamino)-*N*-methylbut-2-enamido]propanamido)ethyl)anilino]-6-ethyl-5-[methyl(propan-2-yl)amino]pyrazine-2-carboxamide
tyrosine kinase inhibitor, antineoplastic

faldoritinib

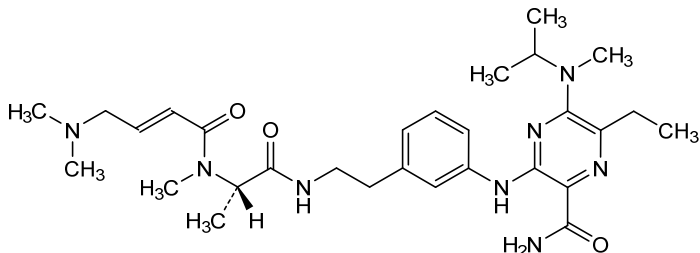
3-[3-(2-((2*S*)-2-[(2*E*)-4-(diméthylamino)-*N*-méthylbut-2-énamido]propanamido)éthyl)anilino]-6-éthyl-5-[méthyl(propan-2-yl)amino]pyrazine-2-carboxamide
inhibiteur de tyrosine kinase, antinéoplasique

faldoritinib

3-[3-(2-((2*S*)-2-[(2*E*)-4-(dimetilamino)-*N*-metilbut-2-enamido]propanamido)etil)anilino]-6-etil-5-[metil(propan-2-il)amino]pirazina-2-carboxamida
inhibidor de la tirosina kinasa, antineoplásico

C₂₉H₄₄N₈O₃

2910764-59-7



faronoltinibum

faronoltinib

2-[[{1-[2-fluoro-4-({5-methyl-4-[1-(propan-2-yl)-1H-pyrazol-4-yl]pyrimidin-2-yl}amino)phenyl]piperidin-4-yl}(methyl)amino]ethan-1-ol

Janus tyrosine kinase and FMS-like tyrosine kinase inhibitor, antineoplastic

faronoltinib

2-[[{1-[2-fluoro-4-({5-méthyl-4-[1-(propan-2-yl)-1H-pyrazol-4-yl]pyrimidin-2-yl}amino)phényl]pipéridin-4-yl}(méthyl)amino]éthan-1-ol

inhibiteur des tyrosine kinases Janus et FMS-like, antinéoplasique

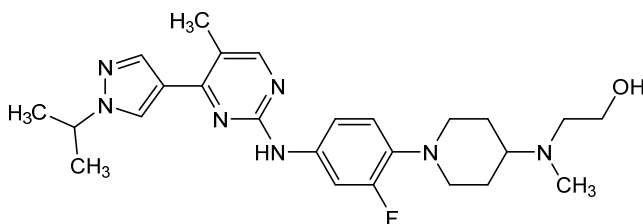
faronoltinib

2-[[{1-[2-fluoro-4-({5-metil-4-[1-(propan-2-il)-1H-pirazol-4-il]pirimidin-2-il}amino)fenil]piperidin-4-il}(metil)amino]etan-1-ol

inhibidor de la tirosina kinasa Janus y la tirosina kinasa similar a FMS, antineoplásico

C₂₅H₃₄FN₇O

2387765-27-5

**femopixantum**

femopixant

5-[[2-ethynyl-5-(propan-2-yl)pyridin-4-yl]oxy]pyrimidine-2,4-diamine

purinoreceptor (P2X) antagonist, chronic cough

fémopixant

5-[[2-éthynyl-5-(propan-2-yl)pyridin-4-yl]oxy]pyrimidine-2,4-diamine

antagoniste du purinorécepteur (P2X), toux chronique

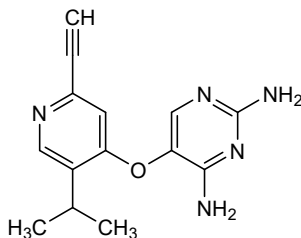
femopixant

5-[[2-etinil-5-(propan-2-il)piridin-4-il]oxi]pirimidina-2,4-diamina

antagonista del purinoreceptore (P2X), tos crónica

C₁₄H₁₅N₅O

2310392-52-8



fexategravirum

fexategravir

(1*S*,3*aS*)-*N*-[(3-chloro-2-fluorophenyl)methyl]-6-hydroxy-1-(methoxymethyl)-4-methyl-5,7-dioxo-2,3,3*a*,4,5,7-hexahydro-1*H*-pyrido[2,1-*f*]pyrrolo[1,2-*b*][1,2,4]triazine-8-carboxamide
HIV integrase inhibitor, antiviral

fexatégravir

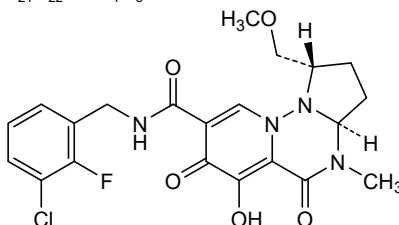
(1*S*,3*aS*)-*N*-[(3-chloro-2-fluorophényl)méthyl]-6-hydroxy-1-(méthoxyméthyl)-4-méthyl-5,7-dioxo-2,3,3*a*,4,5,7-hexahydro-1*H*-pyrido[2,1-*f*]pyrrolo[1,2-*b*][1,2,4]triazine-8-carboxamide
inhibiteur de l'intégrase du VIH, antiviral

fexategravir

(1*S*,3*aS*)-*N*-[(3-cloro-2-fluorofenil)metil]-6-hidroxi-4-metil-1-(metoximetil)-5,7-dioxo-2,3,3*a*,4,5,7-hexahidro-1*H*-pirido[2,1-*f*]pirrolo[1,2-*b*][1,2,4]triazina-8-carboxamida
inhibidor de la integrasa del VIH, antiviral

C₂₁H₂₂ClFN₄O₅

2395803-51-5

**fidinvaptanum**

fidinvaptan

N-{5-[(3*aS*,10*bR*)-9-chloro-2,3,3*a*,4,5,10*b*-hexahydropyrrolo[3,2-*d*][1]benzazepine-6(1*H*)-carbonyl]pyridin-2-yl}-2-(trifluoromethyl)benzamide
vasopressin receptor antagonist

fidinvaptan

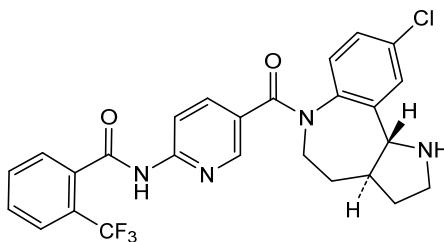
N-{5-[(3*aS*,10*bR*)-9-chloro-2,3,3*a*,4,5,10*b*-hexahydropyrrolo[3,2-*d*][1]benzazépine-6(1*H*)-carbonyl]pyridin-2-yl}-2-(trifluorométhyl)benzamide
antagoniste du récepteur de la vasopressine

fidinvaptán

N-{5-[(3*aS*,10*bR*)-9-cloro-2,3,3*a*,4,5,10*b*-hexahidropirrolo[3,2-*d*][1]benzazepina-6(1*H*)-carbonil]piridin-2-il}-2-(trifluorometil)benzamida
antagonista del receptor de vasopresina

C₂₆H₂₂ClF₃N₄O₂

2826938-65-0



figavetbartum #

figavetbart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Felis catus* NGF (nerve growth factor, NGFB, nerve growth factor beta polypeptide)], felinized monoclonal antibody;

H-gamma1 heavy chain felinized (1-458) [VH (*Felis catus* IGHV3S21 (80.4%) -(IGHD) -IGHJ1*01 T122>A (117), CDR-IMGT [8.7.17] (26-33.51-57.96-112)) (1-123) -*Felis catus* IGHG1*01 6-G1v1 A1.3, A1.2, 9-G1v22 E77, V94, Y107 (CH1 (124-221), hinge 1-18 (222-239), CH2 M1.3>A (243), L1.2>A (244), T77>E (295), Q94>V (320) (240-349), CH3 S107>Y (439) (350-456), CHS (457-458)) (124-458)], (138-214')-disulfide with L-kappa light chain felinized (1'-217') [V-KAPPA felinized (*Felis catus* IGKV1-10*01 (80.0%) -IGKJ4*01 (90.9%) P120>G (100'), K127>T (107'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Felis catus* IGKC*01 (100%) (C-KAPPA) (108'-217')]; dimer (233-233":235-235": 238-238")-tridisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa analgesic (veterinary use)

figavetbart

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Felis catus* NGF (facteur de croissance du nerf, NGFB, polypeptide bêta du facteur de croissance du nerf)]; anticorps monoclonal félinisé; chaîne lourde H-gamma1 félinisée (1-458) [VH (*Felis catus* IGHV3S21 (80.4%) -(IGHD) -IGHJ1*01, T122>A (117), CDR-IMGT [8.7.17] (26-33.51-57.96-112)) (1-123) -*Felis catus* IGHG1*01 6-G1v1 A1.3, A1.2, 9-G1v22 E77, V94, Y107 (CH1 (124-221), charnière 1-18 (222-239), CH2 M1.3>A (243), L1.2>A (244), T77>E (295), Q94>V (320) (240-349), CH3 S107>Y (439) (350-456), CHS (457-458)) (124-458)], (138-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa félinisée (1'-217') [V-KAPPA (*Felis catus* IGKV1-10*01 (80.0%) -IGKJ4*01 (90.9%) P120>G (100'), K127>T (107'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Felis catus* IGKC*01 (100%) (C-KAPPA) (108'-217')]; dimère (233-233":235-235": 238-238")-tridisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa analgésique (usage vétérinaire)

figavetbart

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Felis catus* NGF (factor de crecimiento nervioso, NGFB, polipéptido beta del factor de crecimiento nervioso)]; anticuerpo monoclonal felinizado; cadena pesada H-gamma1 felinizada (1-458) [VH (*Felis catus* IGHV3S21 (80.4%) -(IGHD) -IGHJ1*01, T122>A (117), CDR-IMGT [8.7.17] (26-33.51-57.96-112)) (1-123) -*Felis catus* IGHG1*01 6-G1v1 A1.3, A1.2, 9-G1v22 E77, V94, Y107 (CH1 (124-221), bisagra 1-18 (222-239), CH2 M1.3>A (243), L1.2>A (244), T77>E (295), Q94>V (320) (240-349), CH3 S107>Y (439) (350-456), CHS (457-458)) (124-458)], (138-214')- disulfuro con la cadena ligera L-kappa felinizada (1'-217') [V-KAPPA (*Felis catus* IGKV1-10*01 (80.0%) -IGKJ4*01 (90.9%) P120>G (100'), K127>T (107'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Felis catus* IGKC*01 (100%) (C-KAPPA) (108'-217')]; dímero (233-233":235-235": 238-238")-tridisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa analgésico (uso veterinario)

2855989-57-8

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H")		
DVQLVESGGD	LVKPGGSLRL	TCVASGLSLT SDSMSWVRQA PGKGLQWVST 50
LWSNRGTYT	DSVKGRFTIS	KDNAENTLYL QMNNLKTEDT ATYYCASIYY 100
YEADYLHWYF	DFWGQGLVLT	VSSASTTAPS VFPLAPSCGT TSGATVALAC 150
LVLGYFPEPV	TVSWNSGALT	SGVHTFPAVL QASGLYSLSS MVTVPSSRWL 200
SDTFTCNVAH	PPSNTKVDKT	VRKTDHPPGP KPDCPKCPP PEAAGGPSIF 250
IFPPKPKDTL	SISRTPEVTC	LVVDLGPDDSDVQITWFVDN TQVYEAKTSP 300
REEQFNSTYR	VVSVLPILHV	DWLKGKEFKC KVNKSLPSP IERTISKAAG 350
QPHEPQVYVL	PPAQEELSRN	KVSVTCLIKS FHPPDIAVEW EITGQPEPEN 400
NYRTTPPQLD	SDGTYFVYSK	LSVDRSHWQR GNTYTCSVYH EALHSHHTQK 450
SLTQSPGK		458

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L")		
EIQMTQSPTS	LSASVGDVRT	ITCRASEGIA NNLWSYQOTP GKAPKLLIYA 50
TSNLHSGVPS	RFSGSGSGTD	FTLTISLQPEDFATYYCQQ GFKWPLTFGG 100
GTKLEITRSD	AQPSVFLFQP	SLDELHTGSA SIVCILNDFY PKEVNVKWKV 150
DGVVQNKGIQ	ESTTEQNSKD	STYSLSSTLT MSSTEYQSHE KFSCEVTHKS 200
LASTLVKSFN	RSECQRE	217

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-95 150-206 270-330 376-436
22"-95" 150"-206" 270"-330" 376"-436"
Intra-L (C23-C104) 23'-88' 134'-194'
23"'-88'" 134"'-194'"
Inter-H-L (CH1 11-CL 126) 138-214' 138"-214"
Inter-H-H (h 12, h 14, h 17) 233-233" 235-235" 238-238"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 306, 306"
L VL N38: 32', 32"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires
complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarijos complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 458, 458"

filucimodum alfa #
filucimod alfa

human immunoglobulin G1 (IgG1) Fc fragment (hinge-CH2-CH3-CHS domains) [*Homo sapiens*IGHG1*01 (hinge (7-21), CH2 F²³>A (22-131), CH3 (132-236), CHS (237-238)) (7-238)], with ¹KVDKKV⁶>added for stability, dimer (11-11', 17-17', 20-20')-trisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells in an engineered CHO K1 cell line lacking glutamine synthetase (GS-KO) and coexpressing beta-galactoside alpha-2,6-sialyltransferase 1 (ST6GAL1) and beta-1,4-galactosyltransferase 1 (B4GALT1) to increase 2,6 sialylation, glycoform alfa
immunomodulator, anti-inflammatory

filucimod alfa

fragment Fc de l'immunoglobuline G1 (IgG1) humaine (domaines charnière-CH2-CH3-CHS) [*Homo sapiens*IGHG1*01 (charnière (7-21), CH2 F²³>A (22-131), CH3 (132-236), CHS (237-238)) (7-238)], avec ¹KVDKKV⁶>ajouté pour la stabilité, dimère (11-11', 17-17', 20-20')-trisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dans une lignée cellulaire CHO K1 modifiée dépourvue de glutamine synthétase (GS-KO) et co-exprimant la β-galactoside α-2,6-sialyltransférase 1 (ST6GAL1) et la β-1,4-galactosyltransférase 1 (B4GALT1) pour augmenter la sialylation en 2,6, glycoforme alfa
immunomodulateur, anti-inflammatoire

filucimod alfa

fragmento Fc de la inmunoglobulina G1 (IgG1) humana (dominios bisagra-CH2-CH3-CHS) [*Homo sapiens*IGHG1*01 (bisagra (7-21), CH2 F²³>A (22-131), CH3 (132-236), CHS (237-238)) (7-238)], con ¹KVDKKV⁶>añadido para mayor estabilidad, dímero (11-11', 17-17', 20-20')-trisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster

chino (CHO), en una línea celular CHO K1 modificada, carente de glutamina sintasa (GS-KO) y coexpresada la β -galactosida α -2,6-sialiltransferasa 1 (ST6GAL1) y la β -1,4-galactosiltransferasa 1 (B4GALT1) para aumentar la sialilación 2,6, glicoforma alfa
inmunomodulador, antiinflamatorio

3082438-06-7

Sequence / Séquence / Secuencia

KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPELLGGPS **V**ALFPPKPKD TLMISRTPEV 50
TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST YRVVSVLTVL 100
HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPSRDEL 150
KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK 200
LTVDKSRWQQ GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 238

Mutations / Mutations / Mutaciones

¹**KVDKKV**⁶>added, F³²>**A**; ¹**KVDKKV**^{6'}>added, F^{32'}>**A**

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-chain: 52-112, 158-216

52'-112', 158'-216'

Inter-chain: 11-11', 17-17', 20-20'

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

N88, N88' (2,6 sialylated)

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: K238, K238'

fimosudilum

fimosudil

7³,7³-difluoro-5¹-methyl-1¹H,5¹H-3-aza-5(6,2)-indola-4(4,2)-pyrimidina-1(4)-pyrazola-7(1)-azetidina-2(1,4)-benzenaheptaphan-6-one

Rho-associated protein kinase inhibitor

fimosudil

7³,7³-difluoro-5¹-méthyl-1¹H,5¹H-3-aza-5(6,2)-indola-4(4,2)-pyrimidina-1(4)-pyrazola-7(1)-azétidina-2(1,4)-benzènaheptaphan-6-one

inhibiteur de la protéine kinase associée à Rho

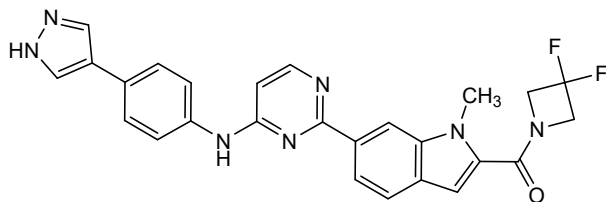
fimosudil

7³,7³-difluoro-5¹-metil-1¹H,5¹H-3-aza-5(6,2)-indola-4(4,2)-pirimidina-1(4)-pirazola-7(1)-azetidina-2(1,4)-bencenaheptafan-6-ona

inhibidor de la proteína kinasa asociada al Rho

C₂₆H₂₁F₂N₇O

2260506-59-8



finbosertibum

finbosertib

2-(piperazin-1-yl)ethyl 3-fluoro-5-{2-[3-(6-methylpyridin-2-yl)-4-(quinolin-4-yl)-1*H*-pyrazol-1-yl]acetamido}benzoate
serine/threonine kinase inhibitor

finbosertib

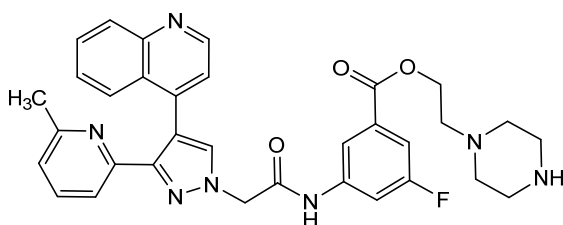
3-fluoro-5-{2-[3-(6-méthylpyridin-2-yl)-4-(quinolin-4-yl)-1*H*-pyrazol-1-yl]acétamido}benzoate de 2-(pipérazin-1-yl)éthyle
inhibiteur de kinases sérine/thréonine

finbosertib

3-fluoro-5-{2-[3-(6-metilpiridin-2-il)-4-(quinolin-4-il)-1*H*-pirazol-1-il]acetamido}benzoato de 2-(piperazin-1-il)etilo
inhibidor de la kinasa de serina/treonina

C₃₃H₃₂FN₇O₃

2766583-86-0

**flixebrutinibum**

flixebrutinib

1-[4⁶-amino-7⁴-fluoro-2-oxa-5-aza-4(5,4)-pyrimidina-7(4)-piperidina-1(1),3(1,4)-dibenzenaheptaphan-7¹-yl]prop-2-en-1-one
Bruton's tyrosine kinase inhibitor

flixébrutinib

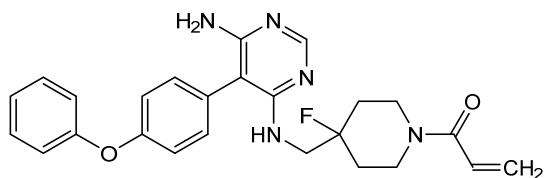
1-[4⁶-amino-7⁴-fluoro-2-oxa-5-aza-4(5,4)-pyrimidina-7(4)-pipéridina-1(1),3(1,4)-dibenzénaheptaphan-7¹-yl]prop-2-én-1-one
inhibiteur de la tyrosine kinase de Bruton

flixebrutinib

1-[4⁶-amino-7⁴-fluoro-2-oxa-5-aza-4(5,4)-pirimidina-7(4)-piperidina-1(1),3(1,4)-dibencenaheptafan-7¹-il]prop-2-en-1-ona
inhibidor de la tirosina kinasa de Bruton

C₂₅H₂₆FN₅O₂

1415823-49-2



foberiganum

foberigan

(1*R*,2*S*,5*S*)-8-[benzyl(méthyl)carbamoyl]-3-(diphénylcarbamoyl)-3,8-diazabicyclo[3.2.1]octane-2-carboxylic acid
angiotensin II type 2 receptor antagonist, analgesic

fobérgan

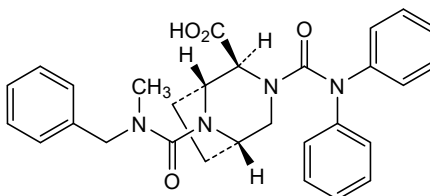
acide (1*R*,2*S*,5*S*)-8-[benzyl(méthyl)carbamoyl]-3-(diphénylcarbamoyl)-3,8-diazabicyclo[3.2.1]octane-2-carboxylique
antagoniste du récepteur de type 2 de l'angiotensine II, analgésique

foberigán

ácido (1*R*,2*S*,5*S*)-8-[bencil(metil)carbamoil]-3-(difenílcarbamoil)-3,8-diazabicyclo[3.2.1]octano-2-carboxílico
antagonista del receptor de angiotensina II tipo 2, analgésico

C₂₉H₃₀N₄O₄

2376314-65-5

**fonagepantum**

fonagepant

S³,S¹⁰-cyclo[N-(1,3-oxazole-2-carbonyl)-D-valyl-2-carbamoyl-L-phenylalanyl-L-cysteinyl-N⁶-(propan-2-yl)-L-ornithyl-L-α-aspartyl-L-valylglycyl-L-prolyl-L-phenylalanyl-L-cysteinyl-3-(pyridin-3-yl)-L-alaninamide]
calcitonin gene-related peptide (CGRP) receptor antagonist

fonagépant

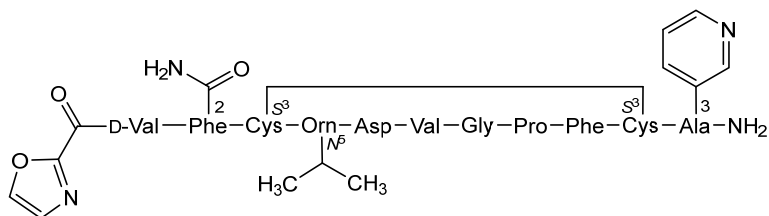
S³,S¹⁰-cyclo[N-(1,3-oxazole-2-carbonyl)-D-valyl-2-carbamoyl-L-phénylalanil-L-cystéinyl-N⁶-(propan-2-yl)-L-ornithyl-L-α-aspartyl-L-valylglycyl-L-prolyl-L-phénylalanil-L-cystéinyl-3-(pyridin-3-yl)-L-alaninamide]
antagoniste du récepteur du CGRP (peptide lié au gène de la calcitonine)

fonagepant

S³,S¹⁰-ciclo[N-(1,3-oxazol-2-carbonil)-D-valil-2-carbamoil-L-fenilalanil-L-cisteinil-N⁶-(propan-2-il)-L-ornitil-L-α-aspartil-L-valilglicil-L-prolil-L-fenilalanil-L-cisteinil-3-(piridin-3-il)-L-alaninamida]
antagonista del receptor del péptido relacionado con el gen de la calcitonina (CGRP)

C₆₆H₈₈N₁₆O₁₆S₂

1966181-14-5



fosdemannosum

fosdemannose

α -D-mannopyranosyl dihydrogen phosphate
congenital glycosylation disorders

fosdémannose

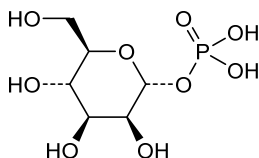
dihydrogénophosphate de α -D-mannopyranosyle
troubles congénitaux de la glycosylation

fosdemanosa

dihidrogenofosfato de α -D-manopiranosilo
alteraciones congénitas de la glucosilación



15978-07-1



fudotinibum

fudotinib

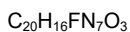
(3'aR)-5'-fluoro-12-oxo-3',3'a,11',12'-tetrahydro-2'H,9'H-spiro[cyclopropane-1,10'-[15,17]etheno[1,2]oxazolo[2,3-*j*]pyrazolo[4,3-*f*]pyrido[3,2-*h*][1,4,8,10]oxatriazacyclotridecine]-13'-carbonitrile
tyrosine kinase inhibitor, antineoplastic

fudotinib

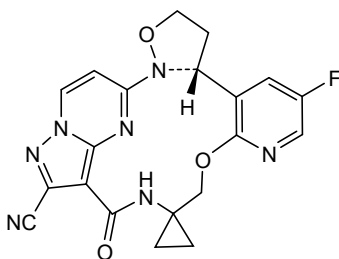
(3'aR)-5'-fluoro-12-oxo-3',3'a,11',12'-tétrahydro-2'H,9'H-spiro[cyclopropane-1,10'-[15,17]éthéno[1,2]oxazolo[2,3-*f*]pyrazolo[4,3-*f*]pyrido[3,2-*h*][1,4,8,10]oxatriazacyclotridécine]-13'-carbonitrile
inhibiteur de tyrosine kinase, antinéoplasique

fudotinib

(3'aR)-5'-fluoro-12'-oxo-3',3'a,11',12'-tetrahidro-2'H,9'H-spiro[ciclopropano-1,10'-[15,17]eteno[1,2]oxazolo[2,3-*j*]pirazolo[4,3-*f*]pirido[3,2-*l*][1,4,8,10]oxatriazaciclodecina]-13'-carbonitrilo
inhibidor de la tirosina kinasa, antineoplásico



2644645-39-4

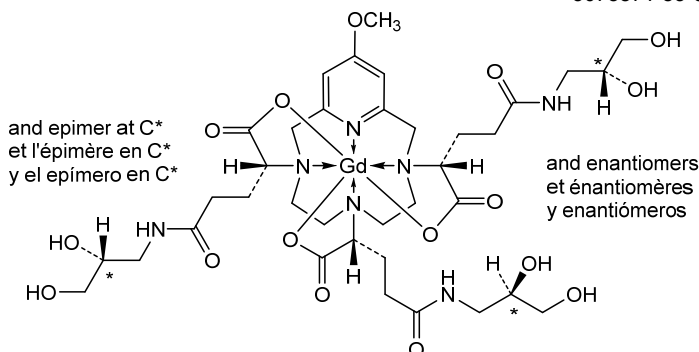


gadoglumerolum

gadoglumerol *rac*-[(2*R*,2'*R*,2''*R*)-2,2',2''-[(3*R*,6*R*,9*S*)-13-methoxy-3,6,9,15-tetraazabicyclo[9.3.1]pentadeca-1(15),11,13-triene-3,6,9-triyl-κ⁴*N*³,*N*⁶,*N*⁹,*N*¹⁵]tris(5-[(2*E*)-2,3-dihydroxypropyl]amino)-5-oxopentanoato-κO)]gadolinium
radiolabelled diagnostic agent

gadogluméról *rac*-[(2*R*,2'*R*,2''*R*)-2,2',2''-[(3*R*,6*R*,9*S*)-13-méthoxy-3,6,9,15-tétraazabicyclo[9.3.1]pentadéca-1(15),11,13-triène-3,6,9-triyl-κ⁴*N*³,*N*⁶,*N*⁹,*N*¹⁵]tris(5-[(2*E*)-2,3-dihydroxypropyl]amino)-5-oxopentanoato-κO)]gadolinium
produit radiomarqué à usage diagnostique

gadoglumerol *rac*-[(2*R*,2'*R*,2''*R*)-2,2',2''-[(3*R*,6*R*,9*S*)-13-metoxi-3,6,9,15-tetraazabicyclo[9.3.1]pentadeca-1(15),11,13-trieno-3,6,9-triil-κ⁴*N*³,*N*⁶,*N*⁹,*N*¹⁵]tris(5-[(2*E*)-2,3-dihydroxypropil]amino)-5-oxopentanoato-κO)]gadolinio
radiofármaco de uso diagnóstico

C₃₆H₅₆GdN₇O₁₆3075871-82-5 and
3075871-83-6**galeflapritum**

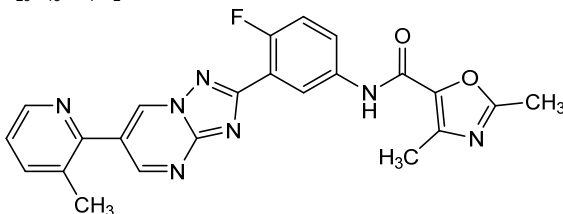
galeflaprit *N*-{4-fluoro-3-[6-(3-methylpyridin-2-yl)[1,2,4]triazolo[1,5-*a*]pyrimidin-2-yl]phenyl}-2,4-dimethyl-1,3-oxazole-5-carboxamide
kinetoplastid proteasome inhibitor, antiparasitic

galéflaprit *N*-{4-fluoro-3-[6-(3-méthylpyridin-2-yl)[1,2,4]triazolo[1,5-*a*]pyrimidin-2-yl]phényl}-2,4-diméthyl-1,3-oxazole-5-carboxamide
inhibiteur du protéasome des kinétoplastidés, antiparasitaire

galeflaprit *N*-{4-fluoro-3-[6-(3-metilpiridin-2-il)[1,2,4]triazolo[1,5-*a*]pirimidin-2-il]fenil}-2,4-dimetil-1,3-oxazol-5-carboxamida
inhibidor del proteasoma cinetoplástico, antiparasitario

C₂₃H₁₈FN₇O₂

1799330-15-6



gallium (^{68}Ga) talogreptidum vizaxetanumgallium (^{68}Ga) talogreptide vizaxetan

[N-{{4-(2-{4,7,10-tris[(carboxylato- κO)methyl]-1,4,7,10-tetraazacyclododecan-1-yl- $\kappa^4\text{N}^1, \text{N}^4, \text{N}^7, \text{N}^{10}$)}acetamido- κO)piperidin-1-yl}acetyl)-D-phenylalanyl-L-glutaminy-L-tryptophyl-L-alanyl-L-valylglycyl-L-histidyl-(3S,4S)-4-amino-3-hydroxy-6-methylheptanoyl-L-leucinamide}(^{68}Ga)gallium
diagnostic imaging agent

gallium (^{68}Ga) talogreptide vizaxétan

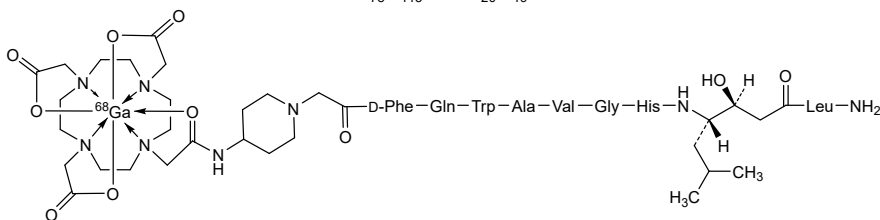
[N-{{4-(2-{4,7,10-tris[(carboxylato- κO)méthyl]-1,4,7,10-tétraazacyclododécan-1-yl- $\kappa^4\text{N}^1, \text{N}^4, \text{N}^7, \text{N}^{10}$)}acétamido- κO)pipéridin-1-yl}acétyl)-D-phénylalanyl-L-glutaminyl-L-tryptophyl-L-alanyl-L-valylglycyl-L-histidyl-(3S,4S)-4-amino-3-hydroxy-6-méthylheptanoyl-L-leucinamide}(^{68}Ga)gallium
agent d'imagerie diagnostique

galio (^{68}Ga) talogreptida vizaxetán

[N-{{4-(2-{4,7,10-tris[(carboxilato- κO)metil]-1,4,7,10-tetraazaciclododecan-1-il- $\kappa^4\text{N}^1, \text{N}^4, \text{N}^7, \text{N}^{10}$)}acetamido- κO)piperidin-1-il}acetil)-D-fenilalanil-L-glutaminil-L-triptofil-L-alanil-L-valilglicil-L-histidil-(3S,4S)-4-amino-3-hidroxi-6-metilheptanoil-L-leucinamida}(^{68}Ga)galio
agente de diagnóstico por imagen

 $\text{C}_{78}\text{H}_{115}^{68}\text{Ga}\text{N}_{20}\text{O}_{19}$

1444870-03-4

**gallium (^{68}Ga) zaregreptidum dizuxetanum**gallium (^{68}Ga) zaregreptide dizuxetan

[N-{{2-oxo-2-[4-({2-[4,7,10-tris(carboxylato- κO -methyl)-1,4,7,10-tetraazacyclododecan-1-yl- $\kappa^4\text{N}^1, \text{N}^4, \text{N}^7, \text{N}^{10}$)}acetamido- κO)methyl}anilino]ethoxy}acetyl)-D-phenylalanyl-L-glutaminy-L-tryptophyl-L-alanyl-L-valylglycyl-N-(2,6-dimethylheptan-4-yl)-L-histidinamide}(^{68}Ga)gallium
diagnostic imaging agent

gallium (^{68}Ga) zarégreptide dizuxétan

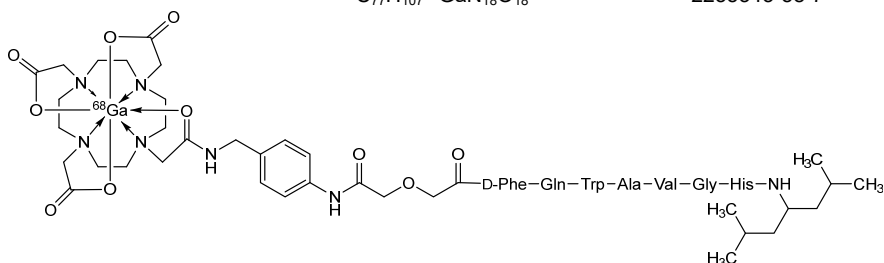
[N-{{2-oxo-2-[4-({2-[4,7,10-tris(carboxylato- κO -méthyl)-1,4,7,10-tétraazacyclododécan-1-yl- $\kappa^4\text{N}^1, \text{N}^4, \text{N}^7, \text{N}^{10}$)}acétamido- κO)méthyl}anilino]éthoxy}acétyl)-D-phénylalanyl-L-glutaminyl-L-tryptophyl-L-alanyl-L-valylglycyl-N-(2,6-diméthylheptan-4-yl)-L-histidinamide}(^{68}Ga)gallium
agent d'imagerie diagnostique

galio (^{68}Ga) zaregreptida dizuxetán

[N-{{2-oxo-2-[4-({2-[4,7,10-tris(carboxilato- κO -metil)-1,4,7,10-tetraazaciclododecan-1-il- $\kappa^4\text{N}^1, \text{N}^4, \text{N}^7, \text{N}^{10}$)}acetamido- κO)metil}anilino]etoxi}acetil)-D-fenilalanil-L-glutaminil-L-triptofil-L-alanil-L-valilglicil-N-(2,6-dimetilheptan-4-il)-L-histidinamida}(^{68}Ga)galio
agente de diagnóstico por imagen



2255343-58-7

**garutadustatum**

garutadustat

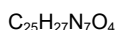
tert-butyl 4-(6-({[(6-cyanopyridin-3-yl)methyl]carbamoyl}-5-hydroxy-1,7-naphthyridin-2-yl)piperazine-1-carboxylate
hypoxia inducible factor (HIF) prolyl hydroxylase inhibitor

garutadustat

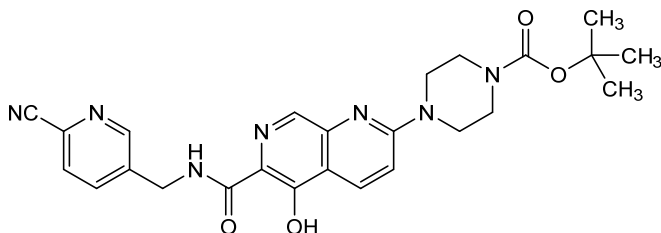
4-(6-({[(6-cyanopyridin-3-yl)méthyl]carbamoyl}-5-hydroxy-1,7-naphtyridin-2-yl)pipérazine-1-carboxylate de *tert*-butyle
inhibiteur de la prolyl-hydroxylase du facteur induit par l'hypoxie (FIH)

garutadustat

4-(6-({[(6-cianopiridin-3-il)metil]carbamoil}-5-hidroxi-1,7-naftiridin-2-il)piperazina-1-carboxilato de *tert*-butilo
inhibidor de la prolin hidroxilasa del factor inducible por hipoxia (HIF)



2924181-80-4

**gatsuciclibum**

gatsuciclib

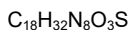
(3*S*)-*N*-ethyl-3-[(9-ethyl-2-{{[(2*R*,3*S*)-2-hydroxypentan-3-yl]amino}-9*H*-purin-6-yl)amino]pyrrolidine-1-sulfonamide
cyclin dependent kinase inhibitor, antineoplastic

gatsuciclib

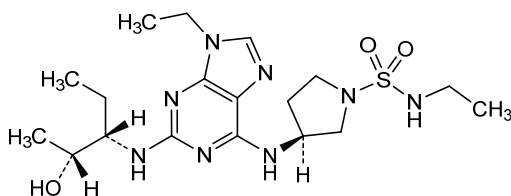
(3*S*)-*N*-éthyl-3-[(9-éthyl-2-{{[(2*R*,3*S*)-2-hydroxypentan-3-yl]amino}-9*H*-purin-6-yl)amino]pyrrolidine-1-sulfonamide
inhibiteur des kinases dépendantes des cyclines, antinéoplasique

gatsuciclib

(3*S*)-*N*-etil-3-[(9-etil-2-{{[(2*R*,3*S*)-2-hidroxi-pentan-3-il]amino}-9*H*-purin-6-il)amino]pirrolidina-1-sulfonamida
inhibidor de las kinasas dependientes de las ciclinas, antineoplásico



3047321-53-6



gavapsertibum
gavapsertib

7-[3,5-dimethyl-1-(pyridin-3-yl)-1H-pyrazol-4-yl]-5-
[(3R)-3-methylmorpholin-4-yl]-3-(1H-pyrazol-3-
yl)pyrazolo[1,5-a]pyrimidine
serine/threonine kinase inhibitor, antineoplastic

gavapsertib

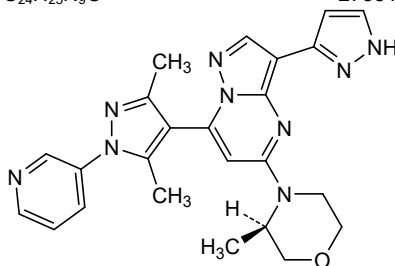
7-[3,5-diméthyl-1-(pyridin-3-yl)-1H-pyrazol-4-yl]-5-
[(3R)-3-méthylmorpholin-4-yl]-3-(1H-pyrazol-3-
yl)pyrazolo[1,5-a]pyrimidine
inhibiteur de kinases sérine/thréonine, antinéoplasique

gavapsertib

7-[3,5-dimetil-1-(piridin-3-il)-1H-pirazol-4-il]-5-[(3R)-3-
metilmorfolin-4-il]-3-(1H-pirazol-3-il)pirazolo[1,5-
a]pirimidina
*inhibidor de la kinasa de serina/treonina,
antineoplásico*

$C_{24}H_{25}N_9O$

2758113-98-1



getrokitugum #
getrokitug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CCR9
(C-C motif chemokine receptor 9)], monoclonal
antibody;

H-gamma1 heavy chain (1-453) [VH (*Homo sapiens*
IGHV1-3*01 (87.8%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%)
L123>T (118), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-
112)) (1-123) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%)
G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120
(220) (124-221), hinge 1-15 (222-236), CH2 (237-346),
CH3 E12 (362), M14 (364) (347-451), CHS (452-453))
(124-453)], (226-219')-disulfide with L-kappa light
chain (1'-219') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus*
musculus IGKV1-110*01 (90.0%) -IGKJ1*01 (91.7%)
G120>Q (105')/*Homo sapiens* IGKV2D-29*02 (86.0%)
-IGKJ2*02 (100%), CDR -IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-
57'.94'-102'')) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%)
Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101
(196')) (113'-219'')]; dimer (232-232'':235-235'')-
bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary

(CHO) cells, derived from CHO-K1 cell line, and co-expressing the RMD enzyme (GDP-6-deoxy-D-lyxo-4-hexulose reductase), glycoform alfa
immunomodulator

gétrokitug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CCR9 (récepteur 9 de chimiokine C-C motif)], anticorps monoclonal;
chaîne lourde H-gamma1 (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-3*01 (87.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) L123>T (118), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112)) (1-123) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (220) (124-221), charnière 1-15 (222-236), CH2 (237-346), CH3 E12 (362), M14 (364) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-219')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa (1'-219') [V-KAPPA *Mus mus*/Homsap (*Mus musculus* IGKV1-110*01 (90.0%) -IGKJ1*01 (91.7%) G120>Q (105')/*Homo sapiens* IGKV2D-29*02 (86.0%) -IGKJ2*02 (100%), CDR -IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102')) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')]; dimère (232-232":235-235")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, et co-exprimant l'enzyme RMD (GDP-6-désoxy-D-lyxo-4-hexulose réductase), glycoforme alfa
immunomodulateur

getrokitug

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CCR9 (receptor 9 de quimiocina C-C motif)], anticuerpo monoclonal;
cadena pesada H-gamma1 (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-3*01 (87.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) L123>T (118), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112)) (1-123) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (220) (124-221), bisagra 1-15 (222-236), CH2 (237-346), CH3 E12 (362), M14 (364) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-219')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa (1'-219') [V-KAPPA *Mus mus*/Homsap (*Mus musculus* IGKV1-110*01 (90.0%) -IGKJ1*01 (91.7%) G120>Q (105')/*Homo sapiens* IGKV2D-29*02 (86.0%) -IGKJ2*02 (100%), CDR -IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102')) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')]; dímero (232-232":235-235")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, y co-expresando la enzima RMD (GDP-6-desoxi-D-lixo-4-hexulosa reductasa), forma glicosilada alfa
immunomodulador

3060138-49-7

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H^{''})
QQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT SYWMHWVRQA PGQGLEWIGV 50
IYPGNSDTRY NQKFKGRVTI TRDTSASTAY MELSSLRSED TAVYYCTRDY 100
YSNYVYYIAM DYWGQGTITVT VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC 150
LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG 200
TQTYICNVNH KPSNTKVDKR VEPKSCDKTH TCPPCPAPEL LGGPSVFLEP 250
PKPKDTLMIS RTPEVTCVVV DVSHEDPEVK FNWYVDGVEV HNAKTKPREE 300
QYNSTYRVVS VLTVLHQDWL NGKEYKCKVS NKALPAPIEK TISKARGQPR 350
EPQVYTLPPS REEMTKQVS LTCLVKGFYP SDIAVEWESN GQPENNYKTT 400
PPVLSDSGSF FLYSKLTVDK SRWQQGNVFS CSVMHEALHN HYTKQSLSL 450
PGK 453

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L^{''})
DIVMTQTPLS LPVTPGEPAS ISCRSSQSLV HPNRRNTYLHW YLQKPGQSPQ 50
LLIYKVSNRF SGVPDRFSGS GSGTDFTLKI SRVEAEDVGV YYCSQSTHVP 100
WTFGGGTKLE IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVCL LNNFYBREAK 150
VQWKVDNALQ SGNSQESVTE QDSKDSYSL SSTLTLSKAD YEKHKVYACE 200
VTHQGLSSPV TKSFNRGEC 219

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 150-206 267-327 373-431
22"-96" 150"-206" 267"-327" 373"-431"
Intra-L (C23-C104) 23'-93' 139'-199'
23'''-93''' 139'''-199'''
Inter-H-L (h 5-CL 126) 226-219" 226"-219"
Inter-H-H (h 11, h 14) 232-232" 235-235"

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal
Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolil) / pyroglutamyle (pE, 5-oxoprolyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)
H VH Q1: 1, 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 303, 303"
Afucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes afucosylés / glicanos de tipo CHO biantenaríos complejos afucosilados
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 453, 453"

giclanfentrinum
giclanfentrine

N-2-[(2*E*)-9-ethoxy-10-methoxy-4-oxo-2-[(2,4,6-trimethylphenyl)imino]-6,7-dihydro-2*H*-pyrimido[6,1-*a*]isoquinolin-3(4*H*)-yl]ethyl]-4-hydroxy-1-methyl-1*H*-1,2,3-triazole-5-carboxamide
phosphodiesterase inhibitor

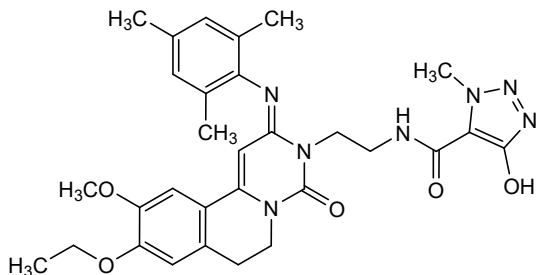
giclanfentrine

N-(2-[(2*E*)-9-éthoxy-10-méthoxy-4-oxo-2-[(2,4,6-triméthylphényl)imino]-6,7-dihydro-2*H*-pyrimido[6,1-*a*]isoquinoléin-3(4*H*)-yl]éthyl)-4-hydroxy-1-méthyl-1*H*-1,2,3-triazole-5-carboxamide
inhibiteur de phosphodiesterases

giclanfentrina

N-(2-[(2*E*)-9-etoxi-10-metoxi-4-oxo-2-[(2,4,6-trimetilfenil)imino]-6,7-dihidro-2*H*-pirimido[6,1-*a*]isoquinolein-3(4*H*)-il]etil)-4-hidroxi-1-metil-1*H*-1,2,3-triazol-5-carboxamida
inhibidor de fosfodiesterasas

C₃₀H₃₅N₇O₅ 2408152-69-0

**gimaglipronum**

gimaglipron

(1²S)-9⁴-chloro-9²-fluoro-7-oxa-3(1,2)-
[1,3]benzimidazola-5(1,4)-piperidina-1(2)-oxetana-
6(1,2),9(1)-dibenzenanonaphane-3⁶-carboxylic acid
glucagon-like peptide 1 (GLP-1) receptor agonist

gimaglipron

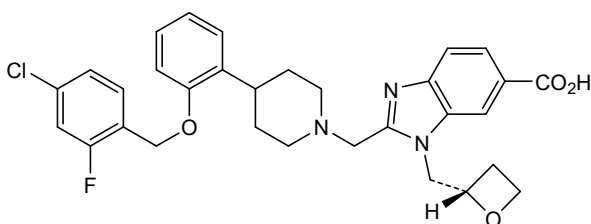
acide (1²S)-9⁴-chloro-9²-fluoro-7-oxa-3(1,2)-
[1,3]benzimidazola-5(1,4)-pipéridina-1(2)-oxétana-
6(1,2),9(1)-dibenzénanonaphane-3⁶-carboxylique
*agoniste du récepteur du peptide 1 similaire au
glucagon (GLP-1)*

gimagliprón

ácido (1²S)-9⁴-cloro-9²-fluoro-7-oxa-3(1,2)-
[1,3]benzimidazola-5(1,4)-piperidina-1(2)-oxetana-
6(1,2),9(1)-dibencenanonafano-3⁶-carboxílico
*agonista del receptor del péptido 1 similar al glucagón
(GLP-1)*

C₃₁H₃₁ClFN₃O₄

2784590-83-4

**glankibartum #**

glankibart

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL1RL2
(interleukin 1 receptor like 2, IL1 receptor-related
protein 2, IL1Rrp2, IL1RRP2, IL-36 receptor, IL-36R))],
humanized monoclonal antibody;
H-gamma4 heavy chain humanized (1-447) [VH
(*Homo sapiens* IGHV4-31*02 (89.8%) -(IGHD) -
IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.14] (26-33.51-
57.96-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG4*01,
nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10 (CH1 (121-218),
hinge 1-12 S10>P (228) (219-230), CH2 L92 (309)
(231-340), CH3 (341-445), CHS (446-447)) (121-447)],

	(134-213')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-213') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 (81.1%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (27'-31'.49'-51'.88'-96')) (1'-106') - <i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213')]; dimer (226-226":229-229")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa <i>immunomodulator</i>
glankibart	immunoglobuline G4-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> IL1RL2 (interleukine 1 récepteur like 2, protéine 2 apparentée au récepteur de l'IL1, IL1Rrp2, IL1RRP2, récepteur de l'IL-36, IL-36R)], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde H-gamma4 humanisée (1-447) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV4-31*02 (89.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.14] (26-33.51-57.96-109)) (1-120) - <i>Homo sapiens</i> IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10 (CH1 (121-218), charnière 1-12 S10>P (228) (219-230), CH2 L92 (309) (231-340), CH3 (341-445), CHS (446-447)) (121-447)], (134-213')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-213') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 (81.1%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (27'-31'.49'-51'.88'-96')) (1'-106') - <i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213')]; dimère (226-226":229-229")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa <i>immunomodulateur</i>
glankibart	inmunoglobulina G4-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> IL1RL2 (interleukina 1 receptor like 2, proteína 2 relacionada con el receptor del IL1, IL1Rrp2, IL1RRP2, receptor del IL-36, IL-36R)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada H-gamma4 humanizada (1-447) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV4-31*02 (89.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.14] (26-33.51-57.96-109)) (1-120) - <i>Homo sapiens</i> IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10 (CH1 (121-218), bisagra 1-12 S10>P (228) (219-230), CH2 L92 (309) (231-340), CH3 (341-445), CHS (446-447)) (121-447)], (134-213')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-213') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 (81.1%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (27'-31'.49'-51'.88'-96')) (1'-106') - <i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213')]; dímero (226-226":229-229")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa <i>immunomodulador</i>

3081401-47-7

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H⁺)
QVQLQESGPG LVKPSQTLST TCTVSGASIT SGYWNWIRNH PGKGLYIGY 50
ISYSGYTYYN PSLKSRVTIS RDTSKNQFSL KLSSVTAADT AVYYCATGGY 100
DYVEDALYYW GQGLTLTVSS ASTKGPSVFP LAPCSRSTSE STAAALGCLVK 150
DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTKT 200
YTCNVDRHPS NTKVDRKVES KYGPPCPPCP APEFLGGPSV FLFPPKPKDT 250
LMISRTPEVT CVVVDVSQED PEVQFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQFNSTY 300
RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKGLPS SIEKTIKAK GQPREPQVYT 350
LPPSQEEMTK NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTPPVLDL 400
DGSFFLYSRL TVDKSRWQEG NVFSCSVME ALHNHYTQKS LSLSLGK 447

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L⁺)
DIQMTQSPSS LSASVGRVIT ITCRASSNVR YMYWQQKPG KAPKLWIYLT 50
SNLASGVPSR FSGSGSGTSY TLTISSLQPE DFATYYCQQF TTSPTTFGQG 100
TKLEIKRTVA APSVFIFPPS DEQLKSGTAS VVCLLNNFYP REAKVQWKVD 150
NALQSGNSQE SVTEQDSKDS TYSLSSTLT TL SKADYEKHKV YACEVTHQGL 200
SSPVTKSFNR GEC 213

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-95 147-203 261-321 367-425
22"-95" 147"-203" 261"-321" 367"-425"
Intra-L (C23-C104) 23'-87' 133'-193'
23'''-87''' 133'''-193'''
Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 134-213' 134"-213"
Inter-H-H (h 8, h 11) 226-226" 229-229"

N-terminal glutaminylation cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal
Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl) / pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)
H VH Q1: 1, 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 297, 297"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 447, 447"

golukibartum #
golukibart

immunoglobulin G1-lambda2, anti-[*Homo sapiens* TSLP (thymic stromal lymphopoietin)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-33*01 (90.8%) -IGHJ1*01 (90.9%) L123>M (117), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 R120 (219) (123-220), hinge 1-15 (221-235), CH2 M15.1>Y (257), S16>T (259), T18>E (261) (236-345), CH3 E12 (361), M14 (363) (346-450), CHS (451-452)) (123-452)], (225-213')-disulfide with L-lambda2 light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV3-21*02 (96.8%) -IGLJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.11] (26'-31'.49'-51'.88'-98'')) (1'-108') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (C-LAMBDA2) (109'-214')]; dimer (231-231'":234-234")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1SV, lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, glycoform alfa
immunomodulator

golukibart

immunoglobuline G1-lambda2, anti-[*Homo sapiens* TSLP (lymphopoïétine stromale thymique)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;
chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens* (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-33*01 (90.8%) -IGHJ1*01 (90.9%) L123>M (117), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 R120 (219) (123-220), charnière 1-15 (221-235), CH2 M15.1>Y (257), S16>T (259), T18>E (261) (236-345), CH3 E12 (361), M14 (363) (346-450), CHS (451-452)) (123-452)], (225-213')-disulfure avec la chaîne légère L-lambda2 *Homo sapiens* (1'-214') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV3-21*02 (96.8%) -IGLJ2*01 (100%),

graxutamigum #
graxutamig

immunoglobulin V-KAPPA-5mer-scFv_hk-5mer-VH-5mer-G4(h-CH2-CH3)_G4(h-CH2-CH3), anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4) and anti-[*Homo sapiens* TP53 (cellular tumor antigen p53) (R175H) peptide HMTEVVRHC 168-176 bound to HLA-A*02:01 (pHLA)], humanized and *Homo sapiens* monoclonal antibody, bispecific, bivalent;
heavy chain V-KAPPA humanized anti-CD3E -5mer -scFv_hk *Homo sapiens* anti-TP53 (R175H) pHLA -5mer -VH humanized anti-CD3E -5mer -G4(h-CH2-CH3) (knob) (H) (1-716) [V-KAPPA humanized anti-CD3E [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1D-7-1*01 (88.4%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1-107) -5-mer tetraglycyl-seryl linker (108-112) -scFv_hk *Homo sapiens* anti-TP53 (R175H) pHLA (113-356) [VH *Homo sapiens* anti-TP53 (R175H) pHLA (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (82.7%) -IGHD -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.14] (138-145.163-170.209-222)) (113-233) -15-mer tris(tetraglycyl-seryl) linker (234-248) -V-KAPPA *Homo sapiens* anti-TP53 (R175H) pHLA (*Homo sapiens* IGKV1D-7-1*01 (85.7%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.10] (275-280.298-300.337-346)) (249-356)] -5-mer tetraglycyl-seryl linker (357-361) -VH humanized anti-CD3E (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (76.8%) -IGHD -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.15] (387-394.412-419.458-472)) (362-483)] -5-mer tetraglycyl-seryl linker (484-488) -G4(h-CH2-CH3) (489-716) [*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) 12-G4v5 h P10, CH2 L92, 6-G4v3 CH2 E1.2, 14-G4v32 CH3 W22 (knob), 10-G4v83-1 CH3 R115, 10-G4v110 CHS delK2 (hinge 1-12 S10>P (498) (489-500), CH2 L1.2>E (505), L92 (579) (501-610), CH3 H115>R (705) (611-715), CHS K2>del (716))]];
heavy chain G4(h-CH2-CH3) (hole) (H') (1'-228') [*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) 12-G4v5 h P10, CH2 L92, 6-G4v3 CH2 E1.2, 14-G4v33 CH3 S22, A24, V86 (hole), 10-G4v110 CHS delK2 (hinge 1-12 S10>P (10') (1'-12'), CH2 L1.2>E (17'), L92 (91') (13'-122'), CH3 T22>S (148'), L24>A (150'), Y86>V (189') (123'-227'), CHS K2>del (228')) (1'-228')]; dimer (496-8': 499-11')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
antineoplastic

graxutamig

immunoglobuline V-KAPPA-5mer-scFv_hk-5mer-VH-5mer-G4(h-CH2-CH3)_G4(h-CH2-CH3), anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)] et anti-[*Homo sapiens* TP53 (antigène tumoral cellulaire p53) (R175H) peptide HMTEVVRHC 168-176 lié au HLA-A*02:01 (pHLA)], anticorps monoclonal humanisé et *Homo sapiens*, bispécifique, bivalent;
chaîne lourde V-KAPPA humanisé anti-CD3E -5mer -scFv_hk *Homo sapiens* anti-TP53 (R175H) pHLA -5mer -VH humanisé anti-CD3E -5mer -G4(h-CH2-CH3) (knob) (H) (1-716) [V-KAPPA humanisé anti-CD3E [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1D-7-1*01 (88.4%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1-107) -5-mer tétraglycyl-séryl linker (108-112) -scFv_hk *Homo sapiens* anti-TP53 (R175H) pHLA (113-356) [VH *Homo sapiens* anti-TP53 (R175H) pHLA (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (82.7%) -IGHD -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.14] (138-145.163-170.209-222)) (113-233) -15-mer tris(tétraglycyl-séryl) linker (234-248) -V-KAPPA *Homo sapiens* anti-TP53 (R175H) pHLA (*Homo sapiens* IGKV1D-7-1*01 (85.7%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.10] (275-280.298-300.337-346)) (249-356)] -5-mer tétraglycyl-séryl linker (357-361) -VH humanisé anti-CD3E (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (76.8%) -IGHD -

graxutamig

IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.15] (387-394.412-419.458-472)) (362-483)] -5-mer tetraglycyl-séryl linker (484-488) -G4(h-CH2-CH3) (489-716) [*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) 12-G4v5 h P10, CH2 L92, 6-G4v3 CH2 E1.2, 14-G4v32 CH3 W22 (knob), 10-G4v83-1 CH3 R115, 10-G4v110 CHS delK2 (charnière 1-12 S10>P (498) (489-500), CH2 L1.2>E (505), L92 (579) (501-610), CH3 H115>R (705) (611-715), CHS K2>del (716))]; chaîne lourde G4 (h-CH2-CH3) (hole) (H') (1'-228') [*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) 12-G4v5 h P10, CH2 L92, 6-G4v3 CH2 E1.2, 14-G4v33 CH3 S22, A24, V86 (hole), 10-G4v110 CHS delK2 (charnière 1-12 S10>P (10') (1'-12'), CH2 L1.2>E (17'), L92 (91') (13'-122'), CH3 T22>S (148'), L24>A (150'), Y86>V (189') (123'-227'), CHS K2>del (228')) (1'-228')]; dimère (496-8': 499-11')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa antinéoplasique

immunoglobulina V-KAPPA-5mer-scFvkh-5mer-VH-5mer-G4(h-CH2-CH3)_G4(h-CH2-CH3), anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 épsilon, Leu-4)] y anti-[*Homo sapiens* TP53 (antígeno tumoral celular p53) (R175H) péptido HMTEVVRHC 168-176 relacionado con HLA-A*02:01 (pHLA)], anticuerpo monoclonal humanizado y *Homo sapiens*, biespecífico, bivalente; cadena pesada V-KAPPA humanizada anti-CD3E -5mer -scFvkh *Homo sapiens* anti-TP53 (R175H) pHLA) -5mer -VH humanizada anti-CD3E -5mer -G4(h-CH2-CH3) (knob) (H) (1-716) [V-KAPPA humanizada anti-CD3E [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1D-7-1*01 (88.4%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1-107) -5-mer enlace tetraglicil-seril (108-112) -scFvkh *Homo sapiens* anti-TP53 (R175H) pHLA (113-356) [VH *Homo sapiens* anti-TP53 (R175H) pHLA (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (82.7%) -IGHD -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.14] (138-145.163-170.209-222)) (113-233) -15-mer tris enlace (tetraglicil-seril) (234-248) -V-KAPPA *Homo sapiens* anti-TP53 (R175H) pHLA (*Homo sapiens* IGKV1D-7-1*01 (85.7%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.10] (275-280.298-300.337-346)) (249-356)] -5-mer tetraglicil-seril enlace (357-361) -VH humanizado anti-CD3E (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (76.8%) -IGHD -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.15] (387-394.412-419.458-472)) (362-483)] -5-mer enlace tetraglicil-seril (484-488) -G4(h-CH2-CH3) (489-716) [*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) 12-G4v5 h P10, CH2 L92, 6-G4v3 CH2 E1.2, 14-G4v32 CH3 W22 (knob), 10-G4v83-1 CH3 R115, 10-G4v110 CHS delK2 (bisagra 1-12 S10>P (498) (489-500), CH2 L1.2>E (505), L92 (579) (501-610), CH3 H115>R (705) (611-715), CHS K2>del (716))]; cadena pesada G4 (h-CH2-CH3) (hole) (H') (1'-228') [*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) 12-G4v5 h P10, CH2 L92, 6-G4v3 CH2 E1.2, 14-G4v33 CH3 S22, A24, V86 (hole), 10-G4v110 CHS delK2 (bisagra 1-12 S10>P (10') (1'-12'), CH2 L1.2>E (17'), L92 (91') (13'-122'), CH3 T22>S (148'), L24>A (150'), Y86>V (189') (123'-227'), CHS K2>del (228')) (1'-228')]; dímero (496-8': 499-11')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa antineoplásico

3081136-73-1

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: V-KAPPA anti-CD3E -5mer -scFvkh
anti-TP53 (R175H) pHLA -5mer -VH anti-CD3E -5mer -G4(h-CH2-CH3) (knob) (H)
DIQMTQSPSS LSASVGDRTV ITCRASQDIR NYLNWYQQK PGKAPKLLIYY 50
TSRLSGLVPS RFSGSGSGTD YTLTISSLQP EDFATYYCQQ GNTLPWTFGQ 100
GTKVEIKGGG GSEVQLVESG GGLVQPGGSL RLSCAASGFN VYASGMHWVR 150
QAPGKGLEWV AKIYPDSIT YYADSVKGRF TISADTSKNT AYLQMNSLRA 200
EDTAVYYCSR DSSFYYVYAM DYWGQGTLLV VSSGGGGSGG GSGGGGGSDI 250
QMTQSPSSLS ASVGDRTVIT CRASQDVNTA VAWYQQKPGK APKLLIYSAY 300
FLYSGVPSRF SGRSGTDFT LTISLQPED FATYYCQQYS RYSPVTFGQG 350
TKVEIKGGG SEVQLVESGG GLVQPGGSLR LSCAASGYSF TGYTMNWVRQ 400
APGKGLEWVA LINPYKGVST YNQKFKDRF TISVDKSKNTA YLQMNSLRAE 450
DTAVYYCARS GYGDSWYF DVWGQGTLLV VSSGGGGSES KYGPPCPPCP 500
APEFEGGSPV FLFPPKPKDT LMISRTPEVT CVVVDVSDQED PEVQFNWYVD 550
GVEVHNAKTK PREEQFNSTY RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKGLPS 600
SIEKTISKAK GQPREPQVYT LPPSQEEMTK NQVSLWCLVK GFYPDSIAVE 650
WESNGQPENN YKTTTPVLDS DGSFFLYSRL TVDKSRWQEG NVFSCSVMEH 700
ALHNRYTQKS LSLSLG 716

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: G4(h-CH2-CH3) (hole) (H')
ESKYGPPCPP CPAPEFEGGP SVFLFPPKPK DTLMISRTPE VTCVVVDVDSQ 50
EDPEVQFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQFNS TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE 100
YKCKVSNKGL PSSIEKTISK AKGQPREPQV YTLPPSQEEM TKNQVSLSCA 150
VKGFYPDSIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL DSDGSFFLVS RLTVDKSRWQ 200
EGNVFSCSVH HEALHNHYTQ KSLSLSLG 228

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 23-88 134-208 271-336 383-457 531-591 637-695
Intra-H' (C23-C104) 43'-103' 149'-207'
Inter-H-H' (h 8, h 11) 496-8' 499-11'

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 567, 79'
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires
complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados.

grexenetantum
grexenetant

1-[(8*R*)-7-(4-fluorobenzoyl)-8-methyl-3-(3-methyl-1,2,4-thiadiazol-5-yl)-5,6,7,8-tetrahydroimidazo[1,5-*a*]pyrazin-1-yl]pyrrolidin-2-one
neurokinin NK3 receptor antagonist

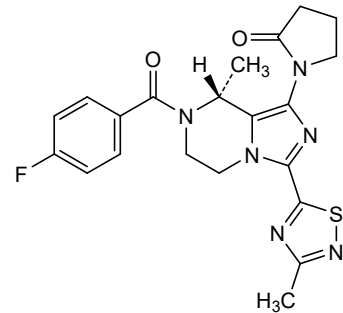
grexénétant

1-[(8*R*)-7-(4-fluorobenzoyl)-8-méthyl-3-(3-méthyl-1,2,4-thiadiazol-5-yl)-5,6,7,8-tétrahydroimidazo[1,5-*a*]pyrazin-1-yl]pyrrolidin-2-one
antagoniste du récepteur NK3 de la neurokinine

grexenetant

1-[(8*R*)-7-(4-fluorobenzoyl)-8-metil-3-(3-metil-1,2,4-tiadiazol-5-il)-5,6,7,8-tetrahydroimidazo[1,5-*a*]pirazin-1-il]pirrolidin-2-ona
antagonista del receptor NK3 de neurokinina

C₂₁H₂₁FN₆O₂S 2854332-29-7



idalapticanum pegolum
idalaptican pegol

all-β-L-5'-O-[hydroxy({6-[2-(2-[ω-methoxypoly(oxyethylene)-α-yl]-N-[2-[ω-methoxypoly(oxyethylene)-α-yl]ethyl]acetamido)acetamido]hexyl)oxy)phosphoryl]guanylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-2'-deoxyuridylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-2'-deoxyuridylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-2'-deoxycytidylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-cytidine
complement factor C5a inhibitor

idalaptican pégol

tout-β-L-5'-O-[hydroxy({6-[2-(2-[ω-méthoxypoly(oxyéthylène)-α-yl]-N-[2-[ω-méthylpoly(oxyéthylène)-ω-yl]éthyl]acétamido)acétamido]hexyl)oxy)phosphoryl]guanylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-2'-désoxyuridylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-2'-désoxyuridylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-2'-désoxycytidylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-cytidine
inhibiteur du facteur C5a du complément

idalapticán pegol

todo-β-L-5'-O-[hidroxi({6-[2-(2-[metoxipoli(oxietileno)-α-il]-N-[2-[ω-metoxipoli(oxietileno)-α-il]etil]acetamido)acetamido]hexil)oxi)fosforil]guanilil-(3'→5')-citidilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-2'-desoxiuridilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-2'-desoxiuridilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-citidilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-citidilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-citidilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-2'-desoxicitidilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-citidina
inhibidor del factor C5a del complemento

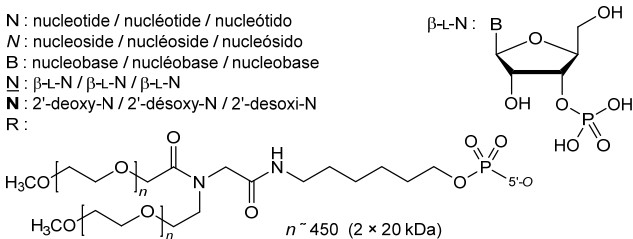
C₃₉₈H₄₉₆N₁₆₀O₃₁₀P₄₀(C₂H₄O)_{2n} (n ≈ 450) 2364414-05-9

Sequence / Séquence / Secuencia

5' R-GCGAUGUGGU GGUGAAGGGU UGUUGGUGU CGACGCACGCG 3' (1-40)

Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados

N : nucleotide / nucléotide / nucleótido
N' : nucleoside / nucléoside / nucleósido
B : nucleobase / nucléobase / nucleobase
N : β-L-N / β-L-N / β-L-N
N' : 2'-deoxy-N / 2'-désoxy-N / 2'-desoxi-N
R :



ignaseclantum

ignaseclant

(2S)-2-[4-bromo-2-(1,2-oxazol-3-yl)phenoxy]propanoic acid

skeletal muscle specific chloride ion channel-1 inhibitor

ignaséclant

acide (2S)-2-[4-bromo-2-(1,2-oxazol-3-yl)phénoxy]propanoïque

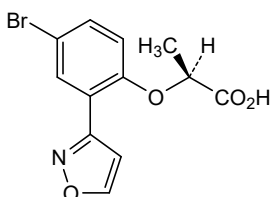
inhibiteur du canal chlorure 1 spécifique du muscle squelettique

ignaseclant

ácido (2S)-2-[4-bromo-2-(1,2-oxazol-3-il)fenoxi]propanoico

*inhibidor del canal de cloruro-1 específico del músculo esquelético*C₁₂H₁₀BrNO₄

2354321-33-6

**impanoflastum**

impanoflast

N-(1,2,3,5,6,7-hexahydro-s-indacen-4-yl)-*N'*-[(1-methyl-1*H*-pyrazol-4-yl){[(2S)-oxolan-2-yl]methyl}sulfamoyl]urea*NLRP3 inflammasome inhibitor, non-steroidal anti-inflammatory*

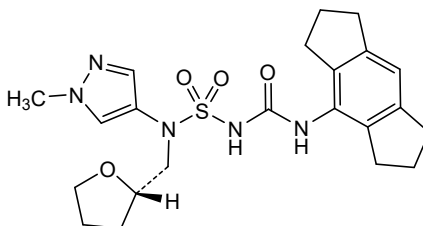
impanoflast

N-(1,2,3,5,6,7-hexahydro-s-indacén-4-yl)-*N'*-[(1-méthyl-1*H*-pyrazol-4-yl){[(2S)-oxolan-2-yl]méthyl}sulfamoyle]urée*inhibiteur de l'inflammasome NLRP3, anti-inflammatoire non stéroïdien*

impanoflast

N-(1,2,3,5,6,7-hexahidro-s-indacen-4-il)-*N'*-[(1-metil-1*H*-pirazol-4-il){[(2S)-oxolan-2-il]metil}sulfamoilo]urea
*inhibidor del inflammasoma NLRP3, antiinflamatorio no esteroide*C₂₂H₂₉N₅O₄S

2763617-38-3



infutatugum #

infutatug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudin 18, claudin-18, surfactant associated protein J, SFTPJ) isoform 2]], humanized monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain humanized (1-447) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-69*08 (84.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.10] (26-33.51-58.97-106)) (1-117) -*Homo sapiens*IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (214) (118-215), hinge 1-15 (216-230), CH2 (231-340), CH3 D12 (356), L14 (358) (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], (220-214')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3D-11*02 (83.3%) -IGKJ1*01 (100%), CDR -IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dimer (226-226":229-229")-bisdisulfide, produced in a cell line of Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, glycoform alfa *antineoplastic*

infutatug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudine 18, claudine-18, protéine J associée au surfactant, SFTPJ) isoforme 2]], anticorps monoclonal humanisé;
chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-447) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-69*08 (84.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.10] (26-33.51-58.97-106)) (1-117) -*Homo sapiens*IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (214) (118-215), charnière 1-15 (216-230), CH2 (231-340), CH3 D12 (356), L14 (358) (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], (220-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3D-11*02 (83.3%) -IGKJ1*01 (100%), CDR -IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dimère (226-226":229-229")-bisdisulfure, produit dans une lignée cellulaire des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa *antinéoplasique*

infutatug

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudina 18, claudina-18, proteína J asociada al surfactante, SFTPJ) isoforma 2]], anticuerpo monoclonal humanizado;
cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-447) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-69*08 (84.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.10] (26-33.51-58.97-106)) (1-117) -*Homo sapiens*IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (214) (118-215), bisagra 1-15 (216-230), CH2 (231-340), CH3 D12 (356), L14 (358) (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], (220-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3D-11*02 (83.3%) -IGKJ1*01 (100%), CDR -IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dímero (226-226":229-229")-bisdisulfuro, producido en una línea celular de las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, forma glicosilada alfa *antineoplásico*

3064398-92-8

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H')

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGYTFT NYWLHWVRQA PGQGLEWMGM 50
 MHPISGSSNY AOKFQGRATL TVDKSTSTAY MELSSLRSSE TAVYYCARGL 100
 LSAMDYWGQG TLVTVSSAST KGPSVFPLAP SSKSTSGGTA ALGCLVKDYF 150
 PEPVTVSWNS GALTSGVHTF PAVLQSSGLY SLSSVVTGPS SSLGTQTYIC 200
 NVNHKPSNTK VDKKVEPKSC DKHTCPCPC APELLGGPSV FLFPPKPKDT 250
 LMISRTPEVT CVVVDVSHED PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYNSTY 300
 RVVSVTLVLH QDWLNGKEYK CKVSNKALPA PIEKTSKAK GQPREPQVYT 350
 LPPSRDELTK NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTPPVLD 400
 DGSFFLYSKL TVDKSRWQGG NVFSCSVME ALHNHYTQKS LSLSPGK 447

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L')

EIVLTQSPAT LSLSPGERAT LSCKASENVK TYVSWYQKPK GQSPRLLIYE 50
 ASNRYTGVA RFSGSGSATD FTLTISSELE EDFAVYFCGQ TYSFPPVFGQ 100
 GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
 LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22-96 144-200 261-321 367-425
 22"-96" 144"-200" 261"-321" 367"-425"

Intra-L (C23-C104) 23'-88' 134'-194'
 23'''-88''' 134'''-194'''

Inter-H-L (h 5-CL 126) 220-214' 220"-214"

Inter-H-H (h 11, h 14) 226-226" 229-229"

N-terminal glutaminy cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal

Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl) / pyroglutamyle (pE, 5-oxopropyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)

H VH Q1: 1, 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 297, 297"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: 447, 447"

infutatugum pelitecanum

infutatug pelitecan

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudin 18, claudin-18, surfactant associated protein J, SFTPJ) isoform 2)], humanized monoclonal antibody; conjugated on eight cysteinyl residues to *pelitecan*, comprising a linker and a camptothecin derivative;

H-gamma1 heavy chain humanized (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*08 (84.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.10] (26-33.51-58.97-106))] (1-117) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (214) (118-215), hinge 1-15 (216-230), CH2 (231-340), CH3 D12 (356), L14 (358) (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], (220-214')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3D-11*02 (83.3%) -IGKJ1*01 (100%), CDR -IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97))] (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dimer (226-226"-229-229")-bisdisulfide, produced in a cell line of Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, glycoform alfa; substituted at the sulfur atoms of the eight L-cysteinyl residues 220, 226, 229, 214', 220", 226", 229" and 214''' with 5-[(11S,14S)-11-[4-(dipropylamino)butyl]-1-[(7S)-7-ethyl-7-hydroxy-8,11-dioxo-7,8,11,13-tetrahydro-2H,10H-[1,3]dioxolo[4,5-g]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinolin-14-yl]-7,10,13,16-tetraoxo-14-(propan-2-yl)-4-oxa-6,9,12,15-tetraazahenicos-20-yn-21-yl]pyrimidin-2-yl (*pelitecan*) groups
antineoplastic

infutatug pélitécan

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudine 18, claudine-18, protéine J associée au surfactant, SFTPJ) isoforme 2]], anticorps monoclonal humanisé; conjugué par huit résidus cystéinyle au *pélitécan*, comprenant un coupleur et un dérivé de la camptothécine; chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*08 (84.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.10] (26-33.51-58.97-106))] (1-117) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (214) (118-215), charnière 1-15 (216-230), CH2 (231-340), CH3 D12 (356), L14 (358) (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], (220-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3D-11*02 (83.3%) -IGKJ1*01 (100%), CDR -IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dimère (226-226":229-229")-bisdisulfure, produit dans une lignée cellulaire des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa; substitué sur les atomes de soufre des huit résidus L-cystéinyle 220, 226, 229, 214', 220", 226", 229" et 214"" avec des groupes 5-[(11S,14S)-11-[4-(dipropylamino)butyl]-1-[(7S)-7-éthyl-7-hydroxy-8,11-dioxo-7,8,11,13-tétrahydro-2H,10H-[1,3]dioxolo[4,5-g]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinoléin-14-yl]-7,10,13,16-tétraoxo-14-(propan-2-yl)-4-oxa-6,9,12,15-tétrazahenicos-20-yn-21-yl]pyrimidin-2-yle (*pélitécan*) *antineoplasique*

infutatug pelitecán

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudina 18, claudina-18, proteína J asociada al surfactante, SFTPJ) isoforma 2]], anticuerpo monoclonal humanizado; conjugado por ocho residuos cisteinilo con *pelitecán*, que comprende un conector y un derivado de la camptotecina; cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*08 (84.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.10] (26-33.51-58.97-106))] (1-117) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (214) (118-215), bisagra 1-15 (216-230), CH2 (231-340), CH3 D12 (356), L14 (358) (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], (220-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3D-11*02 (83.3%) -IGKJ1*01 (100%), CDR -IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dímero (226-226":229-229")-bisdisulfuro; producido en una línea celular de las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, forma glicosilada alfa; sustituido en los átomos de azufre de los ocho residuos L-cisteinilo 220, 226, 229, 214', 220", 226", 229" y 214"" con grupos 5-[(11S,14S)-11-[4-(dipropilamino)butil]-1-[(7S)-7-etil-7-hidroxi-8,11-dioxo-7,8,11,13-tetrahidro-2H,10H-[1,3]dioxolo[4,5-g]pirano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinolein-14-il]-7,10,13,16-tetraoxo-14-(propan-2-il)-4-oxa-6,9,12,15-tetraazahenicos-20-in-21-il]pirimidin-2-ilo (*pelitecán*) *antineoplásico*

3064398-93-9

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H')

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGYTFT NYWLHWVRQA PGQGLEWMGM 50
 MHPISGSSNY AQKFQGRATL TVDKSTSTAY MELSSLRSED TAVVYCARGL 100
 LSAMDYWGQG TLVTVSSAST KGPSVFPLAP SSKSTSGGTA ALGCLVKDYF 150
 PEPVTVSWNS GALTSGVHTF PAVLQSSGLY SLSSVTVPS SSLGTQTYIC 200
 NVNHKPSNTK VDKKVEPKSC DKHTCTCPPC APELLGGPSV FLFPPKPKDT 250
 LMISRTPEVT CVVVDVSHED PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYNSTY 300
 RVVSVTLVLH QDWLNGKEYK CKVSNKALPA PIEKTISKAK GQPREPQVYT 350
 LPPSRDELTK NQVSLTCLVK GFYPSTIAVE WESNGQPENN YKTTTPVLDL 400
 DGSFFLYSKL TVDKSRWQGG NVFSCSVMEH ALHNHYTQKS LSLSPGK 447

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L')

EIVLTQSPAT LSLSPGERAT LSCKASENVK TYVSWYQQKP GQSPRLLIYE 50
 ASNRYTGVPV RFSGSGSATD FTLTISSLEP EDFAVYFCGQ TYSFPPTFGQ 100
 GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
 LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22-96 144-200 261-321 367-425
 22"-96" 144"-200" 261"-321" 367"-425"

Intra-L (C23-C104) 23'-88' 134'-194'
 23'''-88''' 134'''-194'''

Inter-H-L (h 5-CL 126)* 220-214' 220"-214'''

Inter-H-H (h 11, h 14)* 226-226" 229-229"

*The inter-chain disulfide bridges are not present, the eight cysteinyl are conjugated, each via a thioether bond, to a drug linker.

*Les ponts disulfures inter-chaînes ne sont pas présents, les huit cystéinyl sont conjugués, chacun via une liaison thioéther, à un coupleur-principe actif.

*Los puentes disulfuro inter-catenarios no están presentes, los ocho cisteinil están conjugados, cada uno a través de un enlace tioéter, a un conector de fármaco.

N-terminal glutaminy cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal

Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl) / pyroglutamyle (pE, 5-oxopropyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)
 H VH Q1: 1, 1"

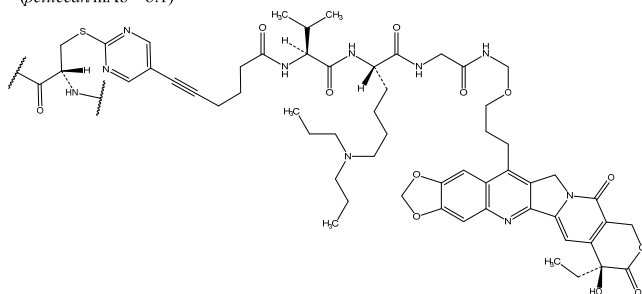
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
 H CH2 N84.4: 297, 297"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
 H CHS K2: 447, 447"

Potential modified residues / résidus modifiés potentiels / restos modificados potenciales*
 C (220, 226, 229, 214', 220", 226", 229", 214''')

*(*pelitecan*/mAb ~ 8:1)



insulinum efcelerum alfa #

insulin efceler alfa human insulin (Uniprot: P01308) B chain fragment (1-26 in the current sequence), variant (S^{B9}>E, F^{B25}>H, ^{B27}TPKT^{B30}>del) fused via peptide linker ²⁷GGGGGGSGGGG³⁷ to human insulin A chain (38-58 in the current sequence) (T^{A8}>E⁴⁵, Y^{A14}>E⁵¹, N^{A21}>G⁵⁸) variant, fused via peptide linker ⁵⁹GGGGQGGGGQGGGGQGGGGG⁷⁸ to human immunoglobulin G2 (IgG2) Fc fragment (hinge-CH2-CH3-CHS domains) [*Homo sapiens* IGHG2*01 (hinge (79-84), CH2 (85-193), CH3 (194-298), CHS K³⁰⁰>del (299)) (79-299)], dimer (80-80':83-83')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, variant of cell line CHO-K1, glycoform alfa *hypoglycaemic*

insuline efcéler alfa fragment de la chaîne B de l'insuline humaine (Uniprot: P01308) (1-26 dans la séquence actuelle), variant (S^{B9}>E, F^{B25}>H, ^{B27}TPKT^{B30}>dél) fusionné par un coupleur polypeptidique ²⁷GGGGGGSGGGG³⁷ à la chaîne A de l'insuline humaine (38-58 dans la séquence actuelle) (T^{A8}>E⁴⁵, Y^{A14}>E⁵¹, N^{A21}>G⁵⁸), variant, fusionné par un coupleur polypeptidique ⁵⁹GGGGQGGGGQGGGGQGGGGG⁷⁸ au fragment Fc de l'immunoglobuline G2 (IgG2) humaine (domaines charnière-CH2-CH3-CHS) [*Homo sapiens* IGHG2*01 (charnière (79-84), CH2 (85-193), CH3 (194-298), CHS K³⁰⁰>dél (299)) (79-299)], dimère (80-80':83-83')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), variante de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa *hypoglycémiant*

insulina efceler alfa fragmento de cadena B de la insulina humana (Uniprot: P01308) (1-26 en la secuencia actual), variante (S^{B9}>E, F^{B25}>H, ^{B27}TPKT^{B30}>del) fusionado mediante un acoplador polipeptídico ²⁷GGGGGGSGGGG³⁷ a la cadena A de la insulina humana (38-58 en la secuencia actual) (T^{A8}>E⁴⁵, Y^{A14}>E⁵¹, N^{A21}>G⁵⁸), variante, fusionado mediante un acoplador polipeptídico ⁵⁹GGGGQGGGGQGGGGQGGGGG⁷⁸ al fragmento Fc de la inmunoglobulina G2 (IgG2) humana (dominios bisagra-CH2-CH3-CHS) [*Homo sapiens* IGHG2*01 (bisagra (79-84), CH2 (85-193), CH3 (194-298), CHS K³⁰⁰>del (299)) (79-299)], dímero (80-80':83-83')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), variante de la línea celular CHO-K1, glicoforma alfa *hipoglucemiante*

3081052-54-9

Sequence / Séquence / Secuencia
FVNQHLCGHEH LVEALYLVCG ERGFHYGGGG GSSGGGGGIV EQCCESICSL 50
EQLENYCGGG GGGGGGGGGG GGGGGGGGGEC PPCPAPPVAG PSVFLFPPKP 100
KDTLMISRTP EVTCVVVDVS HEDPEVQFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQFN 150
STFRVSVLT VVHQDWLNGK EYKCKVSNKG LPAPIEKTIS KTKGQPREPQ 200
VYTLPPSREE MTKNQVSLTC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPM 250
LDSGGSFFLY SKLTVDKSRW QQGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPG 299

Mutations / Mutations / Mutaciones
S^{B9}>E⁹, F^{B25}>H²⁵, ^{B27}TPKT^{B30}>del; T^{A8}>E⁴⁵, Y^{A14}>E⁵¹, N^{A21}>G⁵⁸
S^{B9}>E⁹, F^{B25}>H²⁵, ^{B27}TPKT^{B30}>del'; T^{A8}>E⁴⁵, Y^{A14}>E⁵¹, N^{A21}>G⁵⁸'

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión
²⁷GGGGGGSGGGG³⁷, ⁵⁹GGGGQGGGGQGGGGQGGGGG⁷⁸
²⁷GGGGGGSGGGG³⁷, ⁵⁹GGGGQGGGGQGGGGQGGGGG⁷⁸

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-chain: chain 1: 7-44, 19-57, 43-48, 114-174, 220-278
chain 2 ('): 7'-44', 19'-57, 43'-48', 114'-174', 220'-278'
Inter-chain (Fc-Fc'): 80-80', 83-83'

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
N150, N150'

inuxucibartum #
inuxucibart

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* APC (activated protein C)], humanized monoclonal antibody; H-gamma4 heavy chain humanized (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-72*01 (82.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%) L123>T (113), CDR-IMGT [8.10.9] (26-33.51-60.99-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10 (CH1 (119-216), hinge 1-12 S10>P (226) (217-228), CH2 L92 (307) (229-338), CH3 (339-443), CHS (444-445)) (119-445)], (132-218')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-218') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (82.7%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [10.3.9] (27'-36'.54'-56'.93'-101')) (1'-111') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (157'), V101 (195')) (112'-218')]; dimer (224-224":227-227")-bisdisulfide, produced in a cell line of Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, glycoform alfa *antihaemophilic agent*

inuxucibart

immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* hétérodimère APC (protéine C activée)], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde H-gamma4 humanisée (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-72*01 (82.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%) L123>T (113), CDR-IMGT [8.10.9] (26-33.51-60.99-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10 (CH1 (119-216), charnière 1-12 S10>P (226) (217-228), CH2 L92 (307) (229-338), CH3 (339-443), CHS (444-445)) (119-445)], (132-218')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-218') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (82.7%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [10.3.9] (27'-36'.54'-56'.93'-101')) (1'-111') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (157'), V101 (195')) (112'-218')]; dimère (224-224":227-227")-bisdisulfure, produit dans une lignée cellulaire des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa *agent antihémophilique*

inuxucibart

immunoglobulina G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* heterodímero APC (proteína C activada)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada H-gamma4 humanizada (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-72*01 (82.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%) L123>T (113), CDR-IMGT [8.10.9] (26-33.51-60.99-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10 (CH1 (119-216), bisagra 1-12 S10>P (226) (217-228), CH2 L92 (307) (229-338), CH3 (339-443), CHS (444-445)) (119-445)], (132-218')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-218') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (82.7%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [10.3.9] (27'-36'.54'-56'.93'-101')) (1'-111') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (157'), V101 (195')) (112'-218')]; dímero (224-224":227-227")-bisdisulfuro, producido en una línea celular de las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, forma glicosilada alfa *agente antihemofílico*

3078212-80-0

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H', H'')

EVQLVESGGG	LVQPGGSLRL	SCAASGFTFS	FYYLNWVRQA	PGKGLEWVGD	50
IRLAKNNYEK	HYAESVKGRF	TISRDDSKSI	TYLQMNSLRA	EDTAVYYCAR	100
EGDYFDYWGQ	GTTVTVSSAS	TKGPSVFPLA	PCSRSTSEST	AALGCLVKDY	150
FPEPVTVSWN	SGALTSGVHT	FPAVLQSSGL	YSLSSVVTVP	SSSLGKTKYT	200
CNVDHKPSNT	KVDKRVESKY	GPPCPPCPAP	EFLGGPSVFL	FPPKPKDTLM	250
ISRTPEVTCV	VVDVSQEDPE	VQFNWYVDGV	EVHNAKTKPR	EEQFNSTYRV	300
VSVLTVLHQD	WLNGKEYCKK	VSNGKGLPSSI	EKTISKAKGQ	PREPQVYTLP	350
PSQEEMTKNQ	VSLTCLVKGF	YPSDIAVEWE	SNGQPENNYK	TPPPVLDSDG	400
SFFFLYSRLTV	DKSRWQEGNV	FSCSVMHEAL	HNHYTQKSLS	LSLGK	445

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L', L'')

DIQLTQSPSS	LSASVGDRVT	ITCRASESVD	SFGATFMHWY	QQKPGKAPKL	50
LIYLASRLGS	GVPSRFGSG	SGTDFTLTIS	SLQPEDFATY	YCQQNEDPY	100
TFGGQGTKLEI	KRTVAAPSVF	IFPPSDEQLK	SGTASVVCLL	NNFYPREAKV	150
QWKVDNALQS	GNSQESVTEQ	DSKDSTYSLS	STLTLSKADY	EKHKVYACEV	200
THQGLSSPVT	KSFNRGEC				218

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104)	22-98	145-201	259-319	365-423
	22"-98"	145"-201"	259"-319"	365"-423"
Intra-L (C23-C104)	23'-92'	138'-198'		
	23'''-92'''	138'''-198'''		
Inter-H-L (CH1 10-CL 126)		132-218'	132"-218"	
Inter-H-H (h 8, h 11)		224-224"	227-227"	

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4; 295, 295"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires

complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: 445, 445"

inzaltimodum #
inzaltimod

human thrombin (THRB, Uniprot; P00734) C-terminal fragment (598-622, 1-25 in the current sequence, TCP25);
glycyl-L-lysyl-L-tyrosylglycyl-L-phenylalanyl-L-tyrosyl-L-threonyl-L-histidyl-L-valyl-L-phenylalanyl-L-arginyl-L-leucyl-L-lysyl-L-lysyl-L-tryptophyl-L-isoleucyl-L-glutaminyl-L-lysyl-L-valyl-L-isoleucyl-L-α-aspartyl-L-glutaminyl-L-phenylalanylglycyl-L-glutamic acid
antimicrobial, immunomodulator

inzaltimod

fragment C-terminal de la thrombine humaine (THRB, Uniprot; P00734) (598-622, 1-25 dans la séquence actuelle, TCP25);
acide glycy-L-lysyl-L-tyrosylglycyl-L-phénylalanil-L-tyrosyl-L-thréonyl-L-histidyl-L-valyl-L-phénylalanil-L-arginyl-L-leucyl-L-lysyl-L-lysyl-L-tryptophyl-L-isoleucyl-L-glutaminyl-L-lysyl-L-valyl-L-isoleucyl-L-α-aspartyl-L-glutaminyl-L-phénylalanilglycyl-L-glutamique
antimicrobien, immunomodulateur

inzaltimod

fragmento C-terminal de la trombina humana (THRB, Uniprot; P00734) (598-622, 1-25 en la secuencia actual, TCP25);
ácido glicil-L-lisil-L-tirosilglicil-L-fenilalanil-L-tirosil-L-treonil-L-histidil-L-valil-L-fenilalanil-L-arginil-L-leucil-L-lisil-L-lisil-L-triptofil-L-isoleucil-L-glutaminil-L-lisil-L-valil-L-isoleucil-L-α-aspartil-L-glutaminil-L-fenilalanilglicil-L-glutámico
antimicrobiano, inmunomodulador

C₁₄₉H₂₁₉N₃₇O₃₅ 946068-41-3

Sequence / Séquence / Secuencia
GKYGFYTHVF RLKKWIQKVI DQFGE (1-25)

isocyclosporinum

isocyclosporin

O¹,11-anhydro[(2*S*,3*R*,4*R*,6*E*)-3-hydroxy-4-methyl-2-(methylamino)oct-6-enoyl-(2*S*)-2-aminobutanoyl-*N*-methylglycyl-*N*-methyl-L-leucyl-L-valyl-*N*-methyl-L-leucyl-L-alanyl-D-alanyl-*N*-methyl-L-leucyl-*N*-methyl-L-leucyl-*N*-methyl-L-valine];
isocyclosporin A
mucolipin transient receptor potential (TRPML) antagonist

isocyclosporine

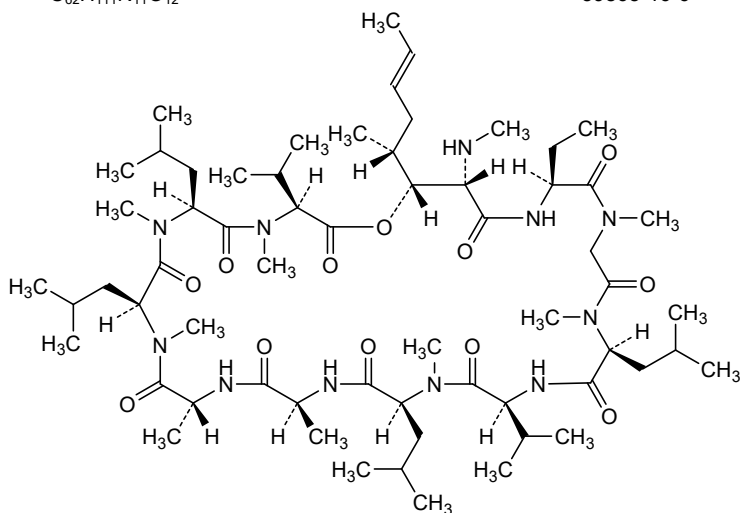
O¹,11-anhydro[(2*S*,3*R*,4*R*,6*E*)-3-hydroxy-4-méthyl-2-(méthylamino)oct-6-énoyl-(2*S*)-2-aminobutanoyl-*N*-méthylglycyl-*N*-méthyl-L-leucyl-L-valyl-*N*-méthyl-L-leucyl-L-alanyl-D-alanyl-*N*-méthyl-L-leucyl-*N*-méthyl-L-leucyl-*N*-méthyl-L-valine];
isocyclosporine A
antagoniste des canaux TRPML (potentiel récepteur transitoire mucolipine)

isocyclosporina

O¹,11-anhidro[(2*S*,3*R*,4*R*,6*E*)-3-hidroxi-4-metil-2-(metilamino)oct-6-enoil-(2*S*)-2-aminobutanoil-*N*-metilglicil-*N*-metil-L-leucil-L-valil-*N*-metil-L-leucil-L-alanil-D-alanil-*N*-metil-L-leucil-*N*-metil-L-leucil-*N*-metil-L-valina];
isocyclosporina A
antagonista del canal de potencial de receptor transitorio mucolipina (TRPML)

C₆₂H₁₁₁N₁₁O₁₂

59865-16-6

**latafapibum alolocexetanum (¹⁸F)**latafapib alolocexetan (¹⁸F)

{2,2'-[(14²S)-14²-cyano-3,10,13-trioxo-8-oxa-11-aza-9(6,4)-quinolina-1(1)-[1,4,7]triazonana-κ³N¹,N⁴,N⁷-4(1,4)-piperazina-14(1)-pyrrolidinatetradecaphane-1⁴,1⁷-diyl]di(acetato-κO)}(¹⁸F)fluoridoaluminium
diagnostic imaging agent

latafapib alolocexétan (¹⁸F)

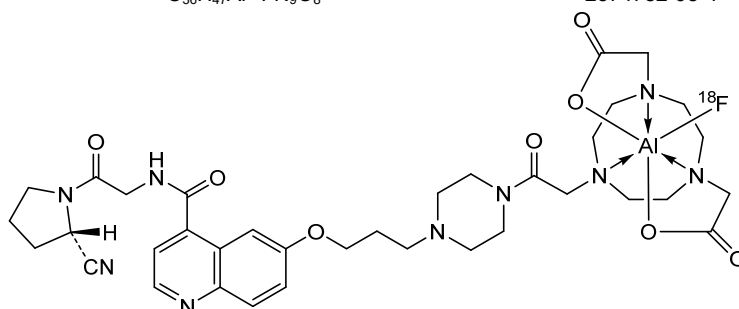
{2,2'-[(14²S)-14²-cyano-3,10,13-trioxo-8-oxa-11-aza-9(6,4)-quinoléina-1(1)-[1,4,7]triazonana-κ³N¹,N⁴,N⁷-4(1,4)-pipérazina-14(1)-pyrrolidinatétradécaphane-1⁴,1⁷-diyl]di(acétato-κO)}(¹⁸F)fluoridoaluminium
agent d'imagerie diagnostique

latalfapib alulocexetán (^{18}F)

{2,2'-[(^{14}S)- ^{14}C -ciano-3,10,13-trioxo-8-oxa-11-aza-9(6,4)-quinoleína-1(1)-[1,4,7]triazonana- $\kappa^3\text{N}^1, \text{N}^4, \text{N}^7$ -4(1,4)-piperazina-14(1)-pirrolidinatetradecafano-1 $^4, 1^7$ -diil]di(acetato- κO)](^{18}F)fluoridoaluminio
agente de diagnóstico por imagen

 $\text{C}_{36}\text{H}_{47}\text{Al}^{18}\text{FN}_9\text{O}_8$

2374782-98-4

**lavengratinibum**

lavengratinib

3-(2,6-dichloro-3,5-dimethoxyphenyl)-1-methyl-7-{1-[2-(morpholin-4-yl)ethyl]-1*H*-pyrazol-4-yl}-1,6-naphthyridin-2(1*H*)-one
fibroblast growth factor receptor inhibitor, antineoplastic

lavengratinib

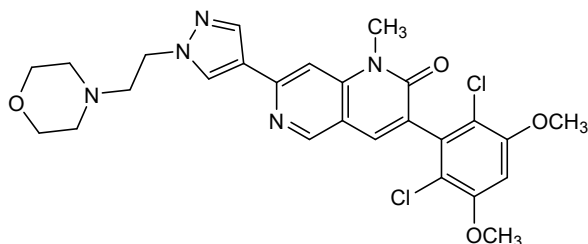
3-(2,6-dichloro-3,5-diméthoxyphényl)-1-méthyl-7-{1-[2-(morpholin-4-yl)éthyl]-1*H*-pyrazol-4-yl}-1,6-naphtyridin-2(1*H*)-one
inhibiteur du récepteur du facteur de croissance des fibroblastes, antinéoplasique

lavengratinib

3-(2,6-dicloro-3,5-dimetoxifenil)-1-metil-7-{1-[2-(morfolin-4-il)etil]-1*H*-pirazol-4-il}-1,6-naftiridin-2(1*H*)-ona
inhibidor del receptor del factor de crecimiento de los fibroblastos, antineoplásico

 $\text{C}_{26}\text{H}_{27}\text{Cl}_2\text{N}_5\text{O}_4$

2412854-49-8

**ledacoceptum #**

ledacocept

human complement receptor 1 (CR1, CD35, Uniprot: P17927) soluble fragment (1-1351); produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1SV GS-KO, glycoform alfa
complement cascade inhibitor

lédacocept

fragment soluble (1-1351) du récepteur 1 du complément humain (CR1, CD35, Uniprot: P17927); produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1SV GS-KO, glycoforme alfa
inhibiteur de la cascade du complément

ledacocept

fragmento soluble (1-1351) del receptor 1 del complemento humano (CR1, CD35, Uniprot: P17927); producido en las céulas ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1SV GS-KO, glicoforma alfa
inhibidor de la cascada del complemento

3083227-23-7

Sequence / Séquence / Secuencia		
QCNAPEWLPF	ARPTNLTDEF	EFPIGTLYNY
WTGAKDRCCR	KSCRNPDPV	NGMVHVIKGI
SATCIIISGDT	VIWDNETPIC	DRIPCGLPPT
TYRCNPGSGG	RKVFEVLGEP	SIYCTSNDDQ
NVENGILVSD	NRSLFSLNEV	VEFRCQPGFV
SCSRVCQPPP	DVLHAERTQR	DKDNFSPGQE
PQGDWSPAAP	TCEVKSCDDF	MGQLLNGRVL
LKGSSASYCV	LAMESLWNS	SVPVCEQIFC
FGKTVNVTCD	PHPDRTSFD	LIGESTIRCT
HCQAPDHFLF	AKLKTQTNAS	DFPIGTSLSKY
WSSPKDVCKR	KSCKTPDPV	NGMVHVITDI
SAECILSGNA	AHWSTKPPIC	QRIPCGLPPT
TYRCNPGSGG	RKVFEVLGEP	SIYCTSNDDQ
NVENGILVSD	NRSLFSLNEV	VEFRCQPGFV
SCSRVCQPPP	DVLHAERTQR	DKDNFSPGQE
PQGDWSPAAP	TCEVKSCDDF	MGQLLNGRVL
LKGSSASYCV	LAMESLWNS	SVPVCEQIFC
FGKAVNVTCD	PHPDRTSFD	LIGESTIRCT
HCQAPDHFLF	AKLKTQTNAS	DFPIGTSLSKY
WSSPKDVCKR	KSCKTPDPV	NGMVHVITDI
SAECILSGNT	AHWSTKPPIC	QRIPCGLPPT
TYRCNLGSRG	RKVFEVLGEP	SIYCTSNDDQ
NVENGILVSD	NRSLFSLNEV	VEFRCQPGFV
SCSRVCQPPP	EILHGEHTPS	HQDNFSPGQE
PQGDWSPAAP	RCAVKSCDDF	LGQLPHGRVL
LKGSSVSHCV	LVMRSLWNN	SVPVCEHIFC
YGKEISYTC	PHPDRTMTFN	LIGESTIRCT
R		

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-chain: 2-45, 32-58, 63-104, 90-120, 125-174, 154-191, 197-239, 225-252,

256-299, 285-312, 317-359, 345-375, 380-429, 409-446, 452-495, 482-508, 513-554, 540-570, 575-624, 604-641, 647-689, 675-702, 706-749, 735-762, 767-809, 795-825, 830-879, 859-896, 902-945, 932-958, 963-1004, 990-1020, 1025-1074, 1054-1091, 1097-1139, 1125-1152, 1156-1199, 1185-1212, 1217-1259, 1245-1275, 1280-1329, 1309-1346

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Cielación del glutaminilo N-terminal

Q1> pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl) / pyroglutamyle (pE, 5-oxoprolyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

N15, N211, N369, N406, N468, N537, N661, N819, N856, N918, N987, N1111, N1269

lenovetugum
lenovetug

immunoglobulin A (VH-h-CH2-CH3-CHS) dimer, anti-[F18 enterotoxigenic *Escherichia coli* (ETEC) FedF (subunit of the major constituent of F18 fimbriae), chimeric camelid-*Sus scrofa* monoclonal antibody, monospecific, bivalent;

	H-alpha heavy chain chimeric camelid-<i>Sus scrofa</i> (1-363) [VH (<i>Lama glama</i> IGHV3S2*01 (76.3%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.7.19] (26-33.51-57.96-114)) (1-125) -<i>Sus scrofa</i> IGHA*01 h-CH2-CH3-CHS (100%) (hinge 5-9 (126-130), CH2 (131-232), CH3 (233-343), CHS (344-363)) (126-363)]; dimer (131-131':191-191':201-201')-trisdisulfide, produced in the yeast <i>Pichia pastoris</i> (<i>Komagataella phaffii</i>), glycoform alfa <i>immunostimulant (veterinary use)</i>
lénovétug	immunoglobuline A (VH-h-CH2-CH3-CHS) dimère, anti-[F18 <i>Escherichia coli</i> entérotoxigène (ECET) FedF (sous-unité du constituant majeur des fimbriae F18), anticorps monoclonal chimérique camélidé-<i>Sus scrofa</i>, monospécifique, bivalent; chaîne lourde H-alpha chimérique camelid-<i>Sus scrofa</i> (1-363) [VH (<i>Lama glama</i> IGHV3S2*01 (76.3%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.7.19] (26-33.51-57.96-114)) (1-125) -<i>Sus scrofa</i> IGHA*01 h-CH2-CH3-CHS (100%) (charnière 5-9 (126-130), CH2 (131-232), CH3 (233-343), CHS (344-363)) (126-363)]; dimère (131-131':191-191':201-201')-trisdisulfure, produit dans la levure <i>Pichia pastoris</i> (<i>Komagataella phaffii</i>), glycoforme alfa <i>immunostimulant (usage vétérinaire)</i>
lenovetug	inmunoglobulina A (VH-h-CH2-CH3-CHS) dímero, anti-[F18 <i>Escherichia coli</i> enterotoxigénica (ECET) FedF (subunidad del componente principal de las fimbrias F18), anticuerpo monoclonal quimérico camélido-<i>Sus scrofa</i>, monoespecífico, bivalente; Cadena pesada H-alpha quimérica camélida-<i>Sus scrofa</i> (1-363) [VH (<i>Lama glama</i> IGHV3S2*01 (76.3%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.7.19] (26-33.51-57.96-114)) (1-125) -<i>Sus scrofa</i> IGHA*01 h-CH2-CH3-CHS (100%) (bisagra 5-9 (126-130), CH2 (131-232), CH3 (233-343), CHS (344-363)) (126-363)]; dímero (131-131':191-191':201-201')-trisdisulfuro, producido en la levadura <i>Pichia pastoris</i> (<i>Komagataella phaffii</i>), forma glicosilada alfa <i>inmunoestimulante (uso veterinario)</i>
	3088407-29-5 Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H') QVQLQESGGG SVQAGGSLRL SCAASGYTSG RDSMGWFRQA PGKEREGVAC 50 IDTSGIVNYA DSVKGRFTIS QDSAKKTLYL EMNSLKPEDT ALYSCATGPF 100 VYGRGCLGQA FYSYWGQGTQ VTVSSDPCPQ CCKPSLSLPQ PALADLLLSG 150 NASLTCTLSG LKKEGVSFT WQPSGGKDAV QASPTRDSCG CYSVSSILPG 200 CADPWNKGET FSCTAAHSEL KSALTATITK PKVNTFRPQV HLLPPPSEEL 250 ALNELVLTLC LVRGFSPKDV LVRWLQGGQE LPRDKYLVWE SLPEPGQAI 300 TYAVTSVLRV DAEDWKQGD T FSCMVGEAL PLAFTQKTID RLAGKPTHVN 350 VSVVMAEAEG ICY 363 Post-translational modifications Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro Intra-H (C23-C104) 22-95 156-213 260-323 22'-95' 156'-213' 260'-323' Intra-H (CH2 C1.1-C84.3) 132-189 132'-189' Intra-H (VH C55-C112.3) 50-106 50'-106' Inter-H-H (CH2 1.2, 85.3, 92) 131-131' 191-191' 201-201' N-terminal glutaminyI cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl) / pyroglutamyle (pE, 5-oxopropyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo) H VH Q1: I, I' N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación H CH2 N18: 151,151' H CHS N7: 350,350'

linofapibum bentoxetanum

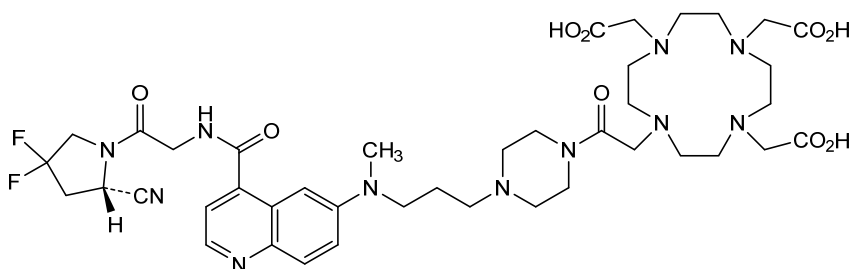
linofapib bentoxetan 2,2',2''-[(14²S)-14²-cyano-14⁴,14⁴-difluoro-8-methyl-3,10,13-trioxo-1¹,1⁴,1⁷,1¹⁰,8,11-hexaaza-9(6,4)-quinolina-4(1,4)-piperazina-14(1)-pyrrolidina-1(1)-cyclododecanatetradecaphane-1⁴,1⁷,1¹⁰-triy]triacetic acid
diagnostic imaging agent

linofapib bentoxétan acide 2,2',2''-[(14²S)-14²-cyano-14⁴,14⁴-difluoro-8-méthyl-3,10,13-trioxo-1¹,1⁴,1⁷,1¹⁰,8,11-hexaaza-9(6,4)-quinoléina-4(1,4)-pipérazina-14(1)-pyrrolidina-1(1)-cyclododécanatétradécaphane-1⁴,1⁷,1¹⁰-triy]triacétique
agent d'imagerie diagnostique

linofapib bentoxetán ácido 2,2',2''-[(14²S)-14²-ciano-14⁴,14⁴-difluoro-8-metil-3,10,13-trioxo-1¹,1⁴,1⁷,1¹⁰,8,11-hexaaza-9(6,4)-quinoleína-4(1,4)-piperazina-14(1)-pirrolidina-1(1)-ciclododecanatetradecafano-1⁴,1⁷,1¹⁰-trii]triacético
agente de diagnóstico por imagen

C₄₁H₅₇F₂N₁₁O₉

2374782-04-2

**lonletamigum #**

lonletamig

immunoglobulin (H-gamma1_L-lambda2)_scFvhk-G1(h-CH2-CH3), anti-[*Homo sapiens* FOLH1 (folate hydrolase, prostate specific membrane antigen, PSMA)] and anti-[*Homo sapiens* CD28 (T cell specific surface glycoprotein CD28, TP44)], *Homo sapiens* monoclonal antibody, bispecific;

heavy chain H-gamma1 *Homo sapiens* anti-FOLH1 hole (H) (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30-5*03 (93.9%) - (IGHD) -IGHJ6*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, 6-G1v14-67 CH2 A1.3, A1.2, S27, 14-G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole), 10-G1v83 CH3 R115, F116 (CH1 R120>K (217) (121-218), hinge 1-15 (219-233), CH2 L1.3>A (237), L1.2>A (238), D27>S (268) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361), T22>S (369), L24>A (371), Y86>V (410), H115>R (438), Y116>F (439) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-212')-disulfide with light chain L-lambda2 *Homo sapiens* anti-FOLH1 (L') (1'-213') [V-lambda (*Homo sapiens* IGLV3-25*01 (97.9%) -IGLJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.10] (26-31.49-51.88-97)) (1'-107') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (C-LAMBDA2) (108'-213')]; heavy chain scFvhk-G1(h-CH2-CH3) *Homo sapiens* anti-

CD28 knob (H") (1"-478") [scFvkh *Homo sapiens* anti-CD28, 11-scFv-v4 C48 (VH)-C10 linker, C13 linker-C120 (VL) (1"-246") [VH C48 (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (96.9%) -IGHD -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.14] (26"-33".51"-58".97"-110") K48>C (43"") (1"-221") -18-mer (triglycyl-seryl-diglycyl-seryl-diglycyl-cysteinyl C10 (131")-diproyl-cysteinyl C13 (134")-diglycyl-seryl-diglycyl) linker (122"-139") -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (98.9%) -IGKJ2*02 (90.9%) Q120>C (239"), CDR-IMGT [6.3.9] (166"-171".189"-191".228"-236"") (140"-246"")]] -*Homo sapiens* IGHG1*03v h-CH2-CH3-CHS, nG1m1 CH3 E12, M14, 15-G1v37 h S5, 6-G1v14-67 CH2 A1.3, A1.2, S27, 14-G1v32 CH3 W22 (knob) (hinge 1-15 C5>S (251"") (247"-261""), CH2 L1.3>A (265""), L1.2>A (266""), D27>S (296"") (262"-371""), CH3 E12 (387""), M14 (389""), T22>W (397"") (372"-476""), CHS (477"-478"") (247"-478""))]; dimer (229-257":232-260")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa
immunostimulant, antineoplastic

lonlétamig

immunoglobuline (H-gamma1_L-lambda2)_scFvkh-G1(h-CH2-CH3), anti-[*Homo sapiens* FOLH1 (folate hydrolase, antigène membranaire spécifique de la prostate, PSMA)] et anti-[*Homo sapiens* CD28 (glycoprotéine de surface CD28 spécifique des cellules T, TP44)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*, bispécifique;
chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens* anti-FOLH1 hole (H) (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30-5*03 (93.9%) - (IGHD) -IGHJ6*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, 6-G1v14-67 CH2 A1.3, A1.2, S27, 14-G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole), 10-G1v83 CH3 R115, F116 (CH1 R120>K (217) (121-218), charnière 1-15 (219-233), CH2 L1.3>A (237), L1.2>A (238), D27>S (268) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361), T22>S (369), L24>A (371), Y86>V (410), H115>R (438), Y116>F (439) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-212')-disulfure avec la chaîne légère L-lambda2 *Homo sapiens* anti-FOLH1 (L') (1'-213') [V-lambda (*Homo sapiens* IGLV3-25*01 (97.9%) - IGLJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.10] (26-31.49-51.88-97)) (1'-107') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (C-LAMBDA2) (108'-213')];
chaîne lourde scFvkh-G1(h-CH2-CH3) *Homo sapiens* anti-CD28 (knob) (H") (1"-478") [scFvkh *Homo sapiens* anti-CD28, 11-scFv-v4 C48 (VH)-C10 linker, C13 linker-C120 (VL) (1"-246") [VH C48 (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (96.9%) -IGHD -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.14] (26"-33".51"-58".97"-110") K48>C (43"") (1"-221") -18-mer (triglycyl-seryl-diglycyl-seryl-diglycyl-cysteinyl C10 (131")-diproyl-cysteinyl C13 (134")-diglycyl-seryl-diglycyl) linker (122"-139") -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (98.9%) -IGKJ2*02 (90.9%) Q120>C (239"), CDR-IMGT [6.3.9] (166"-171".189"-191".228"-236"") (140"-246"")]] -*Homo sapiens* IGHG1*03v h-CH2-CH3-CHS, nG1m1 CH3 E12, M14, 15-G1v37 h S5, 6-G1v14-67 CH2 A1.3, A1.2, S27, 14-G1v32 CH3 W22 (knob) (charnière 1-15 C5>S

(251") (247"-261"), CH2 L1.3>A (265"), L1.2>A (266"), D27>S (296") (262"-371"), CH3 E12 (387"), M14 (389"), T22>W (397") (372"-476"), CHS (477"-478")) (247"-478")); dimère (229-257":232-260")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa
immunostimulant, antinéoplasique

lonletamig

inmunoglobulina (H-gamma1_L-lambda2)_scFvkh-G1(h-CH2-CH3), anti-[*Homo sapiens* FOLH1 (folato hidrolasa, antígeno membranario específico de la próstata, PSMA)] y anti-[*Homo sapiens* CD28 (glicoproteína de superficie CD28 específica de las células T, TP44)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*, biespecífico; cadena pesada H-gamma1 *Homo sapiens* anti-FOLH1 hole (H) (1-450) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-30-5*03 (93.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens*IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, 6-G1v14-67 CH2 A1.3, A1.2, S27, 14-G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole), 10-G1v83 CH3 R115, F116 (CH1 R120>K (217) (121-218), bisagra 1-15 (219-233), CH2 L1.3>A (237), L1.2>A (238), D27>S (268) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361), T22>S (369), L24>A (371), Y86>V (410), H115>R (438), Y116>F (439) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-212')-disulfuro con la cadena ligera L-lambda2 *Homo sapiens* anti-FOLH1 (L') (1'-213') [V-lambda (*Homo sapiens* IGLV3-25*01 (97.9%) -IGLJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.10] (26-31.49-51.88-97)) (1'-107') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (C-LAMBDA2) (108'-213')]; cadena pesada scFvkh-G1(h-CH2-CH3) *Homo sapiens* anti-CD28 (knob) (H") (1"-478") [scFvkh *Homo sapiens* anti-CD28, 11-scFv-v4 C48 (VH)-C10 enlace, C13 enlace-C120 (VL) (1"-246") [VH C48 (*Homo sapiens*IGHV3-23*01 (96.9%) -IGHD -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.14] (26"-33".51"-58".97"-110") K48>C (43")) (1"-221") -18-mer (triglicil-seril-diglicil-seril-diglicil-cisteinil C10 (131")-diprolil-cisteinil C13 (134")-diglicil-seril-diglicil) enlace (122"-139") -V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-39*01 (98.9%) -IGKJ2*02 (90.9%) Q120>C (239'), CDR-IMGT [6.3.9] (166"-171".189"-191".228"-236")) (140"-246")] -*Homo sapiens*IGHG1*03v h-CH2-CH3-CHS, nG1m1 CH3 E12, M14, 15-G1v37 h S5, 6-G1v14-67 CH2 A1.3, A1.2, S27, 14-G1v32 CH3 W22 (knob) (bisagra1-15 C5>S (251")) (247"-261"), CH2 L1.3>A (265"), L1.2>A (266"), D27>S (296") (262"-371"), CH3 E12 (387"), M14 (389"), T22>W (397") (372"-476"), CHS (477"-478")) (247"-478")); dímero (229-257":232-260")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa
inmunoestimulante, antineoplásico

3074815-79-2

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: H-gamma1 anti-FOLH1 (hole) (H)		
QVQLVESGGG	VVQPGRLRL	SCAASGFTFS
IYYDESNKY	ADSVKGRFTI	SRDISKNTLY
GRDYYGMDVW	GQGTITVTSS	ASTKGPSVFP
DYFPEPVTVS	WNSGALTSGV	HTFPAVLQSS
YICNVNHPKS	NTKVDKKVEP	KSCDKHTTCTP
KDTLMISRTPE	EVTCTVVSVS	HEDPEVKFNW
STYRVVSVLT	VLHQDWLNGK	EYKCKVSNKA
VYTLPPSREE	MTKNQVSLSC	AVKGFYPSDI
LDSDGSFFLV	SKLTVDKSRW	QQGNVFSCSV
		MHEALHNRFT
		QKSLSLSPGK
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: L-lambda2 anti-FOLH1 (L')		
SYELMQPPSV	SVSPGQTARI	TCSGDALPKQ
SERPSGIPVR	FSGSSSGTTV	TLTITGVQAE
GTKVTVLGQP	KAAPSVTLFP	PSSEELQANK
ADSSPVKAGV	ETTTPSKQSN	NKYAASSYLS
STVEKTVAPT	ECS	
Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: scFvhk-G1(h-CH2-CH3) anti-CD28 (knob) (H')		
EVQLLESGGG	LVQPGGSLRL	SCAASGFTFS
ISGSGDSTYY	ADSVKGRFTI	SRDNSKNTLY
PGLRQVGFYD	WGQGTILTVS	SGGGSGGSGG
SASVGRDVTI	TCRASQSISS	YLNWYQQKPG
FSGSGSGTDF	TLTISSSLQPE	DFATYYCQQV
SDKTHTCPPC	PAPEAAGGPS	VFLFPPKPKD
DPEVKFNWYV	DGVEVHNAKT	KPREEQYNST
KCKVSNKALP	APIEKTISKA	KGQPREPQVY
KGFPYPSDIAV	EWESNGQPEN	NYKTPPPVLD
GNVFSCSVMH	EALHNHYTQK	SLSLSPGK
Post-translational modifications		
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro		
Intra-H (C23-C104) 22"-96" 147-203 264-324 370-428		
Intra-H' (C23-C104) 22"-96" 162"-227" 292"-352" 398"-456"		
Intra-L' (C23-C104) 22"-87" 135"-194"		
Intra-H" (VH C48-linker C10)* 43"-131"		
Intra-H" (linker C13-VH C120)* 134"-239"		
Inter-H-L' (h 5-CL 126) 223-212"		
Inter-H-H" (h 11, h 14) 229-257" 232-260"		
*Engineered additional disulfide bonds to stabilize the scFv (variant 11-scFv-v4).		
N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal		
Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl) / pyroglutamyle (pE, 5-oxopropyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)		
H VH Q1: 1		
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación		
H CH2 N84.4: 300, 328"		
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados		
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal		
H CHS K2: 450, 478"		

Ioradisgenum parvecum #

Ioradisgene parvec

recombinant non-replicating adeno-associated virus serotype 8 (rAAV8) vector encoding a codon-optimised miniaturized human dystrophin (hMD1) with rod domains 4-23 deleted and a C-terminal truncation (micro-dystrophin variant ΔR4-R23/ΔCT) under control of the synthetic promoter Spc5.12 and terminated by a simian virus 40 (SV40) polyadenylation (polyA) sequence; flanked by AAV2 inverted terminal repeats (ITRs)
gene therapy (Duchenne muscular dystrophy)

loradisgène parvec

vecteur de virus adéno-associé de sérotype 8 recombinant (rAAV8), non répliatif, codant une dystrophine humaine miniaturisée à codons optimisés (hMD1), présentant une délétion des domaines de tige 4 à 23, et une troncature C-terminale (variant de micro-dystrophine $\Delta R4-R23/\Delta CT$), sous le contrôle du promoteur synthétique Spc5.12, et terminé par une séquence de polyadénylation (polyA) du virus simien 40 (SV40); flanqué de répétitions terminales inversées (ITRs) AAV2
thérapie génique (myopathie de Duchene)

loradisgén parvec

vector de virus adenoasociado del serotipo 8 recombinante (rAAV8), no replicativo, que codifica, con codones optimizados, una distrofina humana miniaturizada (hMD1) con delección de los dominios de varilla 4-23 y un truncamiento C-terminal (microdistrofina variante $\Delta R4-R23/\Delta CT$) bajo el control del promotor sintético Spc5.12 y terminado por una secuencia de poliadenilación (poliA) del virus simio 40 (SV40); flanqueado por repeticiones terminales invertidas (ITRs) del AAV2
terapia génica (distrofia muscular de Duchene)

2446751-49-9

loruflufolastatium (^{18}F)loruflufolastat (^{18}F)

N-({ N^6 -[6-(^{18}F)fluoro-2-methoxypyridine-3-carbonyl]-L-lysine- N^2 -yl}carbonyl)-L-glutamic acid
radiolabelled diagnostic agent

loruflufolastat (^{18}F)

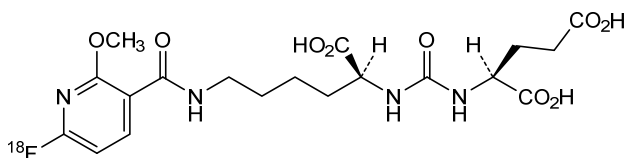
acide *N*-({ N^6 -[6-(^{18}F)fluoro-2-méthoxypyridine-3-carbonyl]-L-lysine- N^2 -yl}carbonyl)-L-glutamique
produit radiomarqué à usage diagnostique

loruflufolastat (^{18}F)

ácido *N*-({ N^6 -[6-(^{18}F)fluoro-2-metoxipiridina-3-carbonil]-L-lisina- N^2 -il}carbonil)-L-glutámico
radiofármaco de uso diagnóstico

 $\text{C}_{19}\text{H}_{25}^{18}\text{FN}_4\text{O}_9$

2376603-11-9

**lumipodlinum**

lumipodlin

(1 2 S,12 2 S)-3 4 ,10 4 -dicyclopropyl-6 2 ,7 2 -dimethyl-4,9-dioxo-5,8-diaza-3(5,2),10(2,5)-dipyridina-1,12(1)-dipiperidina-6,7(1,3)-dibenzenadodecaphane-1 2 ,12 2 -dicarboxylic acid
programmed cell death ligand 1 (PD-L1) inhibitor, antineoplastic

lumipodline

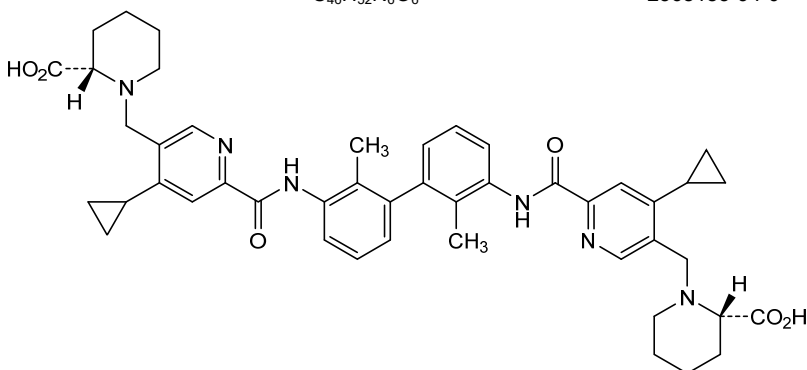
acide (1²S,12²S)-3⁴,10⁴-dicyclopropyl-6²,7²-diméthyl-4,9-dioxo-5,8-diaza-3(5,2),10(2,5)-dipyridina-1,12(1)-dipipéridina-6,7(1,3)-dibenzénadodécaphane-1²,12²-dicarboxylique
inhibiteur de PD-L1 (ligand 1 de la mort cellulaire programmée), antinéoplasique

lumipodlina

ácido (1²S,12²S)-3⁴,10⁴-díciclopropil-6²,7²-dimetil-4,9-dioxo-5,8-diaza-3(5,2),10(2,5)-dipiridina-1,12(1)-dipiperidina-6,7(1,3)-dibecenadodecafano-1²,12²-dicarboxílico
inhibidor del ligando 1 de muerte celular programada (PD-L1), antineoplásico

C₄₆H₅₂N₆O₆

2368183-94-0

**lutetium (¹⁷⁷Lu) olifolastatum tetraxetanum**lutetium (¹⁷⁷Lu) olifolastat tetraxetan

[N-({N⁶-[3-(naphthalen-2-yl)-N-(2-[[4,7,10-tris(carboxylato-κO-methyl)-1,4,7,10-tetraazacyclododecan-1-yl-κ⁴N¹,N⁴,N⁷,N¹⁰]acetyl-κO)-1,2,3,4-tetrahydroisoquinoline-6-carbonyl]-L-alanyl]-N²-L-lysino}carbonyl)-L-glutamic acid)(¹⁷⁷Lu)]lutetium
radiopharmaceutical, antineoplastic

lutécium (¹⁷⁷Lu) olifolastat tétraxétan

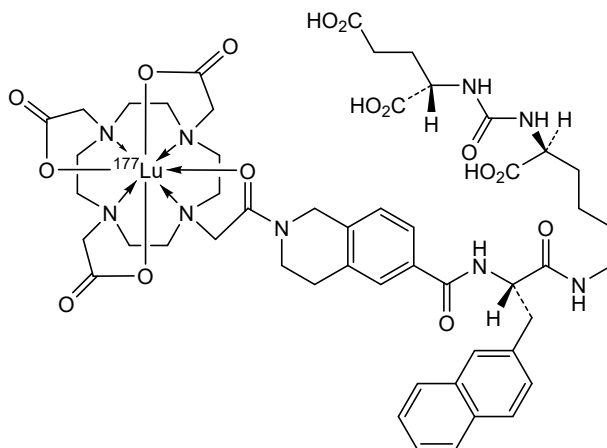
[acide N-({N⁶-[3-(naphthalén-2-yl)-N-(2-[[4,7,10-tris(carboxylato-κO-méthyl)-1,4,7,10-tétraazacyclododécan-1-yl-κ⁴N¹,N⁴,N⁷,N¹⁰]acétyl-κO)-1,2,3,4-tétrahydroisoquinoline-6-carbonyl]-L-alanyl]-N²-L-lysino}carbonyl)-L-glutamique)(¹⁷⁷Lu)]lutécium
radiopharmaceutique, antinéoplasique

lutecio (¹⁷⁷Lu) olifolastat tetraxetán

[ácido N-({N⁶-[3-(naftalen-2-il)-N-(2-[[4,7,10-tris(carboxilato-κO-metil)-1,4,7,10-tetraazacyclododecan-1-il-κ⁴N¹,N⁴,N⁷,N¹⁰]acetil-κO)-1,2,3,4-tetrahydroisoquinolina-6-carbonil]-L-alanil]-N²-L-lisino}carbonil)-L-glutamico)(¹⁷⁷Lu)]lutecio
radiofármaco, antineoplásico

C₅₁H₆₄¹⁷⁷LuN₉O₁₆

3074959-67-1



lutetium (¹⁷⁷Lu) talogreptidum vizaxetanum

lutetium (^{177}Lu) talogreptide vizaxetan

[N-[(4-(2-{4,7,10-tris[(carboxylato-κO)methyl]-1,4,7,10-tetraazacyclododecan-1-yl-κN,N',N'',N''')acetamido-κO)piperidin-1-yl]acetyl)-D-phenylalanyl-L-glutaminylyl-L-tryptophyl-L-alanyl-L-valylglycyl-L-histidyl-(3*S*,4*S*)-4-amino-3-hydroxy-6-methylheptanoyl-L-leucinamide)](¹⁷⁷Lu)lutetium

radiotherapeutic agent, antineoplastic

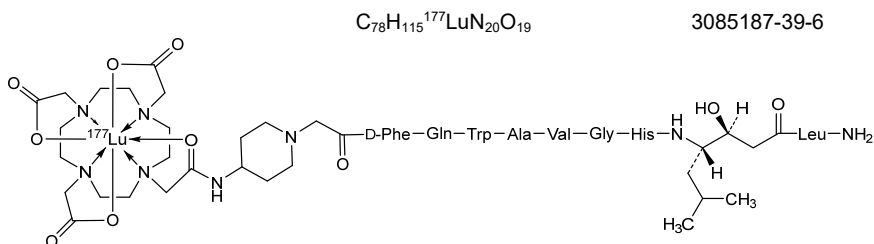
lutécium (^{177}Lu) talogreptide vizaxétan

[N-[[4-(2-{4,7,10-tris[(carboxylato-κO)méthyl]-1,4,7,10-tétrazacyclododécane-1-yl-κ^{N1},^{N4},^{N7},^{N10}}acétamido-κO)pipéridin-1-yl]acétyl]-D-phénylalaninyl-L-glutaminyll-L-tryptophyll-L-alanyl-L-valylglycyl-L-histidyl-(3*S*,4*S*)-4-amino-3-hydroxy-6-méthylheptanoyl-L-leucinamide](¹⁷⁷Lu)lécétium

agent radiothérapeutique, antinéoplasique

lutecio (^{177}Lu) talogreptida vizaxetán

[N-{4-(2-(4,7,10-tris[(carboxilato-kO)metil]-1,4,7,10-tetraazaciclododecan-1-il-k^{N'},N^{N'},N^{N'},N^{N'})acetamido-kO)piperidin-1-il]acetil]-D-fenilalanil-L-glutaminil-L-triptofil-L-alanil-L-valilglicil-L-histidil-(3*S*,4*S*)-4-amino-3-hidroxi-6-metilheptanóil-L-leucinamida)⁽¹⁷⁷⁾lutecio
agente de radioterapia. antineoplásico



lutetium (^{177}Lu) zaregreptidum dizuxetanumlutetium (^{177}Lu) zaregreptide dizuxetan

[N-({2-oxo-2-[4-({2-[4,7,10-tris(carboxylato- κO -methyl)-1,4,7,10-tetraazacyclododecan-1-yl- $\kappa^4\text{N}^1, \text{N}^4, \text{N}^7, \text{N}^{10}$]acetamido- κO)methyl)anilino]ethoxy)acetyl)-D-phenylalanyl-L-glutaminy-L-tryptophyl-L-alanyl-L-valylglycyl-N-(2,6-dimethylheptan-4-yl)-L-histidinamide)](^{177}Lu)lutetium
radiotherapeutic agent, antineoplastic

lutécium (^{177}Lu) zarágreptide dizuxétan

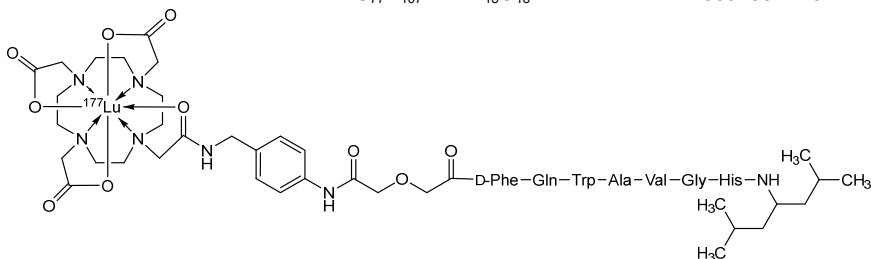
[N-({2-oxo-2-[4-({2-[4,7,10-tris(carboxylato- κO -méthyl)-1,4,7,10-tétraazacyclododécane-1-yl- $\kappa^4\text{N}^1, \text{N}^4, \text{N}^7, \text{N}^{10}$]acétamido- κO)méthyl)anilino]éthoxy)acétyl)-D-phénylalanil-L-glutaminy-L-tryptophyl-L-alanyl-L-valylglycyl-N-(2,6-diméthylheptan-4-yl)-L-histidinamide)](^{177}Lu)lutécium
agent radiothérapeutique, antinéoplasique

lutecio (^{177}Lu) zaregreptido dizuxetán

[N-({2-oxo-2-[4-({2-[4,7,10-tris(carboxilato- κO -metil)-1,4,7,10-tetraazaciclododecan-1-il- $\kappa^4\text{N}^1, \text{N}^4, \text{N}^7, \text{N}^{10}$]acetamido- κO)metil)anilino]etoxi)acetil)-D-fenilalanil-L-glutaminy-L-tryptofil-L-alanyl-L-valilglicil-N-(2,6-dimetilheptan-4-il)-L-histidinamida)](^{177}Lu)lutecio
agente de radioterapia, antineoplásico

 $\text{C}_{77}\text{H}_{107}^{177}\text{LuN}_{18}\text{O}_{18}$

1589488-42-5

**luxafimlocum**

luxafimloc

(7*R*)-2,6-anhydro-7-*C*-(3',5'-difluoro-3-methyl[1,1'-biphenyl]-4-yl)-*D*-glycero-*D*-manno-heptitol
Escherichia coli fimbrial (*FimH*) adhesin inhibitor

luxafimloc

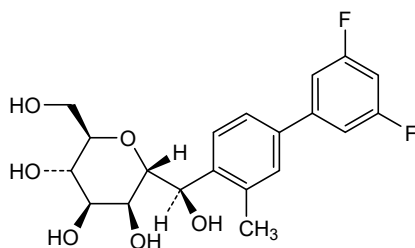
(7*R*)-2,6-anhydro-7-*C*-(3',5'-difluoro-3-méthyl[1,1'-biphényl]-4-yl)-*D*-glycéro-*D*-manno-heptitol
inhibiteur de l'adhésine fimbriale (FimH) d'Escherichia coli

luxafimloc

(7*R*)-2,6-anhidro-7-*C*-(3',5'-difluoro-3-metil[1,1'-bifenil]-4-il)-*D*-glicero-*D*-manno-heptitol
inhibidor de la adhesina fimbrial (FimH) de Escherichia coli

 $\text{C}_{20}\text{H}_{22}\text{F}_2\text{O}_6$

2408524-70-7

**macotiromum**

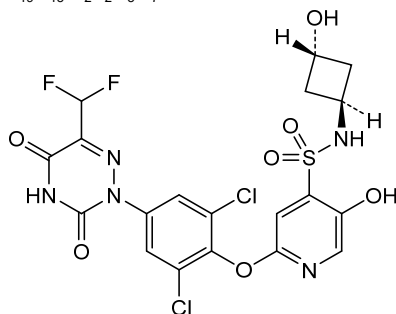
macotirom 2-{2,6-dichloro-4-[6-(difluorométhyl)-3,5-dioxo-4,5-dihydro-1,2,4-triazin-2(3*H*)-yl]phénoxy}-5-hydroxy-*N*-(*trans*-3-hydroxycyclobutyl)pyridine-4-sulfonamide
thyroid hormone beta receptor agonist

macotirom 2-{2,6-dichloro-4-[6-(difluorométhyl)-3,5-dioxo-4,5-dihydro-1,2,4-triazin-2(3*H*)-yl]phénoxy}-5-hydroxy-*N*-(*trans*-3-hydroxycyclobutyl)pyridine-4-sulfonamide
agoniste des récepteurs bêta de l'hormone thyroïdienne

macotirom 2-{2,6-dicloro-4-[6-(difluorometil)-3,5-dioxo-4,5-dihidro-1,2,4-triazin-2(3*H*)-il]fenoxi}-5-hidroxi-*N*-(*trans*-3-hidroxiciclobutil)piridina-4-sulfonamida
agonista del receptor beta de la hormona tiroidea

C₁₉H₁₅Cl₂F₂N₅O₇S

2673409-79-3

**mevegtatugum #**

mevegtatug immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* F3 (coagulation factor III (thromboplastin, tissue factor), CD142)], humanized monoclonal antibody; H-gamma1 heavy chain humanized (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (215) (119-216), hinge 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 D12 (357), L14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-214')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (87.2%) -IGKJ2*01 (91.7%) L124>V (104'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimer (227-227":230-230")-bisdisulfide, produced in a cell line of Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, glycoform alfa
antineoplastic

mévegtatug immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* F3 (facteur de coagulation III (thromboplastine, facteur tissulaire), CD142)]; anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (215) (119-216), charnière 1-15 (217-231), CH2

(232-341), CH3 D12 (357), L14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (87.2%) -IGKJ2*01 (91.7%) L124>V (104'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimère (227-227":230-230")-bisdisulfure, produit dans une lignée cellulaire des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa antineoplasique

mevegtatug immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* F3 (factor de coagulación III (tromboplastina, factor tisular), CD142)]; anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (215) (119-216), bisagra 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 D12 (357), L14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (87.2%) -IGKJ2*01 (91.7%) L124>V (104'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dímero (227-227":230-230")-bisdisulfuro, producido en una línea celular de las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, forma glicosilada alfa antineoplásico

3074785-85-3

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H")
QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT TYWMHWVRQA PGQGLEWMGM 50
IDPDSYTSY AQKPGGRVTL TVDTSTSTAY MELSSLRSED TAVYYCTRGS 100
GPGLFAYWGQ GTLVTVSSAS TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY 150
FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI 200
CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPELLGGPS VFLFPPKPKD 250
TLMISRTPEV TCVVKVDVSHS DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY 350
TLPSPRDELT KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTFPVLD 400
SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L")
DIQETQSPSS LSASVGDRVT ITCRASQGIS NYLNMWYQKP GKAPKLLIYH 50
TSRLHSGVPS RFGSGVSGTD FTLTISLQEP EDFATYFCQQ GNTLPYTFQG 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIIPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSTLT LSKADYERHK VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 145'-201" 262"-322" 368"-426"
22"-96" 145"-201" 262"-322" 368"-426"
Intra-L (C23-C104) 23'-88" 134'-194"
23"-88" 134"-194"
Inter-H-L (h 5-CL 126) 221'-214' 221"-214"
Inter-H-H (h 11, h 14) 227'-227" 230-230"

N-terminal glutaminy cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal
Q> pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl) / pyroglutamide (pE, 5-oxopropyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxopropilo)
H VH Q1: 1, 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 298, 298"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires
complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 448, 448"

mevegtatugum pelitecanum #
mevegtatug pelitecan immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* F3 (coagulation factor III (thromboplastin, tissue factor), CD142)], humanized monoclonal antibody; conjugated on eight cysteinyl residues to *pelitecan*, comprising a linker and a camptothecin derivative;
H-gamma1 heavy chain humanized (1-448) [VH (*Homo sapiens*

IGHV1-46*01 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (215) (119-216), hinge 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 D12 (357), L14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-214')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (87.2%) -IGKJ2*01 (91.7%) L124>V (104'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimer (227-227":230-230")-bisdisulfide, produced in a cell line of Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, glycoform alfa; substituted at the sulfur atoms of the eight L-cysteiny residues 221, 227, 230, 214', 221", 227", 230" and 214"" with 5-[(11S,14S)-11-[4-(dipropylamino)butyl]-1-[(7S)-7-ethyl-7-hydroxy-8,11-dioxo-7,8,11,13-tetrahydro-2H,10H-[1,3]dioxolo[4,5-g]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinolin-14-yl]-7,10,13,16-tetraoxo-14-(propan-2-yl)-4-oxa-6,9,12,15-tetraazahenicos-20-yn-21-yl]pyrimidin-2-yl (*pelitecan*) groups
antineoplastic

mévégstatug pélitécán

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* F3 (facteur de coagulation III (thromboplastine, facteur tissulaire), CD142)]; anticorps monoclonal humanisé; conjugué par huit résidus cystéinyle au *pelitécán*, comprenant un coupleur et un dérivé de la camptothécine; chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (215) (119-216), charnière 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 D12 (357), L14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (87.2%) -IGKJ2*01 (91.7%) L124>V (104'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimère (227-227":230-230")-bisdisulfure, produit dans une lignée cellulaire des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa; substitué sur les atomes de soufre des huit résidus L-cystéinyle 221, 227, 230, 214', 221", 227", 230" et 214"" avec des groupes 5-[(11S,14S)-11-[4-(dipropylamino)butyl]-1-[(7S)-7-éthyl-7-hydroxy-8,11-dioxo-7,8,11,13-tétrahydro-2H,10H-[1,3]dioxolo[4,5-g]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinoléin-14-yl]-7,10,13,16-tétraoxo-14-(propan-2-yl)-4-oxa-6,9,12,15-tétraazahenicos-20-yn-21-yl]pyrimidin-2-yle (*pélitécán*)
antineoplasique

mevegtatug pelitecán

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* F3 (factor de coagulación III (tromboplastina, factor tisular), CD142)]; anticuerpo monoclonal humanizado; conjugado por ocho residuos cisteinilo con *pelitecán*, que comprende un conector y un derivado de la camptotecina; cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (215) (119-216), bisagra 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 D12 (357), L14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (87.2%) -IGKJ2*01 (91.7%) L124>V (104'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dímero (227-227":230-230")-bisdisulfuro, producido en una

línea celular de las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, forma glicosilada alfa; sustituido en los átomos de azufre de los ocho residuos L-cisteinilo 221, 227, 230, 214', 221'', 227'', 230'' y 214''' con grupos 5-[(11S,14S)-11-[4-(dipropilamino)butil]-1-[(7S)-7-etil-7-hidroxi-8,11-dioxo-7,8,11,13-tetrahidro-2H,10H-[1,3]dioxolo[4,5-g]pirano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinolein-14-il)-7,10,13,16-tetraoxo-14-(propan-2-il)-4-oxa-6,9,12,15-tetraazahenicos-20-in-21-il]pirimidin-2-ilo (*pelitecan*)
antineoplásico

3074785-87-5

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H')

```
QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT TYWMHWVRQA PGQGLEWMGM 50
IDPSDSYTSY AQKFQGRVTL TVDTSTSTAY MELSSLSRSED TAVYYCTRGS 100
GPGGLFAYWGQ GTLVTVSSAS TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY 150
FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL YSLSSVTVTP SSSLGTQTYI 200
CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHCTPPC PAPELLGGPS VFLEFPKPKD 250
TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNS 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY 350
TLPSPSRDEL TKNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD 400
SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ GNVFSCSVMH EALHNYTQK SLSLSPGK 448
```

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L')

```
DIQETQSPSS LSASVGRVT ITCRASQGIS NYLNWYQQKP GKAPKLLIYH 50
TSRLHSGVPS RFSGSVSGTD FTLTISLQEP EDFATYFCQG GNTLPYTFQG 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEC 214
```

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22-96 145'-201' 262"-322' 368'-426"
22"-96" 145"-201" 262"-322" 368"-426"
Intra-L (C23-C104) 23'-88' 134'-194'
23'''-88''' 134'''-194'''

Inter-H-L (h 5-CL 126)* 221'-214' 221"-214"

Inter-H-H (h 11, h 14)* 227-227" 230-230"

*The inter-chain disulfide bridges are not present, the eight cysteinyl are conjugated, each via a thioether bond, to a drug linker.

*Les ponts disulfures inter-chaînes ne sont pas présents, les huit cystéinyl sont conjugués, chacun via une liaison thioéther, à un coupleur-principe actif.

*Los puentes disulfuro inter-catenarios no están presentes, los ocho cisteinil están conjugados, cada uno a través de un enlace tioéter, a un conector de fármaco.

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal

Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxoprollyl) / pyroglutamide (pE, 5-oxoprolyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)
H VH Q1: 1, 1"

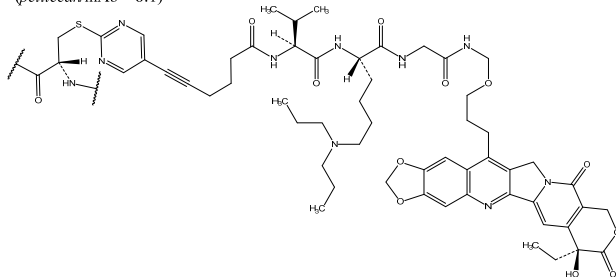
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 298, 298"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 448, 448"

Potential modified residues / résidus modifiés potentiels / restos modificados potenciales*

C (221, 227, 230, 214', 221'', 227'', 230'', 214''')

*(*pelitecan*/mAb ~ 8:1)

moleroxetinum

moleroxetine

(3S)-3-[(1,3-benzodioxol-4-yl)oxy]-N-methyl-3-(thiophen-2-yl)propan-1-amine
serotonin and norepinephrin reuptake inhibitor, antidepressant

moléroxétine

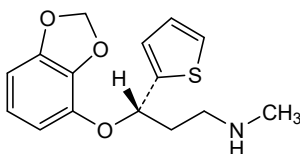
(3S)-3-[(1,3-benzodioxol-4-yl)oxy]-N-méthyl-3-(thiophén-2-yl)propan-1-amine
inhibiteur de la recapture de la sérotonine et de la norépinéphrine, antidépresseur

moleroxetina

(3S)-3-[(1,3-benzodioxol-4-il)oxi]-N-metil-3-(tiofen-2-il)propan-1-amina
inhibidor de la recaptación de la serotonina y la norepinefrina, antidepresivo

C₁₅H₁₇NO₃S

1417918-09-2

**mosdaprubartum #**

mosdaprubart

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD40LG (CD40 ligand, CD40L, tumor necrosis factor ligand superfamily member 5, TNFSF5, tumor necrosis factor related activation protein, TRAP, CD154)], monoclonal antibody;
 H-gamma4 heavy chain (1-445) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV1-47-14*01 (88.8%) -(IGHD) - IGHJ3*01 (90.9%) A128>S (118)/*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (76.5%) -(IGHD) - IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) - *Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10 (CH1 (119-216), hinge 1-12 S10>P (226) (217-228), CH2 L1.2>A (233), L92 (307) (229-338), CH3 (339-443), CHS (444-445)) (119-445)], (132-218')-disulfide with L-kappa light chain (1'-218') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV3-7*01 (87.9%) -IGKJ1*02 (100%)/*Homo sapiens* IGKV3-11*01 (75.5%) -IGKJ4*01 (90.9%) V124>L (108'), CDR-IMGT [10.3.9] (27'-36'.54'-56'.93'-101')) (1'-111') - *Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (157'), V101 (195')) (112'-218')]; dimer (224-224'::227-227')-bisdisulfide, produced in a cell line of Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-DXB11, glycoform alfa
immunosuppressant

mosdaprubart

immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* hétérodimère CD40LG (CD40 ligand, CD40L, membre 5 de la superfamille des ligands facteurs de nécrose tumorale, TNFSF5, protéine d'activation apparentée au

facteur de nécrose tumorale, TRAP, CD154)], anticorps monoclonal; chaîne lourde H-gamma4 (1-445) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV1-47-14*01 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (90.9%) A128>S (118)/*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (76.5%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10 (CH1 (119-216), charnière 1-12 S10>P (226) (217-228), CH2 L1.2>A (233), L92 (307) (229-338), CH3 (339-443), CHS (444-445)) (119-445)], (132-218')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa (1'-218') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV3-7*01 (87.9%) -IGKJ1*02 (100%)/*Homo sapiens* IGKV3-11*01 (75.5%) -IGKJ4*01 (90.9%) V124>L (108'), CDR-IMGT [10.3.9] (27'-36'.54'-56'.93'-101')) (1'-111') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (157'), V101 (195')) (112'-218')]; dimère (224-224":227-227")-bisdisulfure, produit dans une lignée cellulaire des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-DXB11, glycoforme alfa immunosuppresseur

mosdaprubart

inmunoglobulina G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* heterodímero CD40LG (CD40 ligando, CD40L, miembro 5 de la superfamilia de los ligandos factores de necrosis tumoral, TNFSF5, proteína de activación asociada al factor de necrosis tumoral, TRAP, CD154)], anticuerpo monoclonal; cadena pesada H-gamma4 (1-445) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV1-47-14*01 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (90.9%) A128>S (118)/*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (76.5%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10 (CH1 (119-216), bisagra 1-12 S10>P (226) (217-228), CH2 L1.2>A (233), L92 (307) (229-338), CH3 (339-443), CHS (444-445)) (119-445)], (132-218')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa (1'-218') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV3-7*01 (87.9%) -IGKJ1*02 (100%)/*Homo sapiens* IGKV3-11*01 (75.5%) -IGKJ4*01 (90.9%) V124>L (108'), CDR-IMGT [10.3.9] (27'-36'.54'-56'.93'-101')) (1'-111') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (157'), V101 (195')) (112'-218')]; dímero (224-224":227-227")-bisdisulfuro, producido en una línea celular de las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-DXB11, forma glicosilada alfa immunosupresor

3085188-36-6

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H', H'')
QVQLVQSGAE VVKPGASVKL SCKASGYIFT SYMYWVKQA PGQGLEWIGE 50
INPSNGDTNF NEKFKSKATL TVDKSASTAY MELSSLRSED TAVYYCTRSD 100
GRNDMDSWGQ GTLTVVSSAS TKGPSVFPLA PCSRSTSEST AALGCLVKDY 150
FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL YSLSSVVTVP SSSLGKTITYT 200
CNVDHKPSNT KVDKRVESKY GPPCPPCPAP EFAGGPSVFL FPPKPKDTLM 250
ISRTEPVTICV VVDVSQEDPE VQFNWYVDGV EVHNAKTKPR EEQFNSTYRV 300
VSVLTVLHQD WLNGKEYKCK VSNKGLPSSI EKTISKAKGQ PREPQVYTL 350
PSQEEMTKNQ VSLTCLVKGF YPSDIAVEWE SNGQPENNYK TTPPVLDSDG 400
SFFLYSRLTV DKSRWQEGNV FSCSVMEAL HNHYTQKSLS LSLGK 445

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L', L'')
DIVLTQSPAT LSVSPGERAT ISCRASQVRV SSTYSYMHWY QQKPGQPPKL 50
LIKAYSNLES GVPARFSGSG SGTDFTLTIS SVPEDEFATY YQHSWEIIP 100
TFGGGKTLEI KRTVAAPSVF IFPPSDEQLK SGTASVVCLL NNFYPREAKV 150
QWKVDNALQS GNSQESVTEQ DSKDSTYSLS STLTLKADY EKHKVYACEV 200
THQGLSSPVT KSFNRGEC 218

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 145-201 259-319 365-423
22"-96" 145"-201" 259"-319" 365"-423"
Intra-L (C23-C104) 23'-92' 138'-198'
23'''-92''' 138'''-198'''
Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 132-218' 132"-218"
Inter-H-H (h 8, h 11) 224-224" 227-227"

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal
Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl) / pyroglutamyle (pE, 5-oxopropyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxopropilo)
H VH Q1: 1, 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 295, 295"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 445, 445"

mosipasertibum
mosipasertib

2⁵-amino-15-methyl-5³-[(methylamino)methyl]-6,9,12-trioxa-16λ⁶-thia-4,15-diaza-2(2,6)-pyrazina-1(1,4),5(1,2)-dibenzenacyclohexadecaphane-3,16,16-trione
serine/threonine kinase inhibitor, antineoplastic

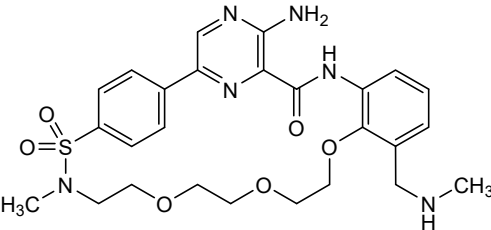
mosipasertib

2⁵-amino-15-méthyl-5³-[(méthylamino)méthyl]-6,9,12-trioxa-16λ⁶-thia-4,15-diaza-2(2,6)-pyrazina-1(1,4),5(1,2)-dibenzénacyclohexadécaphane-3,16,16-trione
inhibiteur de kinases sérine/thréonine, antinéoplasique

mosipasertib

2⁵-amino-15-metil-5³-[(metilamino)metil]-6,9,12-trioxa-16λ⁶-tia-4,15-diaza-2(2,6)-pirazina-1(1,4),5(1,2)-dibencenaciclohexadecafano-3,16,16-triona
inhibidor de la kinasa de serina/treonina, antineoplásico

C₂₆H₃₂N₆O₆S 1903809-77-7



murafenacinum

murafenacin

6-{3-[4,4-difluoro-4-(2-methoxypyridin-4-yl)butanoyl]-3,8-diazabicyclo[3.2.1]octan-8-yl}pyridine-3-carbonitrile
muscarinic receptor antagonist

murafénacine

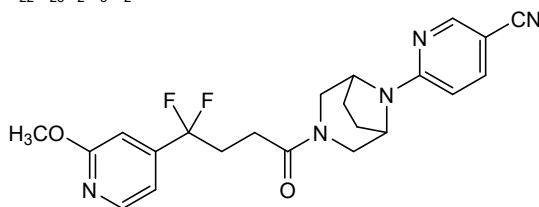
6-{3-[4,4-difluoro-4-(2-méthoxypyridin-4-yl)butanoyl]-3,8-diazabicyclo[3.2.1]octan-8-yl}pyridine-3-carbonitrile
antagoniste des récepteurs muscariniques

murafenacina

6-{3-[4,4-difluoro-4-(2-metoxipiridin-4-il)butanoil]-3,8-diazabicyclo[3.2.1]octan-8-il}piridina-3-carbonitrilo
antagonista de los receptores muscarinicos

C₂₂H₂₃F₂N₅O₂

2639963-52-1

**murunprubartum #**

murunprubart

immunoglobulin G4-lambda2, anti-[*Homo sapiens* S100A8/S100A9 heterodimer (S100 calcium binding protein A8 and S100 calcium binding protein A9)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;
H-gamma4 heavy chain *Homo sapiens* (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (98.0%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 10-G4v110 delK2 (CH1 (120-217), hinge 1-12 S10>P (227) (218-229), CH2 L92 (308) (230-339), CH3 (340-444), CHS K2>del (445)) (120-445)], (133-212')-disulfide with L-lambda2 light chain *Homo sapiens* (1'-213') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV3-1*01 (88.0%) -IGLJ3*02 (100%), CDR-IMGT [6.3.10] (26-31.49-51.88-97)) (1'-107') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (C-LAMBDA2) (108'-213')]; dimer (225-225'':228-228'')-bisdisulfide, produced in a cell line of Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, glycoform alfa
anti-inflammatory, immunosuppressant

murunprubart

immunoglobuline G4-lambda2, anti-[*Homo sapiens* hétérodimère S100A8/S100A9 (la protéine A8 de liaison au calcium S100 A8 et la protéine A9 de liaison au calcium S100)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;
chaîne lourde H-gamma4 *Homo sapiens* (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (98.0%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 10-G4v110 delK2 (CH1 (120-217), charnière 1-12 S10>P (227) (218-229), CH2 L92 (308) (230-339), CH3 (340-444), CHS K2>del (445)) (120-445)], (133-212')-disulfure avec la chaîne légère L-lambda2 *Homo sapiens* (1'-213') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV3-1*01 (88.0%) -IGLJ3*02 (100%), CDR-IMGT [6.3.10] (26-31.49-51.88-97)) (1'-107') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (C-LAMBDA2) (108'-213')]; dimère (225-225'':228-228'')-bisdisulfure, produit dans une lignée cellulaire des cellules

ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
anti-inflammatoire, immunosuppresseur

murunprubart

immunoglobulina G4-lambda2, anti-[*Homo sapiens* heterodímero S100A8/S100A9 (la proteína A8 de unión al calcio S100 A8 y la proteína A9 de unión al calcio S100)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*;
cadena pesada H-gamma4 *Homo sapiens* (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (98.0%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 10-G4v110 delK2 (CH1 (120-217), bisagra 1-12 S10>P (227) (218-229), CH2 L92 (308) (230-339), CH3 (340-444), CHS K2>del (445)) (120-445)], (133-212')-disulfuro con la cadena ligera L-lambda2 *Homo sapiens* (1'-213') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV3-1*01 (88.0%) -IGLJ3*02 (100%), CDR-IMGT [6.3.10] (26-31.49-51.88-97)) (1'-107') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (C-LAMBDA2) (108'-213')]; dímero (225-225'':228-228'')-bisdisulfuro, producido en una línea celular de las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, forma glicosilada alfa
antiinflamatorio, inmunosupresor

3060352-02-2

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H', H")
EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS SYAMSWVRQA PGKLEWVSA 50
ISGSGGSTYY AASVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARKY 100
RPSRVFDAGW QGTLVTVSSA STKGPSVPEPL APCSRSTSES TAALGCLVKD 150
YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFPVAVLQSSG LYSLSSTVTV PSSSLGKTKY 200
TCNVDHKPSN TKVDKRVESK YGPPCPPCPA PEFLLGGPSVF LFPPKPKDTL 250
MISRTPEVTC VVVDVSQEDP EVQFNWYVDG VEVHNAKTKP REEQFNSTYR 300
VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC KVSNGKLPSS IEKTISKAKG QPREPQVYTL 350
PPSQEEMTKN QVSLTCLVKG FYPSDIAVEW ESNQGPENNY KTTTPVLVDS 400
GSFFLYSRLT VDKSRWQEGN VFSCSVMHFA LHNHYTQKSL SLSLG 445

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L', L")
SYELTQPPSV SVAPGQTARI TCSGDALGDK YASWYQQKPG QAPVLIYIED 50
AKRPSGIPER FSGSNSGNTA TLTISGTQAE DEADYYCQSN DADAVVVFEG 100
GTKLTVLGQP KAAPSVTLFP PSSEELQANK ATLVLCLISDF YPGAFTVAWK 150
ADSSPVKAGV ETTTPSKQSN NKYAASSYLS LTPEQWKSQR SYSCQVTHEG 200
STVEKTVAPT ECS 213

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 146-202 260-320 366-424
22"-96" 146"-202" 260"-320" 366"-424"
Intra-L (C23-C104) 22'-87' 135'-194'
22"'-87'" 135"'-194'"
Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 133-212' 133"-212"
Inter-H-H (h 8, h 11) 225-225" 228-228"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 296, 296"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados

narvesiranum
narvesiran

2'-O-methylcytidyl-yl-(3'→5')-2'-O-methyladenyl-yl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorocytidyl-yl-(3'→5')-2'-O-methylcytidyl-yl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroadenyl-yl-(3'→5')-2'-O-methylguany-yl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroguan-yl-yl-(3'→5')-2'-O-methyladenyl-yl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorocytidyl-yl-(3'→5')-2'-O-methyladenyl-yl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorouridyl-yl-(3'→5')-2'-O-methylcytidyl-yl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroguan-yl-yl-(3'→5')-2'-O-methyluridyl-yl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-

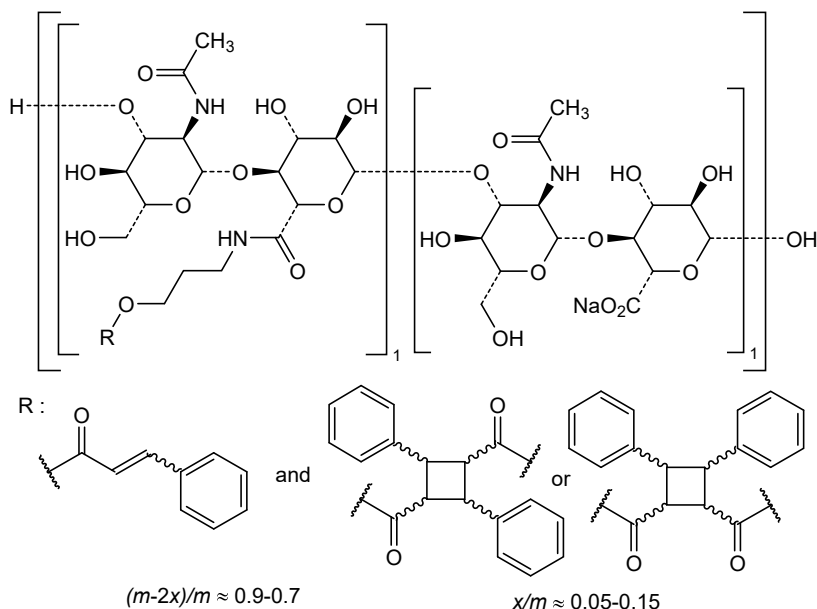
fluoroguanilyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorouridyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorouridine,
 duplex with 2'-O-methylguanylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluorouridyl-(5'→3')-2'-O-methylguanylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroguanilyl-(5'→3')-2'-O-methyluridyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluorocytidyl-(5'→3')-2'-O-methylcytidyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluorouridyl-(5'→3')-2'-O-methylguanylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluorouridyl-(5'→3')-2'-O-methyladenyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroguanilyl-(5'→3')-2'-O-methylcytidyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroadenyl-(5'→3')-2'-O-methylcytidyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroguanilyl-(5'→3')-2'-O-methyladenyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroguanilyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroadenosine
notch-regulated ankyrin repeat protein (NRARP) synthesis reducer, angiogenesis inhibitor

narvésiran

2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-O-méthyladényl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluorocytidyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroadényl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroguanilyl-(3'→5')-2'-O-méthyladényl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluorocytidyl-(3'→5')-2'-O-méthyladényl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluorouridyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroguanilyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroguanilyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluorouridyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluorouridine,
 duplex avec 2'-O-méthylguanylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluorouridyl-(5'→3')-2'-O-méthylguanylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoroguanilyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluorocytidyl-(5'→3')-2'-O-méthylcytidyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluorouridyl-(5'→3')-2'-O-méthylguanylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluorouridyl-(5'→3')-2'-O-méthyladényl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoroguanilyl-(5'→3')-2'-O-méthylcytidyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoroadényl-(5'→3')-2'-O-méthylcytidyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoroguanilyl-(5'→3')-2'-O-méthyladényl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoroguanilyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoroadénosine
réducteur de la synthèse de la protéine à répétitions ankyrine régulée par Notch (NRARP), inhibiteur de l'angiogenèse

narvesiran

2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorocitidilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroadenilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroguanilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorocitidilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorouridilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroguanilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroguanilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorouridilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroadenilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroguanilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroadenosina
reductor de la síntesis de la proteína de repetición de anquirina regulada por Notch (NRARP), inhibidor de la angiogénesis

**netezenibartum #**

netezenibart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* PAPPa (pappalysin 1, pregnancy-associated plasma protein A, insulin-like growth factor-dependent IGF binding protein-4 protease, PAPP-A)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;

H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-3*01 (95.9%) - (IGHD) -IGHJ6*01 (93.8%), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112)) (1-123) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 6-G1v3-1 CH2 A1.2, A1 (CH1 K120 (220) (124-221), hinge 1-15 (222-236), CH2 L1.2>A (241), G1>A (243) (237-346), CH3 D12 (362), L14 (364) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-214')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (95.8%) -IGKJ4*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimer (232-232":235-235")-bisdisulfide, produced in a cell line of Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, glycoform alfa immunomodulator

nétézénibart

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* PAPPa (pappalysine 1, protéine plasmatique A associée à la grossesse, protéase de la protéine de liaison IGF-4 dépendante du facteur de croissance analogue à l'insuline, PAPP-A)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*; chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-3*01 (95.9%) - (IGHD) -IGHJ6*01 (93.8%), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112)) (1-123) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 6-G1v3-1 CH2 A1.2, A1 (CH1 K120 (220) (124-221), charnière 1-15 (222-236), CH2 L1.2>A (241), G1>A (243) (237-346), CH3 D12 (362), L14 (364) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (95.8%) -IGKJ4*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimère (232-232":235-235")-bisdisulfure, produit dans une lignée cellulaire

des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
immunomodulateur

netezenibart

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* PAPPa (papalisina 1, proteína plasmática A asociada al embarazo, proteasa de la proteína de unión IGF-4 dependiente del factor de crecimiento análogo a la insulina, PAPP-A)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*;
cadena pesada H-gamma1 *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-3*01 (95.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (93.8%), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112)) (1-123) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17.1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 6-G1v3-1 CH2 A1.2, A1 (CH1 K120 (220) (124-221), bisagra 1-15 (222-236), CH2 L1.2>A (241), G1>A (243) (237-346), CH3 D12 (362), L14 (364) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-214')-disulfuro con la cadena ligeara L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (95.8%) -IGKJ4*01 (91.7%), CDR -IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dímero (232-232"-235-235")-bisdisulfuro, producido en una línea celular de las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, forma glicosilada alfa
immunomodulador

3080096-33-6

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H")		
QVQLVQSGAE	VKKPGASVKV	SCKASGYTFT SYAMHWVRQA PGQRLEWMGW 50
MNAGTGATKS	SQKFQGRVTI	TRDTSASTAY MELSSLRSED TAVYYCARGP 100
SMETPTTFGM	DVWGQGTIVT	VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC 150
LVKDYFFPEV	TVSWNSGALT	SGVHTFPAVL QSSGLYSLSS VVTPVSSSLG 200
TQTYICNVNH	KPSNTKVDKK	VEPKSCDKTH TCPPCPAPEL AGAPSVFLFP 250
PKPKDTLMIS	RTPEVTCVVV	DVSHEDPEVK FNVYVDGVEV HNAKTKPREE 300
QYNSTYRVVS	VLTVLHQDWL	NGKEYKCKVS NKALPAPIEK TISKAKGQPR 350
EPQVYTLPPS	RDELTKNQVS	LTCLVKGFPY SDIAVEWESN GQPENNYKTT 400
PPVLDSDGSF	FLYSKLTVDK	SRWQQGNVFS CSMHEALHN HYTKSLSL 450
PGK		453

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L")		
DIQMTQSPSS	VSASVGDRVT	ITCRASQGIS RWLAWYQQKP GKAPKLLIYA 50
ASSLQSGVPS	RFSGSGSGTD	FTLTISSLQP EDFATYYCQQ ENAYPFTFFGG 100
GTKVEIKRTV	AAPSVFIFPP	SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD	STYSLSSLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN	RGEC	214

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22"-96 150"-206 267"-327 373"-431
22"-96" 150"-206" 267"-327" 373"-431"

Intra-L (C23-C104) 23'-88' 134'-194'
23'"-88'" 134'"-194'"

Inter-H-L (h 5-CL 126) 226"-214" 226"-214"
Inter-H-H (h 11, h 14) 232-232" 235-235"

N-terminal glutaminy cyclization / Cyclisation du glutaminy N-terminal / Ciclación del glutaminylo N-terminal

Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl) / pyroglutamyle (pE, 5-oxopropyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxopropilo)
H VH Q1: 1, 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 303, 303"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenaricos complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 453, 453"

netitubtidum #

netitubtide recombinant variant of the *Mycobacterium tuberculosis* 10kDa culture filtrate protein (CFP-10, ESAT-6-like protein EsxB, secreted antigenic protein MTSA-10; *esxB*, *Rv3874*; Uniprot: P9WNK5), (¹DTRS⁴>ins) (1-99, 5-103 in the current sequence), produced in *Lactococcus lactis*, non-glycosylated
diagnostic agent (tuberculosis)

nétitubtide variante recombinante de la protéine de filtrat de culture de 10 kDa (CFP-10, protéine EsxB de type ESAT-6, protéine antigénique sécrétée MTSA-10; *esxB*, *Rv3874*; Uniprot: P9WNK5) de *Mycobacterium tuberculosis*, (¹DTRS⁴>ins) (1-99, 5-103 dans la séquence actuelle), produit dans *Lactococcus lactis*, non glycosylé
agent diagnostique (tuberculose)

netitubtida variante recombinante de la proteína de filtrado de cultivo de 10 kDa (CFP-10, proteína EsxB de tipo ESAT-6, proteína antigénica secretada MTSA-10; *esxB*, *Rv3874*; Uniprot: P9WNK5) de *Mycobacterium tuberculosis*, (¹DTRS⁴>ins) (1-99, 5-103 en la secuencia actual), producido en *Lactococcus lactis*, no glicosilado
agente de diagnóstico (tuberculosis)

3084143-64-3

Sequence / Séquence / Secuencia

DTRSAEMKTD AATLAQEAGN FERISGDLKT QIDQVESTAG SLQGQWRGAA 50
GTAAQAAVVR FQEAANKQKQ ELDEISTNIR QAGVQYSRAD EEQQQALSSQ 100
MGF 103

Mutation / Mutation / Mutación

¹**DTRS**>ins**nilerafuspum alfa #**

nilerafusp alfa human immunoglobulin G1-kappa anti-[human interferon alpha/beta receptor 1 (IFNAR1, IFN-R-1, cytokine receptor class-II member 1, cytokine receptor family 2 member 1, CRF2-1) fused at the C-terminus of each heavy chain via peptide linker to a human tumor necrosis factor receptor superfamily member 13B (TNFRSF13B, TACI; Uniprot: O14836) fragment; H-gamma1 heavy chain (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV5-51*01 -(IGHD) -IGHJ2*01, CDR-Kabat [5.17.8] (31-35.50-66.99-106)) (1-117) -*Homo sapiens* IGHG1*08 (CH1 (118-215), hinge (216-230), CH2 L234>A, L235>A (231-340), CH3 (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], fused via a ⁴⁴⁸GGGGSGGGSGGGGS⁴⁶² peptide linker to human tumor necrosis factor receptor superfamily member 13B (TACI) fragment (68-105, residues 463-500 in the current sequence) variant (L⁶⁹> T⁴⁶⁴, K⁷³> E⁴⁶⁸, K⁷⁷> E⁴⁷², Y¹⁰²> A⁴⁹⁷) (463-500), (220-215')-disulfide with L-kappa light chain (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 -IGKJ5*01, CDR-Kabat [12.7.9] (24'-35'.51'-57'.90'-98')) (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (109'-215')]; dimer (226-226":229-229")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHOK1SV GS-KO, glycoform alfa
immunomodulator

nilérafusp alfa immunoglobuline G1-kappa humaine anti-[récepteur 1 de l'interféron alpha/bêta humain (IFNAR1, IFN-R-1, membre 1 du récepteur de cytokine de classe II, membre 1 de la famille 2 des récepteurs de cytokine, CRF2-1) fusionnée à l'extrémité C-terminale de chaque chaîne lourde par un coupleur polypeptidique à un fragment du membre 13B de la superfamille des récepteurs du facteur de nécrose tumorale humain (TNFRSF13B, TACI; Uniprot: O14836); chaîne lourde H-gamma1 (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV5-51*01 -(IGHD) -IGHJ2*01, CDR-Kabat [5.17.8] (31-35.50-66.99-106)) (1-117) -*Homo sapiens* IGHG1*08 (CH1 (118-215), charnière (216-230), CH2 L234>A, L235>A (231-340), CH3 (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], fusionnée par un coupleur polypeptidique ⁴⁴⁸GGGGSGGGSGGGGS⁴⁶² à un fragment du membre 13B de la superfamille des récepteurs du facteur de nécrose tumorale humain (TACI) (68-105, résidus 463-500 dans la séquence

actuelle), variant (L⁶⁹>T⁴⁶⁴, K⁷³>E⁴⁶⁸, K⁷⁷>E⁴⁷², Y¹⁰²>A⁴⁹⁷) (463-500), (220-215')-disulfure avec chaîne légère L-kappa (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 -IGKJ5*01, CDR-Kabat [12.7.9] (24'-35'.51'-57'.90'-98')) (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (109'-215'))]; dimère (226-226'':229-229'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHOK1SV GS-KO, glycoforme alfa *immunomodulateur*

nilerafusp alfa

inmunoglobulina G1-kappa humana anti-[receptor 1 del interferón alfa/beta humano (IFNAR1, IFN-R-1, miembro 1 del receptor de citoquina de clase II, miembro 1 de la familia 2 de los receptores de citoquinas, CRF2-1) fusionada en el extremo C-terminal de cada cadena pesada mediante un acoplador polipeptídico a un fragmento del miembro 13B de la superfamilia de los receptores del factor de necrosis tumoral humano (TNFRSF13B, TACI; Uniprot: O14836); Cadena pesada H-gamma1 (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV5-51*01 - (IGHD) -IGHJ2*01, CDR-Kabat [5.17.8] (31-35.50-66.99-106)) (1-117) - *Homo sapiens* IGHG1*08 (CH1 (118-215), bisagra (216-230), CH2 L234>A, L235>A (231-340), CH3 (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], fusionada mediante un acoplador polipeptídico ⁴⁴⁸GGGGSGGGSGGGGS⁴⁶² a un fragmento del miembro 13B de la superfamilia de receptores del factor de necrosis tumoral humano (TACI) (68-105, residuos 463-500 en la secuencia actual) variante (L⁶⁹>T⁴⁶⁴, K⁷³>E⁴⁶⁸, K⁷⁷>E⁴⁷², Y¹⁰²>A⁴⁹⁷) (463-500), (220-215')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 -IGKJ5*01, CDR-Kabat [12.7.9] (24'-35'.51'-57'.90'-98')) (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (109'-215'))]; dímero (226-226'':229-229'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHOK1SV GS-KO, glicoforma alfa *immunomodulador*

3066980-23-9

Sequence / Séquence / Secuencia		
Heavy chains / Chaînes lourdes / Cadenas pesadas (H, H')		
EVQLVQSGAE VKKPGESLKI	SCKGSYIFT NYWIAWVRQM	PGKGLESMGI 50
IYPGDSDIRY SPSFQQQVTI	SADKSITTA LQWSSLKASD	TAMYYCARHD 100
IEGFDYWGRG TLTVVSSAST	KGPSVFPLAP SSKSTSGGTA	ALGCLVKDYF 150
PEPVTYSWNS GALTSGVHTF	PAVLQSSGLY SLSSVTVPS	SSLGTQTYIC 200
NVNHKPSNTK VDKRVEPKSC	DKTHTCPPCP APEAAGGPSV	FLFPPKPKOT 250
LMISRTPEVT CVVVDVSHED	PEVKFNWYVD GVEVHNATK	PREEQYNSTY 300
RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK	CKVSNKALPA PIEKTISKAK	GQPREPQVYT 350
LPSPRDELTK NQVSLTCLVK	GFYPDSIAVE WESNGQPENN	YKTTTPPVLD 400
DGFFFLYSKL TVDKSRWQQG	NVFSQSVNHE ALHNHYTQKS	LSLSPGKGGG 450
GGGGSGGGG	GSSTSCREEQ GEFYDHLRD	CISCASICGQ HPKQCAAFCE 500
Light chains / Chaînes légères / Cadenas ligeras (L, L')		
EIVLTQSPGT LSLSPGERAT	LSCRASQSVS SSFFAWYQQK	PGQAPRLLIY 50
GASSRATGIP DRLSGSGSGT	DFTLTITRLE PEDFAVYYCQ	QYDSSAITFG 100
QGTRELIKRT VAAPSVFIFP	PSDEQLKSGT ASVVCLLNNF	YPREAKVQWK 150
VDNALQSGNS QESVTEQDSK	DSTYLSLSTL TLSKADYEKH	KVYACEVTHQ 200
GLSSPVTKSF NRGEK		215

Mutations / Mutations / Mutaciones
Heavy chain (H, H'): L²³⁴>A, L²³⁵>A; L²³⁴>A, L²³⁵>A
TACI: L⁶⁹>T⁴⁶⁴, K⁷³>E⁴⁶⁸, K⁷⁷>E⁴⁷², Y¹⁰²>A⁴⁹⁷,
L⁶⁹>T⁴⁶⁴, K⁷³>E⁴⁶⁸, K⁷⁷>E⁴⁷², Y¹⁰²>A⁴⁹⁷

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión
⁴⁴⁸GGGGSGGGSGGGGS⁴⁶², ⁴⁴⁸GGGGSGGGSGGGGS⁴⁶²

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-chain H: 22-96, 144-200, 261-321, 367-425; TACI: 466-481, 484-495, 488-499
H: 22"-96", 144"-200", 261"-321", 367"-425"; TACI: 466"-481", 484"-495", 488"-499"
L: 23"-89", 135"-195"
L'': 23'''-89''', 135'''-195'''
Inter-chain H-L: 220-215'; H"-L'': 220"-215"
H-H'': 226-226', 229-229"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
N297; N297"

nimbakibartum #

nimbakibart

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF9 (TNF receptor superfamily member 9, 4-1BB, T cell antigen ILA, CD137)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;
H-gamma4 heavy chain *Homo sapiens* (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (100%) -(IGHD) -IGHJ6*03 (100%), CDR-IMGT [8.8.19] (26-33.51-58.97-115)) (1-126) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 10-G4v110 delK2 (CH1 (127-224), hinge 1-12 S10>P (234) (225-236), CH2 L92 (315) (237-346), CH3 (347-451), CHS K2>del (452)) (127-452)], (140-214')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (96.8%) -IGKJ4*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimer (232-232":235-235")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, glycoform alfa *antineoplasic*

nimbakibart

immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF9 (membre 9 de la superfamille des récepteurs du TNF, 4-1BB, antigène ILA des cellules T, CD137)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*; chaîne lourde H-gamma4 *Homo sapiens* (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (100%) -(IGHD) -IGHJ6*03 (100%), CDR-IMGT [8.8.19] (26-33.51-58.97-115)) (1-126) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 10-G4v110 delK2 (CH1 (127-224), charnière 1-12 S10>P (234) (225-236), CH2 L92 (315) (237-346), CH3 (347-451), CHS K2>del (452)) (127-452)], (140-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (96.8%) -IGKJ4*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimère (232-232":235-235")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, ne présentant pas le gène de la glutamine synthétase (GS-KO), glycoforme alfa *antineoplasique*

nimbakibart

inmunoglobulina G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF9 (miembro 9 de la superfamilia de los receptores del TNF, 4-1BB, antígeno ILA de las células T, CD137)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*; cadena pesada H-gamma4 *Homo sapiens* (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (100%) -(IGHD) -IGHJ6*03 (100%), CDR-IMGT [8.8.19] (26-33.51-58.97-115)) (1-126) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 10-G4v110 delK2 (CH1 (127-224), bisagra 1-12 S10>P (234) (225-236), CH2 L92 (315) (237-346), CH3 (347-451), CHS K2>del (452)) (127-452)], (140-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (96.8%) -IGKJ4*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dímero (232-232":235-235")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, en ausencia del gen glutamina sintetasa (GS-KO), forma glicosilada alfa *antineoplásico*

3060900-84-4

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H', H'')
EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS SYAMSWVRQA PGKGLEWWSA 50
ISGGSGSTYY ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCAKDS 100
PFLDDDDYYY YYMDVWGKGT TTVTSSASTK GPSVFPLAPC SRSTSESTAA 150
LGCLVKDYFP EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP AVLQSSGLYS LSSVVTVPSS 200
SLGTKTYTCN VDHKPSNTKV DKRVESKYGP PCPPCPAPEF LGGPSVFLFP 250
PKPKDTLMIS RTPVETCVVV DVSQEDPEVQ FNWYVDGVEV HNAKTKPREE 300
QFNSTYRVVS VLTVLHQDWL NGKEYKCKVS NKGLPSSIEK TISKAKGQPR 350
EPQVYTLPPS QEEMTKNQVS LTCVLKGFYP SDIAVEWESN GQFENNYKTT 400
PPVLDSGDSF FLYSRLTVDK SRWQEGNVFS CSVMHEALHN HYTQKSLSL 450
LG 452

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L', L'')
DIQMTQSPSS VSASVGDRTV ITCRASQGIS SWLAWYQKPK GKAPKLLIYA 50
ASSLQSGVPS RFGSGSGGTD FTLTISLQPE EDFATYYCQQ GHLPFITFGG 100
GSKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 153-209 267-327 373-431
22"-96" 153"-209" 267"-327" 373"-431"
Intra-L (C23-C104) 23'-88" 134'-194'
23'"-88'" 134'"-194'"
Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 140-214' 140"-214"
Inter-H-H (h 8, h 11) 232-232" 235-235"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 303, 303"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires
complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados

ninartatugum #
ninartatug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CDH6 (cadherin 6, K-cadherin)], monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain (1-451) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV10-1*04 (89.0%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (85.7%) A128>S (121)/*Homo sapiens* IGHV3-72*01 (84.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.10.12] (26-33.51-60.99-110))] (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (218) (122-219), hinge 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-214')-disulfide with L-kappa light chain (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (87.9%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [7.3.8] (27'-33'.51'-53'.90'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimer (230-230":233-233")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
antineoplastic

ninartatug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CDH6 (cadherine 6, K-cadherine)], anticorps monoclonal;
chaîne lourde H-gamma1 (1-451) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV10-1*04 (89.0%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (85.7%) A128>S (121)/*Homo sapiens* IGHV3-72*01 (84.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.10.12] (26-33.51-60.99-110))] (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (218) (122-219), charnière 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (87.9%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [7.3.8] (27'-33'.51'-53'.90'-97')) (1'-

ninartatug

107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimère (230-230":233-233")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
antinéoplasique

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CDH6 (caderina 6, K-caderina)], anticuerpo monoclonal;
cadena pesada H-gamma1 (1-451) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV10-1*04 (89.0%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (85.7%) A128>S (121)/*Homo sapiens* IGHV3-72*01 (84.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.10.12] (26-33.51-60.99-110))] (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (218) (122-219), bisagra 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (87.9%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [7.3.8] (27'-33'.51'-53'.90'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'- 214')]; dímero (230-230":233-233")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa
antineoplásico

3084582-61-3

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H")
EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFT TYAMNWRQA PGKGLEWVAR 50
IRIKNNNYAT YYADSVTDRF TISRDDSKNS LYLQMNSLKT EDTAVYYCVR 100
PDYGNVGLAY WQGGLTVTVS SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV 150
KDYFPEPTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS SGLYSLSVV TVPSSSLGTQ 200
TYICNVNHK SNTKVDKKVE PKSCDKHTC PPCAPELLG GPSVFLFPPK 250
PKDTILMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKGPQREP 350
QVYTLPPSRD ELTKNQVSLT CLVKGFPYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTTTP 400
VLDSGGSFFL YSKLTVDKSR WQQGNVFPSCS VMHEALHNHY TQKSLSLSPG 450
K 451

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L")
DIQLTQSPSS LSASVGDRTV ITCSSASSIS SHYLHWYQQK PGKSPKLLIY 50
RSFYLASGVP SRFSGSGSGT DFTLTISLQ PEDFATYYCQ QDIVPLTFGQ 100
GTKLEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY BREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-98 148-204 265-325 371-429
22"-98" 148"-204" 265"-325" 371"-429"
Intra-L (C23-C104) 23'-89' 134'-194'
23'''-89''' 134'''-194'''
Inter-H-L (h 5-CL 126) 224-214' 224"-214"
Inter-H-H (h 11, h 14) 230-230" 233-233"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 301, 301"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenaríos complejos fucosilados
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 451, 451"

ninartatugum birsatecanum #

ninartatug birsatecan

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CDH6 (cadherin 6, K-cadherin)], monoclonal antibody, conjugated on eight cysteinyl residues to *birsatecan*, comprising a cleavable linker and a camptothecin derivative (*exatecan*);
 H-gamma1 heavy chain (1-451) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV10-1*04 (89.0%) -(IGHD) - IGHJ3*01 (85.7%) A128>S (121)/*Homo sapiens* IGHV3-72*01 (84.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.10.12] (26-33.51-60.99-110)) (1-121) - *Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (218) (122-219), hinge 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-214')-disulfide with L-kappa light chain (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (87.9%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [7.3.8] (27'-33'.51'-53'.90'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimer (230-230":233-233")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa; substituted at the sulfur atoms of the eight L-cysteinyl residues 224, 230, 233, 214', 224", 230", 233" and 214" with (3*RS*)-1-(6-(((2*S*)-1-(((2*S*)-1-{4-(((1*S*,9*S*)-9-ethyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-methyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1*H*,12*H*-benzo[*de*]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolin-1-yl)carbamoyl)oxy)methyl]-3-(3,6,9,12,15,18,21,24,27,30,33-undecamethyl-2,5,8,11,14,17,20,23,26,29,32-undecaooxo-3,6,9,12,15,18,21,24,27,30-decaazatetratricontan-34-yl)anilino)-1-oxopropan-2-yl]amino)-3-methyl-1-oxobutan-2-yl]amino)-6-oxohexyl)-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (*birsatecan*) groups
antineoplastic

ninartatug birsatécan

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CDH6 (cadherine 6, K-cadherine)], anticorps monoclonal, conjugué par huit résidus cystéinyle au *birsatécan*, comprenant un coupleur clivable et un dérivé de la camptothécine (*exatécan*);
 chaîne lourde H-gamma1 (1-451) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV10-1*04 (89.0%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (85.7%) A128>S (121)/*Homo sapiens* IGHV3-72*01 (84.0%) -(IGHD) - IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.10.12] (26-33.51-60.99-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (218) (122-219), charnière 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (87.9%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [7.3.8] (27'-33'.51'-53'.90'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'- 214')]; dimère (230-230":233-233")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire

ninartatug birsatecán

CHO-K1, glycoforme alfa; substitué sur les atomes de soufre des huit résidus L-cystéinyle 224, 230, 233, 214', 224'', 230'', 233'' et 214''' avec des groupes (3*RS*)-1-(6-{{{(2*S*)-1-{{{(2*S*)-1-{4-[[{(1*S*,9*S*)-9-éthyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-méthyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1*H*,12*H*-benzo[de]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolin-1-yl]carbamoil}oxy)méthyl]-3-(3,6,9,12,15,18,21,24,27,30,33-undécaméthyl-2,5,8,11,14,17,20,23,26,29,32-undécaoxo-3,6,9,12,15,18,21,24,27,30-décazatétratriacontan-34-yl)anilino}-1-oxopropan-2-yl]amino}-3-méthyl-1-oxobutan-2-yl]amino)-6-oxohexyl)-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (*birsatécan*)
antineoplasique

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CDH6 (caderina 6, K-caderina)], anticuerpo monoclonal; conjugado por ocho residuos cisteinilo con *birsatecán*, que comprende un conector escindible y un derivado de la camptotecina (*exatecán*); cadena pesada H-gamma1 (1-451) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV10-1*04 (89.0%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (85.7%) A128>S (121)/*Homo sapiens* IGHV3-72*01 (84.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.10.12] (26-33.51-60.99-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (218) (122-219), bisagra 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (87.9%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [7.3.8] (27'-33'.51'-53'.90'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dímero (230-230'':233-233'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa; sustituido en los átomos de azufre de los ocho residuos L-cisteinilo 224, 230, 233, 214', 224'', 230'', 233'' y 214''' con grupos (3*RS*)-1-(6-{{{(2*S*)-1-{{{(2*S*)-1-{4-[[{(1*S*,9*S*)-9-etil-5-fluoro-9-hidroxi-4-metil-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahidro-1*H*,12*H*-benzo[de]pirano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolin-1-il]carbamoil}oxi)metil]-3-(3,6,9,12,15,18,21,24,27,30,33-undecametil-2,5,8,11,14,17,20,23,26,29,32-undécaoxo-3,6,9,12,15,18,21,24,27,30-decazatétratriacontan-34-il)anilino}-1-oxopropan-2-il]amino}-3-metil-1-oxobutan-2-il]amino)-6-oxohexil)-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo (*birsatecán*)
antineoplásico

3084582-62-4

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H')

```

EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFT TYAMNWRQA PGKGLEWVAR 50
IRIKNNNYAT YYADSVTDRF TISRDDSKNS LYLQMNSLKT EDTAVYYCVR 100
PDYGNVGLAY WQGGTLVTVS SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAAALGCLV 150
KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ 200
TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSCDKTHTC PPCPAPELLG GPSVFLFPFK 250
PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKGQPREP 350
QVYTLPPSRD ELTKNQVSLT CLVKGFYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTTTP 400
VLDSGDSFFL YSKLTVDKSR WQQGNVFSCS VMHEALHNHY TQKSLSLSPG 450
K 451

```

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L', L'')

```

DIQLTQSPSS LSASVGDRTV ITCSASSSIS SHYLHWYQQK PGKSPKLLIY 50
RSFYLASGVP SRFSGSGSGT DFTLTISSLQ PEDFATYYCQ QDIVPLTFGQ 100
GTKLEIKRTV AAPSVFIIPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEK 214

```

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22"-98" 148"-204" 265"-325" 371"-429"
 22"-98" 148"-204" 265"-325" 371"-429"

Intra-L (C23-C104) 23"-89" 134"-194"
 23"-89" 134"-194"

Inter-H-L (h 5-CL 126)* 224-214' 224"-214"

Inter-H-H (h 11, h 14)* 230-230" 233-233"

*The inter-chain disulfide bridges are not present, the eight cysteinyl are conjugated, each via a thioether bond, to a drug linker.

*Les ponts disulfures inter-chaînes ne sont pas présents, les huit cystéinyl sont conjugués, chacun via une liaison thioéther, à un coupleur-principe actif.

*Los puentes disulfuro inter-catenarios no están presentes, los ocho cisteinil están conjugados, cada uno a través de un enlace tioéter, a un conector de fármaco.

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

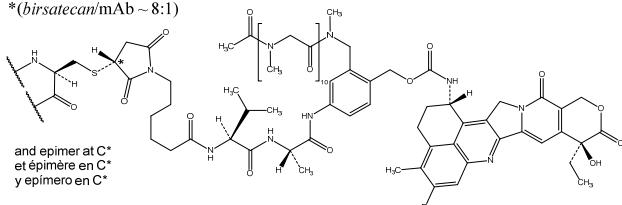
H CH2 N84.4: 301, 301"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
 H CHS K2: 451, 451"

Potential modified residues / résidus modifiés potentiels / restos modificados potenciales*
 C (224, 230, 233, 214', 224", 230", 233", 214'")

*(birsatecan/mAb ~ 8:1)



nisaclanerum

nisaclaner

2-chloro-5-[(1*R*,3*R*)-2,2-dichloro-3-(3-chloro-4-fluorophenyl)cyclopropane-1-carboxamido]-*N*-(2,4-difluorophenyl)benzamide
antiparasitic (veterinary use)

nisaclaner

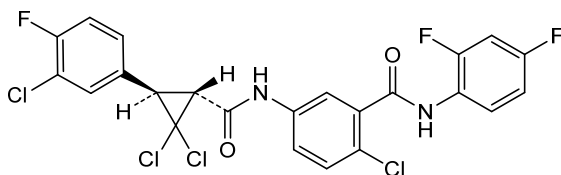
2-chloro-5-[(1*R*,3*R*)-2,2-dichloro-3-(3-chloro-4-fluorophényl)cyclopropane-1-carboxamido]-*N*-(2,4-difluorophényl)benzamide
antiparasitaire (usage vétérinaire)

nisaclaner

2-cloro-5-[(1*R*,3*R*)-2,2-dicloro-3-(3-cloro-4-fluorofenil)ciclopropano-1-carboxamido]-*N*-(2,4-difluorofenil)benzamida
antiparasitario (uso veterinario)

C₂₃H₁₃Cl₄F₃N₂O₂

2027520-38-1

**nosidesivirum**

nosidesivir

[(3*aR*,4*R*,6*R*,6*aR*)-6-(4-aminopyrrolo[2,1-*f*][1,2,4]triazin-7-yl)-6-cyano-2-oxotetrahydro-2*H*-furo[3,4-*d*][1,3]dioxol-4-yl)methyl 2-methylpropanoate
adenosine analogue, antiviral

nosidésivir

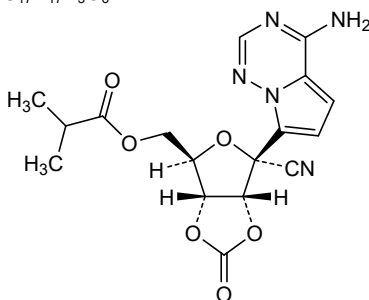
2-méthylpropanoate de [(3*aR*,4*R*,6*R*,6*aR*)-6-(4-aminopyrrolo[2,1-*f*][1,2,4]triazin-7-yl)-6-cyano-2-oxotétrahydro-2*H*-furo[3,4-*d*][1,3]dioxol-4-yl)méthyle
analogue de l'adénosine, antiviral

nosidesivir

2-metilpropanoato de [(3*aR*,4*R*,6*R*,6*aR*)-6-(4-aminopirrolo[2,1-*f*][1,2,4]triazin-7-il)-6-ciano-2-oxotetrahydro-2*H*-furo[3,4-*d*][1,3]dioxol-4-il]metilo
análogo de la adenosina, antiviral

C₁₇H₁₇N₅O₆

2851869-27-5

**nuvrumetinibum**

nuvrumetinib

(5*R*,6*S*)-10,11-difluoro-12-(2-fluoro-4-iodoanilino)-5,6-dihydroxy-4,5,6,7-tetrahydro-2*λ*⁶-spiro[[8,2,1]benzoxathiazecine-3,1'-cyclopropane]-2,2(1*H*)-dione
mitogen-activated protein kinase (MEK) 1/2 inhibitor, antineoplastic

nuvrumétinib

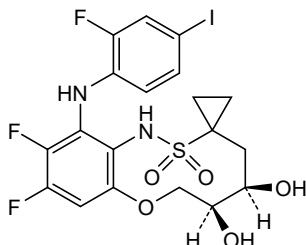
(5*R*,6*S*)-10,11-difluoro-12-(2-fluoro-4-iodoanilino)-5,6-dihydroxy-4,5,6,7-tétrahydro-2*λ*⁶-spiro[[8,2,1]benzoxathiazécine-3,1'-cyclopropane]-2,2(1*H*)-dione
inhibiteur de kinases 1 et 2 activées par les mitogènes (MEK1/2), antinéoplasique

nuvrumetinib

(5*R*,6*S*)-10,11-difluoro-12-(2-fluoro-4-iodoanilino)-5,6-dihydroxi-4,5,6,7-tetrahydro-2λ⁶-spiro[[8,2,1]benzoxatiazecina-3,1'-ciclopropano]-2,2(1*H*)-diona
inhibidor de la proteincinasa activada por mitógenos (MEK) 1/2, antineoplásico

C₁₉H₁₈F₃IN₂O₅S

3079099-31-0

**obinutuzumabum beta #**

obinutuzumab beta

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* MS4A1 (membrane-spanning 4-domains subfamily A member 1, CD20)], humanized monoclonal antibody;

H-gamma1 heavy chain humanized (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*08 (84.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 D12 (358), L14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-219')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-28*01 (87.0%) -IGKJ4*01 (100%), CDR -IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102')) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')]; dimer (228-228":231-231")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, with the GDP-fucose transporter 1 gene (*SLC35C1*) inactivated, glycoform beta
antineoplastic

obinutuzumab bêta

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* MS4A1 (membre 1 de la sous-famille A à 4 domaines transmembranaires, CD20)]; anticorps monoclonal humanisé;
 chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*08 (84.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 D12 (358), L14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-219')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-28*01 (87.0%) -IGKJ4*01 (100%), CDR -IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102')) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')]; dimère (228-228":231-231")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, avec le gène du transporteur de GDP-fucose (*SLC35C1*) inactivé, glycoforme bêta
antinéoplasique

obinutuzumab beta

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* MS4A1 (miembro 1 de la subfamilia A con 4 dominios transmembranarios, CD20)]; anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*08 (84.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 D12 (358), L14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-219')- disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-28*01 (87.0%) -IGKJ4*01 (100%), CDR -IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102'') (1'-112'') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196'') (113'-219'')]; dímero (228-228":231-231'')- bisdisulfuro, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, avec le gène du transporteur de GDP-fucose (SLC35C1) inactivé, glycoforme beta antineoplásico

2584948-82-1

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H')

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGYAFS YSWINWVRQA PGQGLEWMGR 50
IFPGDGD TDY NGKFKGRVTI TADKSTSTAY MELSSLSRSED TAVYYCARNV 100
FDGYWLVYWG QGTLVTVSSA STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFPAVLQSSG LYSLSVVTV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHKPSN TKVDKKVEPK SCDKTHTCPP CPAPELLGSP SVFLFPKPKP 250
DTLMISRTP E VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLT V LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
YTLPPSRDEL TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTPPVL 400
DSGDSFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSCVM HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L')

DIVMTQTPLS LPVTPGEPAS ISCRSSKSL L HSNGITLYLW YLQKPGQSPQ 50
LLIYQMSNLV SGVPDRFSGS GSGTDFTLKI SRVEAEDVGV YYCAQNLELP 100
YTFGGGTKEV IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVVC L LNNFYPREAK 150
VQWVKVDNALQ SGNSQESVTE QDSKDYSTSL SSTLTLSKAD YEKHKVYACE 200
VTHQGLSSPV TKSFNRGEC 219

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22-96 146-202 263-323 369-427
22"-96" 146"-202" 263"-323" 369"-427"

Intra-L (C23-C104) 23'-93' 139'-199'
23'''-93''' 139'''-199'''

Inter-H-L (h 5-CL 126) 222-219' 222"-219"

Inter-H-H (h 11, h 14) 228-228" 231-231"

N-terminal glutaminy cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutamínilo N-terminal

Q> pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl) / pyroglutamide (pE, 5-oxoprolile) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)
H VH Q1: 1, 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 299, 299"

Afucosylated complex bi-antennary CHOK1-AF type glycans (owing to the GDP-fucose transporter SLC35C1 knockout) / glycanes de type CHOK1-AF bi-antennaires complexes afucosylés (dus au knockout du gène SLC35C1 GDP-fucose transporteur) / glicanos de tipo CHOK1-AF biantenarios complejos afucosilados (debidos a la eliminación del gen SLC35C1 transportador de GDP-fucosa)

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2:

449, 449"

odemsertibi etifosfas

odemsertib etifosfate

rac-(1*R*)-1-[4-(4-[[3-(3,6-difluoropyridin-2-yl)-1-(*trans*-4-ethoxycyclohexyl)-1*H*-pyrazol-4-yl]carbamoyl]-1,3-thiazol-2-yl)-1*H*-pyrazol-1-yl]ethyl dihydrogen phosphate
serine/threonine kinase inhibitor

étifosfate d'odemsertib

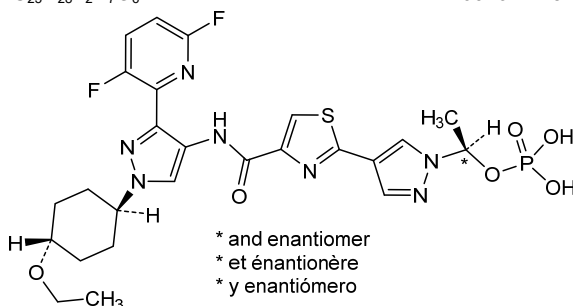
dihydrogénophosphate de *rac*-(1*R*)-1-[4-(4-[[3-(3,6-difluoropyridin-2-yl)-1-(*trans*-4-éthoxycyclohexyl)-1*H*-pyrazol-4-yl]carbamoyl]-1,3-thiazol-2-yl)-1*H*-pyrazol-1-yl]éthyle
inhibiteur de kinases sérine/thréonine

etifosfato de odemsertib

dihidrogenofosfato de *rac*-(1*R*)-1-[4-(4-[[3-(3,6-difluoropiridin-2-il)-1-(*trans*-4-etoxiciclohexil)-1*H*-pirazol-4-il]carbamoi]-1,3-tiazol-2-il)-1*H*-pirazol-1-il]etilo
inhibidor de la kinasa de serina/treonina

C₂₅H₂₈F₂N₇O₆PS

2602614-45-7

**odemsertibum**

odemsertib

N-[3-(3,6-difluoropyridin-2-yl)-1-(*trans*-4-ethoxycyclohexyl)-1*H*-pyrazol-4-yl]-2-(1*H*-pyrazol-4-yl)-1,3-thiazole-4-carboxamide
serine/threonine kinase inhibitor

odemsertib

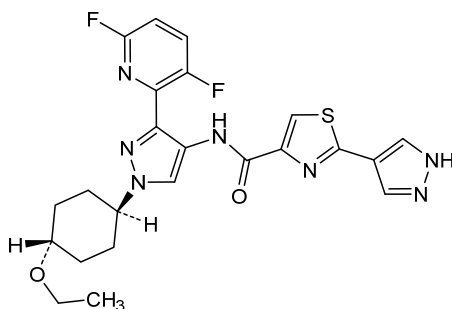
N-[3-(3,6-difluoropyridin-2-yl)-1-(*trans*-4-éthoxycyclohexyl)-1*H*-pyrazol-4-yl]-2-(1*H*-pyrazol-4-yl)-1,3-thiazole-4-carboxamide
inhibiteur de kinases sérine/thréonine

odemsertib

N-[3-(3,6-difluoropiridin-2-il)-1-(*trans*-4-etoxiciclohexil)-1*H*-pirazol-4-il]-2-(1*H*-pirazol-4-il)-1,3-tiazol-4-carboxamida
inhibidor de la kinasa de serina/treonina

C₂₃H₂₃F₂N₇O₂S

2033070-96-9



olaviztabartum #

olaviztabart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* NECTIN4 (nectin-4, nectin cell adhesion molecule 4, PVRL4, poliovirus receptor-related 4, PPR4, LNIR)]; humanized monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain humanized (1-449) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-48*01 (87.8%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) T123>L (114), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens*IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 6-G1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116 (CH1 R120 (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 L1.3>F (236), L1.2>E (237), P116>S (333) (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-214')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-16*01 (86.3%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimer (228-228'':231-231'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa *antineoplastic*

olaviztabart

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* NECTIN4 (nectine-4, molécule d'adhésion cellulaire nectine 4, PVRL4, membre 4 apparenté au récepteur du poliovirus, PPR4, LNIR)]; anticorps monoclonal humanisé;
chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-449) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-48*01 (87.8%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) T123>L (114), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens*IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 6-G1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116 (CH1 R120 (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 L1.3>F (236), L1.2>E (237), P116>S (333) (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-16*01 (86.3%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimère (228-228'':231-231'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa *antineoplasique*

olaviztabart

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* NECTIN4 (nectina-4, molécula de adhesión celular nectina 4, PVRL4, miembro 4 relacionado con el receptor del poliovirus, PPR4, LNIR)]; anticuerpo monoclonal humanizado;
cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-449) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-48*01 (87.8%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) T123>L (114), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens*IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 6-G1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116 (CH1 R120 (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 L1.3>F (236), L1.2>E (237), P116>S (333) (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-16*01 (86.3%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dímero (228-228'':231-231'')- bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa *antineoplásico*

3067566-19-9

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H^{''})

EVQLVESGGG	LVQPGGSLRL	SCAASGFTFS	NYGMAWVRQA	PGKGLEWVSF	50
ISNLAYGINY	ADTVTGRFTI	SRDNAKNSLY	LQMNSLRAED	TAVYYCARGA	100
RATGWFFAYW	QGTLTVTSSA	STKGPSVFP	APSSKSTSGG	TAALGCLVKD	150
YFPEPVTWSW	NSGALTSGVH	TFPAVLQSSG	LYSLSSVTV	PSSSLGTQTY	200
ICNVNHKPSN	TKVDRKVEPK	SCDKTHTCPP	CPAPEFEGGP	SVFLFPKPK	250
DTLMISRTPE	VTCVVVDVSH	EDPEVKFNWY	VDGVEVHNAK	TKPREEQYNS	300
TYRVVSVLTV	LHQDNLNGKE	YKCKVSNKAL	PASIEKTISK	AKGQPREPQV	350
YTLPPSREEM	TKNQVSLTCL	VKGFPYPSDIA	VEWESNGQPE	NNYKTTTPVL	400
DSDGSFFLYS	KLTVDKSRWQ	QGNVFSCSVM	HEALHNHYTQ	KSLSLSPGK	449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L^{''})

DIQMTQSPSS	LSASVGDRTV	ITCKASQNV	THVAWYQQK	GKAPKALIYS	50
ASYRYSGVPS	RFGSGSGGTD	FTLTISSLQ	EDFATYYCQ	YNSYPLTFGG	100
GTKVEIKRTV	AAPSVFIFPP	SDEQLKSGTA	SVVCLLNNT	PREAKVQWKV	150
DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD	STYLSSTLT	LSKADYEEKH	VYACEVTHQG	200
LSSPVTKSFN	RGEC				214

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 146-202 263-323 369-427
22"-96" 146"-202" 263"-323" 369"-427"
Intra-L (C23-C104) 23'-88" 134'-194'
23'''-88''' 134'''-194'''
Inter-H-L (h 5-CL 126) 222-214' 222"-214"
Inter-H-H (h 11, h 14) 228-228" 231-231"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 299, 299"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires
complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 449, 449"

olaviztabartum cilotecanum #
olaviztabart cilotecan

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* NECTIN4 (nectin-4, nectin cell adhesion molecule 4, PVRL4, poliovirus receptor-related 4, PPR4, LNIR)], humanized monoclonal antibody; conjugated on eight cysteinyl residues to *cilotecan*, comprising a cleavable linker and a camptothecin derivative (*exatecan*); H-gamma1 heavy chain humanized (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-48*01 (87.8%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) T123>L (114), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108))] (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 6-G1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116 (CH1 R120 (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 L1.3>F (236), L1.2>E (237), P116>S (333) (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-214')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (86.3%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214'')]; dimer (228-228":231-231")-bisdisulfide; produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa; substituted at the sulfur atoms of the eight L-cysteinyl residues 222, 228, 231, 214', 222", 228", 231" and 214''' with (3*RS*)-1-[3-({2-[2-(2-[[*N*⁶-{(2*S*)-2-({[(1*S*,9*S*)-9-ethyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-methyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1*H*,12*H*-benzo[*de*]pyrano[3',4':6,7]indolizinof[1,2-*b*]quinolin-1-yl]carbamoyl]oxy)-2-[4-(β-D-glucopyranuronosyloxy)-3-nitrophenyl]ethyl}-L-glutaminyldecakis(*N*-methylglycine)-11-amide]-*N*^{2,1}-yl)-2-oxoethoxy]ethoxy]ethyl]amino)-3-oxopropyl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (*cilotecan*) groups
antineoplastic

olaviztabart cilotécan immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* NECTIN4 (nectine-4, molécule d'adhésion cellulaire nectine 4, PVRL4,

membre 4 apparenté au récepteur du poliovirus, PPR4, LNIR)]; anticorps monoclonal humanisé; conjugué par huit résidus cystéinyle au *cilotécán*, comprenant un coupleur clivable et un dérivé de la camptothécine (*exatécán*); chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-48*01 (87.8%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) T123>L (114), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 6-G1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116 (CH1 R120 (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 L1.3>F (236), L1.2>E (237), P116>S (333) (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (86.3%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214'')]; dimère (228-228'':231-231'')-bisdisulfure; produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa; substitué sur les atomes de soufre des huit résidus L-cystéinyle 222, 228, 231, 214', 222'', 228'', 231'' et 214''' avec des groupes (3RS)-1-[3-{(2-[2-{[N⁶-(2S)-2-(((1S,9S)-9-éthyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-méthyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1H,12H-benzo[de]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinoléin-1-yl)carbamoyl)oxy)-2-[4-(β-D-glucopyranuronosyloxy)-3-nitrophényl]éthyl}-L-glutaminyldécakis(N-méthylglycine)-11-amide]-N^{2,1}-yl)-2-oxoéthoxy]éthoxy]éthyl]amino)-3-oxopropyl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (*cilotécán*)
antineoplasique

olaviztabart cilotecán

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* NECTIN4 (nectina-4, molécule de adhésion celular nectina 4, PVRL4, miembro 4 relacionado con el receptor del poliovirus, PPR4, LNIR)]; anticuerpo monoclonal humanizado; conjugado por ocho residuos cisteinilo con *cilotecán*, que comprende un conector escindible y un derivado de la camptotecina (*exatecán*); cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-48*01 (87.8%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) T123>L (114), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 6-G1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116 (CH1 R120 (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 L1.3>F (236), L1.2>E (237), P116>S (333) (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-214')- disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (86.3%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214'')]; dímero (228-228'':231-231'')- bisdisulfuro; producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa; sustituido en los átomos de azufre de los ocho residuos L-cisteinilo 222, 228, 231, 214', 222'', 228'', 231'' y 214''' con grupos (3RS)-1-[3-{(2-[2-{[N⁶-(2S)-2-(((1S,9S)-9-etil-5-fluoro-9-hidroxi-4-metil-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahidro-1H,12H-benzo[de]pirano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinolein-1-il]carbamoi)oxi)-2-[4-(β-D-glucopirauronosilo)xi)-3-nitrofenil]etil}-L-glutaminildécakis(N-metilglicina)-11-amida]-N^{2,1}-il)-2-oxoetoxi]etoxi]etil]amino)-3-oxopropil]-2,5-dioxopyrrolidin-3-ilo (*cilotecán*)
antineoplásico

3067566-17-7

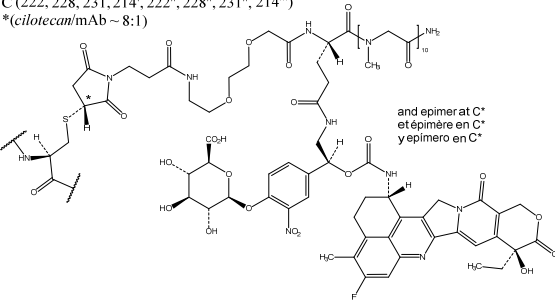
Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H^{''})
EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS NYGMAWVRQA PGKGLEWVSF 50
ISNLAYGINY ADTVTGRFTI SRDNAKNSLY LQMNSLRAED TAVYYCARGA 100
RATGWFAFWG QGTLVTVSSA STKGPSVFLP APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFPAVLQSSG LYSLSVVTV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHNKPSN TKVDKRVEPK SCDKTHTCPP CPAPEFEGGP SVFLFPPKPK 250
DTLMISRTPE VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLTV LHQDMLNGKE YKCKVSNKAL PASIEKTIKSK AKGQPREPVQ 350
YTLPPSREEM TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL 400
DLDGSFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSQVM HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L^{''})
DIQMTQSPSS LSASVGRDVT ITCKASQNVQ THVAWYQQKQ GKAPKALIYS 50
ASYRISGVPS RFSGSGSGSDT FTLTISSLQP EDFATYYCQQ YNSYPLTFGG 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNFFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 146-202 263-323 369-427
22"-96" 146"-202" 263"-323" 369"-427"
Intra-L (C23-C104) 23"-88" 134"-194"
23"-88"" 134""-194""
Inter-H-L (h 5-CL 126)* 222-214' 222"-214"
Inter-H-H (h 11, h 14)* 228-228" 231-231"
*The inter-chain disulfide bridges are not present, the eight cysteinyl are conjugated, each via a thioether bond, to a drug linker.
*Les ponts disulfures inter-chaînes ne sont pas présents, les huit cystéinyl sont conjugués, chacun via une liaison thioéther, à un coupleur-principe actif.
*Los puentes disulfuro inter-catenarios no están presentes, los ocho cisteinil están conjugados, cada uno a través de un enlace tioéter, a un conector de fármaco.

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 299, 299"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados
C-terminal lysine clipping / Coupeure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 449, 449"

Potential modified residues / résidus modifiés potentiels / restos modificados potenciales*
C (222, 228, 231, 214', 222", 228", 231", 214'")
*(cilotecam/mAb ~ 8:1)



olusonkafuspum alfa #
olusonkafusp alfa

human interleukin-2 (IL2, IL-2, Uniprot: P60568) (1-133, 1-129 in the current sequence) variant (T³>A, ⁷⁴QSKNF⁷⁸>GDASI, ⁸⁰LRPR⁸³>del, N⁸⁸>R⁸⁴, C¹²⁵>S¹²¹, S¹³⁰>R¹²⁶) fused at the C-terminus via a (G₄S)₂ peptide linker (130-139) to a human immunoglobulin G1 (IgG1) Fc fragment (hinge-CH2-CH3-CHS domains) [*Homo sapiens* IGHG1*01 (hinge EPKSC¹³⁹⁻¹⁴⁰>del (140-149), CH2 L¹⁵³>A, L¹⁵⁴>A (150-259), CH3 S²⁷³>C, T²⁸⁵>W (260-364), CHS (365-366)) (140-366] (229-145":232-148":352-273")-trisdisulfide with a human immunoglobulin G1-kappa anti-[*Homo sapiens* programmed cell death protein 1 (PD-1, PDCD1, programmed cell death 1 receptor, CD279)] [gamma1 heavy chain (1"-450") [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*01 -(IGHD) - IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.11] (31"-35". 50"-66". 99"-109") (1"-120") -*Homo sapiens* IGHG1*01 (CH1 (121"-218"), hinge (219"-233"), CH2 L²³⁷>A, L²³⁸>A (234"-343"),

olusonkafusp alfa

CH3 Y³⁵²>C, T³⁶⁹>S, L³⁷¹>A, Y⁴¹⁰>V (344"-448"), CHS (449"-450")) (121"-450")), (223-214')-disulfide with kappa light chain (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 -IGKJ4*01, CDR-Kabat [11.7.9] (24'-34'.50'-56'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (108'-214'))], produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1SV GS-KO, glycoform alfa
antineoplastic

interleukine-2 humaine (IL2, IL-2, Uniprot: P60568) (1-133, 1-129 dans la séquence actuelle), variante (T³>A, ⁷⁴QSKNF⁷⁸>GDASI, ⁸⁰LRPR⁸³>dél, N⁸⁸>R⁸⁴, C¹²⁵>S¹²¹, S¹³⁰>R¹²⁶), fusionnée à l'extrémité C-terminal, par un coupleur polypeptidique (G₄S)₂ (130-139) à un fragment Fc d'immunoglobuline G1 (IgG1) humaine (domaines charnière-CH2-CH3-CHS) [*Homo sapiens* IGHG1*01 (charnière (EPKSC¹³⁹⁻¹⁴⁰>dél) (140-149), CH2 L¹⁵³>A, L¹⁵⁴>A (150-259), CH3 S²⁷³>C, T²⁸⁵>W (260-364), CHS (365-366)) (140-366] (229-145":232-148":352-273")-trisdisulfure avec une immunoglobuline G1-kappa humaine anti-[protéine 1 de mort cellulaire programmée d'*Homo sapiens* (PD-1, PDCD1, récepteur 1 de mort cellulaire programmée, CD279)] [chaîne lourde gamma1 (1"-450") [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*01 - (IGHD) - IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.11] (31"-35". 50"-66". 99"-109")) (1"-120") -*Homo sapiens* IGHG1*01 (CH1 (121"-218"), charnière (219"-233"), CH2 L²³⁷>A, L²³⁸>A (234"-343"), CH3 Y³⁵²>C, T³⁶⁹>S, L³⁷¹>A, Y⁴¹⁰>V (344"-448"), CHS (449"-450")) (121"-450")), (223-214')-disulfure avec chaîne légère kappa (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 -IGKJ4*01, CDR-Kabat [11.7.9] (24'-34'.50'-56'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (108'-214'))], produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1SV GS-KO, glycoforme alfa
antineoplasique

olusonkafusp alfa

interleukina-2 humana (IL2, IL-2, Uniprot: P60568) (1-133, 1-129 en la secuencia actual), variante (T³>A, ⁷⁴QSKNF⁷⁸>GDASI, ⁸⁰LRPR⁸³>del, N⁸⁸>R⁸⁴, C¹²⁵>S¹²¹, S¹³⁰>R¹²⁶), fusionada en el extremo C-terminal, mediante un acoplador polipeptídico (G₄S)₂ (130-139), a un fragmento Fc de inmunoglobulina G1 (IgG1) humana (dominios bisagra-CH2-CH3-CHS) [*Homo sapiens* IGHG1*01 (bisagra (EPKSC¹³⁹⁻¹⁴⁰>del) (140-149), CH2 L¹⁵³>A, L¹⁵⁴>A (150-259), CH3 S²⁷³>C, T²⁸⁵>W (260-364), CHS (365-366)) (140-366] (229-145":232-148":352-273")-trisdisulfuro con una inmunoglobulina G1-kappa humana anti-[proteína 1 de muerte celular programada de *Homo sapiens* (PD-1, PDCD1, receptor 1 de muerte celular programada, CD279)] [cadena pesada gamma1 (1"-450") [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*01 - (IGHD) - IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.11] (31"-35". 50"-66". 99"-109")) (1"-120") -*Homo sapiens* IGHG1*01 (CH1 (121"-218"), bisagra (219"-233"), CH2 L²³⁷>A, L²³⁸>A (234"-343"), CH3 Y³⁵²>C, T³⁶⁹>S, L³⁷¹>A, Y⁴¹⁰>V (344"-448"), CHS (449"-450")) (121"-450")), (223-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 -IGKJ4*01, CDR-Kabat [11.7.9] (24'-34'.50'-56'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (108'-214'))], producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1SV GS-KO, glicoforma alfa
antineoplásico

omtebrutidegum

omtebrutideg

3-*tert*-butyl-*N*-{[(1*R*)-1-[(5²*S*)-1³,5²-dimethyl-9²,9⁴-dioxo-3-aza-2(4,6)-pyrimidina-9(1)-[1,3]diazinana-5(1,4)-piperazina-4(2,5)-pyridina-1(1),8(1,4)-dibenzenanonaphan-1⁴-yl]ethyl]-1,2,4-oxadiazole-5-carboxamide

Bruton tyrosine kinase degrader, antineoplastic

omtébrutideg

3-*tert*-butyl-*N*-{[(1*R*)-1-[(5²*S*)-1³,5²-diméthyl-9²,9⁴-dioxo-3-aza-2(4,6)-pyrimidina-9(1)-[1,3]diazinana-5(1,4)-pipérazina-4(2,5)-pyridina-1(1),8(1,4)-dibenzénanonaphan-1⁴-yl]éthyl]-1,2,4-oxadiazole-5-carboxamide

dégradeur de la tyrosine kinase de Bruton, antinéoplasique

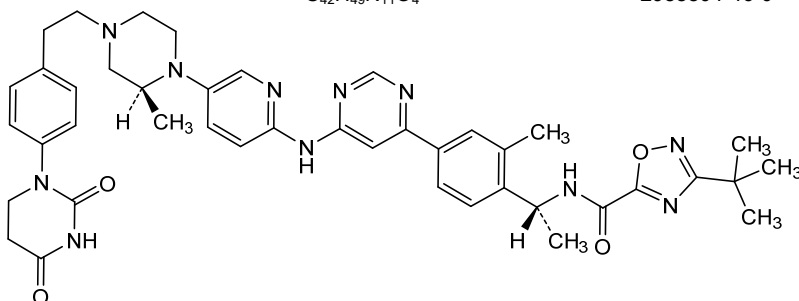
omtebrutideg

3-*tert*-butil-*N*-{[(1*R*)-1-[(5²*S*)-1³,5²-dimetil-9²,9⁴-dioxo-3-aza-2(4,6)-pirimidina-9(1)-[1,3]diazinana-5(1,4)-piperazina-4(2,5)-piridina-1(1),8(1,4)-dibencenanonafan-1⁴-il]etil]-1,2,4-oxadiazol-5-carboxamida

degrador de la tirosina kinasa de Bruton, antineoplásico

C₄₂H₄₉N₁₁O₄

2988804-46-0

**omvitrastatum**

omvitrastat

6-methoxy-5-[(1*H*-pyrazol-1-yl)methyl]-*N*-(2,4,6-trimethoxybenzene-1-sulfonyl)pyridine-2-carboxamide
antineoplastic

omvitrastat

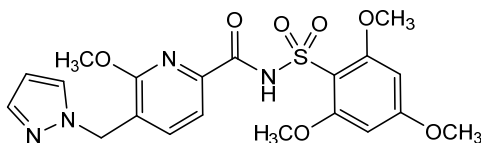
6-méthoxy-5-[(1*H*-pyrazol-1-yl)méthyl]-*N*-(2,4,6-triméthoxybenzène-1-sulfonyl)pyridine-2-carboxamide
antineoplasique

omvitrastat

6-metoxi-5-[(1*H*-pirazol-1-il)metil]-*N*-(2,4,6-trimetoxibenceno-1-sulfonyl)piridina-2-carboxamida
antineoplásico

C₂₀H₂₂N₄O₇S

3056105-63-3



omzirafenibum

omzirafenib

6-methyl-*N*⁵-[3-(7*H*-purin-6-yl)pyridin-2-yl]-*N*¹-[3-(trifluoromethoxy)phenyl]isoquinoline-1,5-diamine
B-Raf (BRAF) inhibitor, antineoplastic

omzirafénib

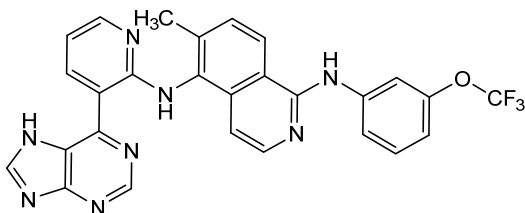
6-méthyl-*N*⁵-[3-(7*H*-purin-6-yl)pyridin-2-yl]-*N*¹-[3-(trifluorométhoxy)phényl]isoquinoline-1,5-diamine
inhibiteur de B-Raf (BRAF), antinéoplasique

omzirafenib

6-metil-*N*⁵-[3-(7*H*-purin-6-il)piridin-2-il]-*N*¹-[3-(trifluorometoxi)fenil]isoquinolina-1,5-diamina
inhibidor B-Raf (BRAF), antineoplásico

C₂₇H₁₉F₃N₈O

2274819-46-2

**onvisatabartum #**

onvisatabart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* PTK7 (protein tyrosine kinase 7, colon carcinoma kinase 4, CCK4)], humanized monoclonal antibody;

H-gamma1 heavy chain humanized (1-443) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*02 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.6] (26-33.51-58.97-102)) (1-113) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (210) (114-211), hinge 1-15 (212-226), CH2 (227-336), CH3 D12 (352), L14 (354) (337-441), CHS (442-443)) (114-443)], (216-217')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-217') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*01 (93.7%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -10-KCv113 Ins(RTV) R1.7, T1.6, V1.5 (108'-110') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (156'), V101 (194')) (111'-217')]; dimer (222-222":225-225")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa
antineoplastic

onvisatabart

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* PTK7 (protéine tyrosine kinase 7, kinase du cancer du côlon, CCK4)]; anticorps monoclonal humanisé;
chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-443) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*02 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.6] (26-33.51-58.97-102)) (1-113) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (210) (114-211), charnière 1-15 (212-226), CH2 (227-336), CH3 D12 (352), L14 (354) (337-441), CHS (442-443)) (114-443)], (216-217')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-217') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*01 (93.7%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -10-KCv113 Ins(RTV) R1.7, T1.6, V1.5 (108'-110') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (156'), V101 (194')) (111'-217')]; dimère (222-222":225-225")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa
antinéoplasique

onvisatabart

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* PTK7 (proteína tirosina kinasa 7, kinasa del cáncer de colon, CCK4)]; anticuerpo monoclonal humanizado;
cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-443) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*02 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.6] (26-33.51-58.97-102)) (1-113) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (210) (114-211), bisagra 1-15 (212-226), CH2 (227-336), CH3 D12 (352), L14 (354) (337-441), CHS (442-443)) (114-443)], (216-217')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-217') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*01 (93.7%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -10-KCv113 Ins(RTV) R1.7, T1.6, V1.5 (108'-110') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (156'), V101 (194')) (111'-217')]; dímero (222-222":225-225")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa
antineoplásico

3088657-98-8

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H^o)
QVQLVQSGAE VKKPGASVKI SCKGSGYTFT DYGMHWLKQA PGQGLEWIGV 50
ISPYGIDVNY NQKFQGRATM TVDKSISTAY MELSRRLSDD TAVYYCARGM 100
GYWGQGLT VTSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYFPEPV 150
TVSWNSGALT SGVHTFPAVL QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH 200
KPSNTKVDKK VEPKSCDKTH TCPCPCAPEL LGGPSVFLFP PKPKDTLMIS 250
RTPEVTCVVV DVSHEDPEVK FNWYVDGVEV HNAKTKPREE QYNSTYRVVS 300
VLTVLHQDWL NGKEYKCKVS NKALPAPIEK TISKAKGQPR EPQVYTLPPS 350
RDELTKNQVS LTCLVKGFYP SDIAVEWESN GQPENNYKTT PPVLDSGGSF 400
FLYSKLTVDK SRWQQGNVFS CSVMHEALHN HYTKSLSLG PGK 443

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L^o)
DIQLTQSPSF LSASVGDRVT ITCRASQSI KYLAWYQQKPK GKAPKLLIYS 50
GSTLQSGVPS RFSGSGSGTE FTLTISSLQP EDFATYYCQQ HNEYFWTFGQ 100
GTKVEIKRTV RTVAAPSVFI FPPSDEQLKS GTASVVCLLN NFPYPREAKVQ 150
WKVDNALQSG NSQESVTEQD SKDSTYSLSS TLTLSKADYE KHKVYACEVT 200
HQGLSSPVTK SFNRGEC 217

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 140-196 257-317 363-421
22"-96" 140"-196" 257"-317" 363"-421"
Intra-L (C23-C104) 23'-88' 137'-197'
23'''-88''' 137'''-197'''
Inter-H-L (h 5-CL 126) 216-217' 216"-217"
Inter-H-H (h 11, h 14) 222-222" 225-225"

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal
Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl) / pyroglutamyle (pE, 5-oxopropyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxopropilo)
H VH Q1: 1, 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 293, 293"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 443, 443"

onvisatabartum birsatecanum #

onvisatabart birsatecan

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* PTK7 (protein tyrosine kinase 7, colon carcinoma kinase 4, CCK4)], humanized monoclonal antibody; conjugated on eight cysteinyl residues to *birsatecan*, comprising a cleavable linker and a camptothecin derivative (*exatecan*);

H-gamma1 heavy chain humanized (1-443) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*02 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.6] (26-33.51-58.97-102)) (1-113) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (210) (114-211), hinge 1-15 (212-226), CH2 (227-336), CH3 D12 (352), L14 (354) (337-441), CHS (442-443)) (114-443)], (216-217')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-217') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*01 (93.7%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -10-KCv113 Ins(RTV) R1.7, T1.6, V1.5 (108'-110') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (156'), V101 (194')) (111'-217')]; dimer (222-222":225-225")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa; substituted at the sulfur atoms of the eight L-cysteinyl residues 216, 222, 225, 217', 216", 222", 225" and 217'" with (3RS)-1-(6-(((2S)-1-(((2S)-1-{4-[[(((1S,9S)-9-ethyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-methyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1*H*,12*H*-benzo[de]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolin-1-yl)carbamoyl)oxy)methyl]-3-(3,6,9,12,15,18,21,24,27,30,33-undecamethyl-2,5,8,11,14,17,20,23,26,29,32-undecaoox-3,6,9,12,15,18,21,24,27,30-decaazatetratricontan-34-yl)anilino)-1-oxopropan-2-yl]amino)-3-methyl-1-oxobutan-2-yl]amino)-6-oxohexyl)-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (*birsatecan*) groups
antineoplastic

onvisatabart birsatécan

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* PTK7 (protéine tyrosine kinase 7, kinase du cancer du côlon, CCK4)]; anticorps monoclonal humanisé, conjugué par huit résidus cystéinyle au *birsatécan*, comprenant un coupleur clivable et un dérivé de la camptothécine (*exatécan*);

chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-443) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*02 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.6] (26-33.51-58.97-102)) (1-113) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (210) (114-211), charnière 1-15 (212-226), CH2 (227-336), CH3 D12 (352), L14 (354) (337-441), CHS (442-443)) (114-443)], (216-217')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-217') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*01 (93.7%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -10-KCv113 InsRTV R1.7, T1.6, V1.5 (108'-110') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (156'), V101 (194')) (111'-217')]; dimère (222-222":225-225")-bisdisulfure, produit dans des cellules

ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa; substitué sur les atomes de soufre des huit résidus L-cystéinyle 216, 222, 225, 217', 216'', 222'', 225'' et 217''' avec des groupes (3*RS*)-1-(6-[(2*S*)-1-[(2*S*)-1-{4-[[[(1*S*,9*S*)-9-éthyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-méthyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1*H*,12*H*-benzo[de]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolin-1-yl]carbamoyl]oxy)méthyl]-3-(3,6,9,12,15,18,21-groupes,24,27,30,33-undécaméthyl-2,5,8,11,14,17,20,23,26,29,32-undécaoxo-3,6,9,12,15,18,21,24,27,30-décazatétratriacontan-34-yl)anilino]-1-oxopropan-2-yl]amino)-3-méthyl-1-oxobutan-2-yl]amino)-6-oxohexyl)-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (*birsatécán*)
antinéoplasique

onvisatabart birsatécán

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* PTK7 (proteína tirosina kinasa 7, kinasa del cáncer de colon, CCK4)]; anticuerpo monoclonal humanizado; conjugado por ocho residuos cisteinilo con *birsatécán*, que comprende un conector escindible y un derivado de la camptotecina (*exatécán*); cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-443) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*02 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.6] (26-33.51-58.97-102)) (1-113) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (210) (114-211), bisagra 1-15 (212-226), CH2 (227-336), CH3 D12 (352), L14 (354) (337-441), CHS (442-443)) (114-443)], (216-217')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-217') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*01 (93.7%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -10-KCv113 Ins(RTV) R1.7, T1.6, V1.5 (108'-110') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (156'), V101 (194')) (111'-217')]; dímero (222-222'':225-225'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa; sustituido en los átomos de azufre de los ocho residuos L-cisteinilo 216, 222, 225, 217', 216'', 222'', 225'' y 217''' con grupos (3*RS*)-1-(6-[(2*S*)-1-[(2*S*)-1-{4-[[[(1*S*,9*S*)-9-etil-5-fluoro-9-hidroxi-4-metil-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahidro-1*H*,12*H*-benzo[de]pirano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolin-1-il]carbamoyl]oxi)metil]-3-(3,6,9,12,15,18,21,24,27,30,33-undecametil-2,5,8,11,14,17,20,23,26,29,32-undécaoxo-3,6,9,12,15,18,21,24,27,30-decazatétratriacontan-34-il)anilino)-1-oxopropan-2-il]amino)-3-metil-1-oxobutan-2-il]amino)-6-oxohexil)-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo (*birsatécán*)
antineoplásico

3088657-99-9

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H')

QVQLVDSGAE	VKKPGASVKI	SCKSGGYTFT	DYGMHWLKQA	PGQGLEWIGV	50
ISPYYGDNVY	NQKFQGRATM	TVDKSISTAY	MELSRRLSDD	TAVYYCARGM	100
GYWGQGLTIV	VSSASTKGPS	VFPLAPSSKS	TSGGTAAALGC	LVKDYFPEPV	150
TVSWNSGALT	SGVHTFPAVL	QSSGLYSLSS	VVTVPSSSLG	TQTYICNVNH	200
KPSNTKVDKK	VEPKSCDKTH	TCPPCPAPEL	LGGPSVFLFP	PKPKDTLMIS	250
RTPEVTCVVV	DVSHEDPEVK	FNWYVDGVEV	HNATKTPREE	QYNSTYRVVS	300
VLTVLHQDWL	NGKEYCKKVS	NKALPAPIEK	TISKAKGQPR	EPQVYTLPPS	350
RDELTKNQVS	LTCLVKGFYP	SDIAVEWESN	GQPENNYKTT	PPVLDSGDSF	400
FLYSKLTVDK	SRWQQGNVFS	CSVMHEALHN	HYTQKSLSL	PGK	443

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L')

DIQLTQSPSF	LSASVGDVRT	ITCRASQSI	KYLAWYQKP	GKAPKLLIYS	50
GSTLQSGVPS	RFSGSGSGTE	FTLTISLQ	EDFATYYCQ	HNEYPWTFGQ	100
GTKVEIKRTV	RTVAAPSVFI	FPPSDEQLK	GTASVCLLN	NFYPREAKVQ	150
WKVDNALQSG	NSQESVTEQD	SKDSTYSL	TLTLKADYE	KHKVYACEVT	200
HQGLSPVTK	SFNRGEC				217

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104)	22-96	140-196	257-317	363-421
	22"-96"	140"-196"	257"-317"	363"-421"

Intra-L (C23-C104)	23'-88'	137'-197'
	23'''-88'''	137'''-197'''

Inter-H-L (h 5-CL 126) 216-217' 216"-217'''

Inter-H-H (h 11, h 14) 222-222" 225-225"

*The inter-chain disulfide bridges are not present, the eight cysteinyl are conjugated, each via a thioether bond, to a drug linker.

*Les ponts disulfures inter-chaînes ne sont pas présents, les huit cystéinyl sont conjugués, chacun via une liaison thioéther, à un coupleur-principe actif.

*Los puentes disulfuro inter-catenarios no están presentes, los ocho cisteinil están conjugados, cada uno a través de un enlace tioéter, a un conector de fármaco.

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal

Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl) / pyroglutamide (pE, 5-oxoprolyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)

H VH Q1: 1, 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 293, 293"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados

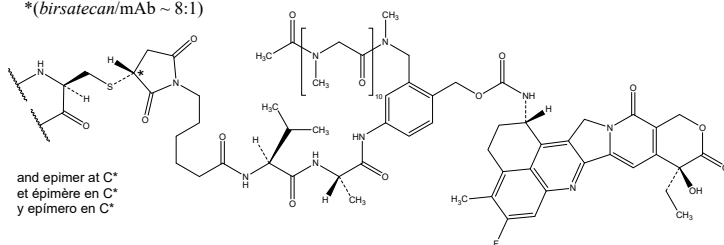
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: 443, 443"

Potential modified residues / résidus modifiés potentiels / restos modificados potenciales*

C (216, 222, 225, 217', 216", 222", 225", 217''')

*(birsatecan/mAb ~ 8:1)



onvoloxastatum

onvoloxastat

N-(1,3-benzothiazol-2-yl)-4-[[[(2-hydroxy-3-methoxyphenyl)methyl]amino]benzene-1-sulfonamide
 12-lipoxygenase inhibitor

onvoloxastat

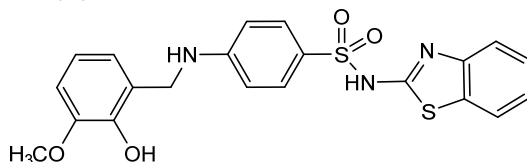
N-(1,3-benzothiazol-2-yl)-4-[[[(2-hydroxy-3-méthoxyphényl)méthyl]amino]benzène-1-sulfonamide
inhibiteur de la 12-lipoxygénase

onvoloxastat

N-(1,3-benzotiazol-2-il)-4-[[[(2-idroxi-3-metoxifenil)metil]amino]benceno-1-sulfonamida
inhibidor de la 12-lipoxigenasa

C₂₁H₁₉N₃O₄S₂

1532593-30-8

**onzotriginum**

onzotrigine

2-[(6-fluoro-2-methylpyridin-3-yl)oxy]-*N*-{3-[(*R*)-methanesulfonimidoyl]phenyl}-4-methyl-5-(trifluoromethyl)pyridine-3-carboxamide
sodium channel blocker, analgesic

onzotrigine

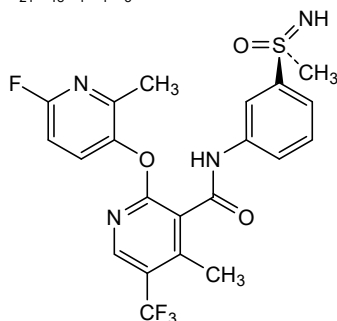
2-[(6-fluoro-2-méthylpyridin-3-yl)oxy]-*N*-{3-[(*R*)-méthanesulfonimidoyl]phényl}-4-méthyl-5-(trifluorométhyl)pyridine-3-carboxamide
bloqueur des canaux sodiques, analgésique

onzotrigina

2-[(6-fluoro-2-metilpiridin-3-il)oxi]-*N*-{3-[(*R*)-metanosulfonimidoil]fenil}-4-metil-5-(trifluorometil)piridina-3-carboxamida
bloqueador del canal de sodio, analgésico

C₂₁H₁₈F₄N₄O₃S

2834099-10-2

**opucolimabum pelitecanum #**

opucolimab pelitecan

immunoglobulin G1-lambda3, anti-[*Homo sapiens* CD274 (programmed death ligand 1, PDL1, PD-L1, B7 homolog 1, B7H1, B7-H1, PDCD1LG1)], *Homo sapiens* monoclonal antibody, conjugated on eight cysteinyl residues to *pelitecan*, comprising a linker and a camptothecin derivative;
H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-21*01 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112)) (1-123) -*Homo sapiens* IGHG1*03v G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, 8-G1v29 CH2 A84.4 (CH1 R120>K (220) (124-221), hinge 1-15 (222-236), CH2 N84.4>A (303) (237-346), CH3 E12 (362), M14 (364) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-214')-disulfide with L-lambda3 light chain

Homo sapiens (1'-214') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-51*01 (82.3%) -IGLJ3*01 (100%), CDR-IMGT [8.3.10] (26-33.51-53.90-99)) (1'-109') -*Homo sapiens* IGLC3*03 (98.1%) 10-LC3v1 S1.5, R119, L123, delS127 (C-LAMBDA3 G1.5>S (110'), K119>R (207'), P123>L (211'), S127>del) (110'-214')]; dimer (232-232":235-235")-bisdisulfide, produced in a cell line of Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, non-glycosylated; substituted at the sulfur atoms of the eight L-cysteiny residues 226, 232, 235, 214', 226", 232", 235" and 214"" with 5-[(11S,14S)-11-[4-(dipropylamino)butyl]-1-[(7S)-7-ethyl-7-hydroxy-8,11-dioxo-7,8,11,13-tetrahydro-2H,10H-[1,3]dioxolo[4,5-g]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinolin-14-yl]-7,10,13,16-tetraoxo-14-(propan-2-yl)-4-oxa-6,9,12,15-tetraazahenicos-20-yn-21-yl]pyrimidin-2-yl (*pelitecan*) groups
antineoplastic

opucolimab pélitécán immunoglobuline G1-lambda3, anti-[*Homo sapiens* CD274 (ligand 1 de mort programmée, PDL1, PD-L1, homologue 1 de B7, B7H1, B7-H1, PDCD1LG1)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*, conjugué par huit résidus cystéinyle au *pélitécán*, comprenant un coupleur et un dérivé de la camptothécine;

chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-21*01 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112)) (1-123) -*Homo sapiens* IGHG1*03v G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, 8-G1v29 CH2 A84.4 (CH1 R120>K (220) (124-221), charnière 1-15 (222-236), CH2 N84.4>A (303) (237-346), CH3 E12 (362), M14 (364) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-214')-disulfure avec la chaîne légère L-lambda3 *Homo sapiens* (1'-214') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-51*01 (82.3%) -IGLJ3*01 (100%), CDR-IMGT [8.3.10] (26-33.51-53.90-99)) (1'-109') -*Homo sapiens* IGLC3*03 (98.1%) 10-LC3v1 S1.5, R119, L123, delS127 (C-LAMBDA3 G1.5>S (110'), K119>R (207'), P123>L (211'), S127>del) (110'-214')]; dimère (232-232":235-235")-bisdisulfure, produit dans une lignée cellulaire des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, non-glycosylé; substitué sur les atomes de soufre des huit résidus L-cystéinyle 226, 232, 235, 214', 226", 232", 235" et 214"" avec des groupes 5-[(11S,14S)-11-[4-(dipropylamino)butyl]-1-[(7S)-7-éthyl-7-hydroxy-8,11-dioxo-7,8,11,13-tétrahydro-2H,10H-[1,3]dioxolo[4,5-g]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinoléin-14-yl]-7,10,13,16-tétraoxo-14-(propan-2-yl)-4-oxa-6,9,12,15-tétraazahenicos-20-yn-21-yl]pyrimidin-2-yle (*pélitécán*)
antineoplasique

opucolimab pelitecán immunoglobulina G1-lambda3, anti-[*Homo sapiens* CD274 (ligando 1 de muerte programada, PDL1, PD-L1, homólogo 1 de B7, B7H1, B7-H1, PDCD1LG1)], anticuerpo monoclonal; conjugado por ocho residuos cisteinilo con *pélitécán*, que comprende un conector y un derivado de la camptotecina;

cadena pesada H-gamma1 *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-21*01 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112)) (1-123) -*Homo sapiens* IGHG1*03v G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, 8-G1v29 CH2 A84.4 (CH1 R120>K (220) (124-221), bisagra 1-15 (222-236), CH2 N84.4>A (303) (237-346), CH3 E12 (362), M14 (364) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-214')-disulfuro con la cadena ligera L-lambda3 *Homo sapiens* (1'-214') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-51*01 (82.3%) -IGLJ3*01 (100%), CDR-IMGT [8.3.10] (26-33.51-53.90-99)) (1'-109') -*Homo sapiens* IGLC3*03 (98.1%) 10-LC3v1 S1.5, R119, L123, delS127 (C-LAMBDA3 G1.5>S (110'), K119>R (207'), P123>L (211'), S127>del) (110'-214')]; dímero (232-232":235-235")-bisdisulfuro; producido en una línea celular de las células ováricas de

hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, no glicosilado; sustituido en los átomos de azufre de los ocho residuos L-cisteinilo 226, 232, 235, 214', 226", 232", 235" y 214''' con grupos 5-[(11S,14S)-11-[4-(dipropilamino)butil]-1-[(7S)-7-etil-7-hidroxi-8,11-dioxo-7,8,11,13-tetrahidro-2H,10H-[1,3]dioxolo[4,5-g]pirano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinolein-14-il]-7,10,13,16-tetraoxo-14-(propan-2-il)-4-oxa-6,9,12,15-tetraazahenicos-20-in-21-il]pirimidin-2-ilo (*pelitecán*)
antineoplásico

3083230-27-4

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H')

```

EVQLVQSGGG LVPKGGSLRL SCAASGFTFS SYTMNWVRQA PGKGLEWVSS 50
ISSGSYLYY ADSVKGRFTI SRDNAKNSLY LQMNSLRAED TAVYYCARNE 100
LRWYPQAGAF DRWGQGTMTV VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC 150
LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG 200
TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSCDKTH TCPPCPAPEL LGGPSPVFLFP 250
FKPKDTLMIS RTPEVTCVVV DVSHEDPEVK FNWYVDGVEV HNAKTKPREE 300
QYASTYRVVS VLTVLHQDWL NGKEYKCKVS NKALPAPIEK TISKAKGQPR 350
EPQVYTLPPS REEMTKNQVS LTCLVKGFYP SDIAVEWESN GQPENNYKTT 400
PPVLDSDGSF FLYSKLTVDK SRWQGNVFS CSVMHEALHN HYTPQKSLSL 450
PGK 453

```

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L', L'')

```

QSVVTQPPSM SAAPGQRTI SCSGSSSYIE SSVVGWYQQL PGTAPRLLIY 50
DDDMRPSGIP DRFSGSKSGT SATLATGLQ TGDEADYYCE IWRSLGGVF 100
GGGTKLTVLS QPKAAPSVTL FPPSSEELQA NKATLVCLIS DFYPGAHTVA 150
WKADSSPVKA GVETTTPSKQ SNNKYAASSY LSLTPEQWKS HKSYSQCVTH 200
EGSTVERTVA LTEC 214

```

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22'-96" 150"-206" 267"-327" 373"-431"
22"-96" 150"-206" 267"-327" 373"-431"

Intra-L (C23-C104) 22'-89" 137"-196"
22"-89" 137"-196"

Inter-H-L (h 5-CL 126)* 226'-214' 226"-214"

Inter-H-H (h 11, h 14)* 232'-232" 235'-235"

*The inter-chain disulfide bridges are not present, the eight cysteinyl are conjugated, each via a thioether bond, to a drug linker.

*Les ponts disulfures inter-chaînes ne sont pas présents, les huit cystéinyl sont conjugués, chacun via une liaison thioéther, à un coupleur-principe actif.

*Los puentes disulfuro inter-catenarios no están presentes, los ocho cisteinil están conjugados, cada uno a través de un enlace tioéter, a un conector de fármaco.

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal

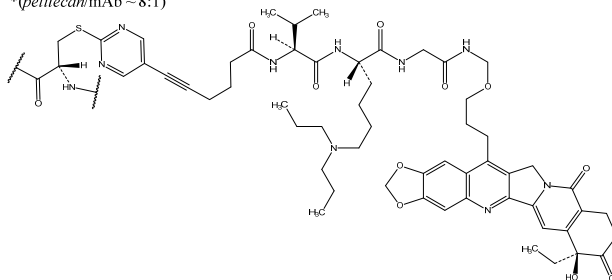
Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl) / pyroglutamyle (pE, 5-oxopropyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)

L VL VL-LAMBDA Q1: 1', 1'''

No N-glycosylation sites / pas de sites de N-glycosylation / ningùn posición de N-glycosilación
H CH2 N84.4>A (8-G1v29): 303, 303"

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 453, 453"

Potential modified residues / résidus modifiés potentiels / restos modificados potenciales*
C (226, 232, 235, 214', 226", 232", 235", 214''')

*(*pelitecan*/mAb ~8:1)

pevifoscorvirum

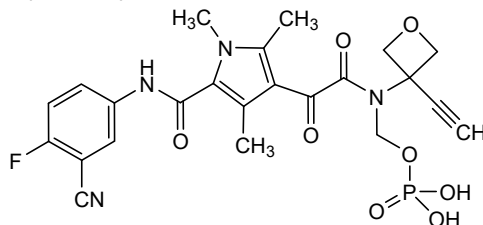
pevifoscorvir [2-{5-[(3-cyano-4-fluorophenyl)carbamoyl]-1,2,4-trimethyl-1*H*-pyrrol-3-yl)-*N*-(3-ethynyloxetan-3-yl)-2-oxoacetamido]methyl dihydrogen phosphate
core protein (Cp) inhibitor, antiviral

pévifoscorvir dihydrogénophosphate de [2-{5-[(3-cyano-4-fluorophényl)carbamoyl]-1,2,4-triméthyl-1*H*-pyrrol-3-yl)-*N*-(3-éthynyloxétan-3-yl)-2-oxoacétamido]méthyle
inhibiteur de la protéine de capside (Cp), antiviral

pevifoscorvir dihidrogenofosfato de [2-{5-[(3-ciano-4-fluorofenil)carbamoiil]-1,2,4-trimetil-1*H*-pirrol-3-il)-*N*-(3-etiniloxetán-3-il)-2-oxoacetamido]metilo
inhibidor de la proteína del core (Cp), antiviral

C₂₃H₂₂FN₄O₈P

2495324-71-3

**pexigrotugum #**

pexigrotug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* NGF (nerve growth factor, NGFB, nerve growth factor beta polypeptide)], monoclonal antibody; gamma1 heavy chain (1-450) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV2-6-7*01 (92.8%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (88.2%)/*Homo sapiens* IGHV4-38-2*02 (65.3%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (85.7%) Q120>A (112), M123>T (115), CDR-IMGT [8.7.14] (26-33.51-57.96-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03v (100%), G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (217) (121-218), hinge 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-214')-disulfide with L-kappa light chain (1'-214') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV10-96*01 (92.6%) -IGKJ1*01 (100%)/*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (80.0%) -IGKJ4*01 (90.9%) V124>L (104'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'') (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214'')]; dimer (229-229":232-232'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DXB11, glycoform alfa
analgesic

pexigrotug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* NGF (facteur de croissance du nerf, NGFB, polypeptide bêta du facteur de croissance du nerf)], anticorps monoclonal; chaîne lourde H-gamma1 (1-450) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV2-6-7*01 (92.8%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (88.2%)/*Homo sapiens* IGHV4-38-2*02 (65.3%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (85.7%) Q120>A (112), M123>T (115), CDR-IMGT [8.7.14] (26-33.51-57.96-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03v (100%), G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (217) (121-218), charnière 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa (1'-214') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV10-96*01 (92.6%) -IGKJ1*01 (100%)/*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (80.0%) -IGKJ4*01 (90.9%) V124>L (104'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'') (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214'')]; dimère (229-229":232-232'')-bisdisulfure, produit dans des

cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DXB11, glycoforme alfa
analgésique

pexigrotug immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* NGF (factor de crecimiento del nervio, NGFB, polipéptido beta del factor de crecimiento del nervio)], anticuerpo monoclonal;
cadena pesada H-gamma1 (1-450) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV2-6-7*01 (92.8%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (88.2%)/*Homo sapiens* IGHV4-38-2*02 (65.3%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (85.7%) Q120>A (112), M123>T (115), CDR-IMGT [8.7.14] (26-33.51-57.96-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03v (100%), G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (217) (121-218), bisagra 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 E12 (359),M14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa (1'-214') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV10-96*01 (92.6%) -IGKJ1*01 (100%)/*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (80.0%) -IGKJ4*01 (90.9%) V124>L (104'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dímero (229-229"-232-232")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DXB11, forma glicosilada alfa
analgésico

3075939-65-7

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H")
QVQLKESGPG LVAPSETLSI TCTVSGFSLT GYGVNWVRQP PGKGLEWLG 50
IWADGDTDYN SALKSRLTIS KDNSKSQVFL KVNNLQTDDT ARYYCARD 100
YYGYNFFDWM GAGTTVTVSS ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK 150
DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT 200
YICNVNHKPS NTKVDKKVEP KSCDKTHTCP PCPAPELLGG PSVFLFPPPK 250
KDTLMISRTP EVTCVVVDVS HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN 300
STYRVVSVLT VILHQDWLNGK EYCKKVS NKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ 350
VYTLPPSREE MTKNQVSLTC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV 400
LDSGGSFFLY SKLTVDKSRW QQGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPGK 450

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L")
DIQMTQSPSS LSASVGDRVT ISCRASQDIS NYLNWYQQKP EGTLLKLIYY 50
TSRLHSGVPS RFGSGSGTD YSLTISSLQQ EDIATYFCQQ GNTLPRTFGG 100
GTKLEIKRTV AAPSVFI FPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGE 214

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22-95 147-203 264-324 370-428
22"-95" 147"-203" 264"-324" 370"-428"

Intra-L (C23-C104) 23'-88' 134'-194'
23'''-88''' 134'''-194'''

Inter-H-L (h 5-CL 126) 223-214' 223"-214"

Inter-H-H (h 11, h 14) 229-229" 232-232"

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal

Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl) / pyroglutamyle (pE, 5-oxopropyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)
H VH Q1: 1, 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 300, 300"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenaricos complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 450, 450"

pinzodirsenum

pinzodirsen

all-P-ambo-[2',3'-azanediyI-*P*,2',3'-trideoxy-*P*-(dimethylamino)-2',3'-seco]([$N^2 \rightarrow 5'$])(C-A-G-C-A-G-C-A-G-C-A-G-C-A-G-C-A-G)

dystrophia myotonica protein kinase (DMPK) steric blocker

pinzodirsen

tout-P-ambo-[2',3'-azanediyil-2',3',*P*-tridésoxy-*P*-(diméthylamino)-2',3'-séco]($N^2 \rightarrow 5'$)(C-A-G-C-A-G-C-A-G-C-A-G-C-A-G-C-A-G-C-A-G)

bloqueur stérique de la protéine kinase de la dystrophie myotonique (DMPK)

pinzodirsén

todo-P-ambo-[2',3'-azanodiiil-2',3',*P*-tridesoxi-*P*-(dimetilamino)-2',3'-seco]([N²→5') (C-A-G-C-A-G-C-A-G-C-A-G-C-A-G-C-A-G-C-A-G)

bloqueador estérico de la proteína cinasa de la distrofia miotónica (DMPK)

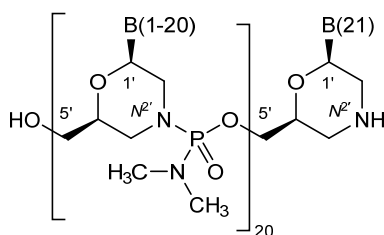
$$\text{C}_{243}\text{H}_{374}\text{N}_{132}\text{O}_{76}\text{P}_{20}$$

2659211-29-5

Sequence / Séquence / Secuencia:

5' CAGCAGCAGC AGCAGCAGCA G 3' (1-21)

B : nucleobase / nucléobase / nucleobase



pinzodirsenum delvopertidum #

pinzodirsen delvopertide

all-P-ambo-N^{2,21}-[1-({1-acetyl-L-prolyl-L-lysyl-L-lysyl-L-lysyl-L-arginyl-L-lysyl-L-valyl}[2-(2-aminoethoxy)ethoxy]acetyl-*N*⁶-[1,8-anhydro(L-phenylalaninyl)glycyl-L-phenylalaninyl)glycyl-L-arginyl]glycyl-L-arganyl-L-γ-glutamyl]-L-lysyl]amino)-3,6,9,12,15,18,21,24,27,30,33,36-dodecaoxanonatriacontan-39-oyl][2',3'-azanediy]l-*P*,2',3'-trideoxy-*P*-(dimethylamino)-2',3'-seco)(*N*²→5')C-A-G-C-A-G-C-A-G-C-A-G-C-A-G-C-A-G-C-A-G)

dystrophia myotonica protein kinase (DMPK) steric blocker

pinzodirsen delvopertide

tout-P-ambo-N²⁻²¹-[1-{[1-acétyl-L-prolyl-L-lysyl-L-lysyl-L-lysyl-L-arginyl-L-lysyl-L-valyl][2-(2-aminoéthoxy)éthoxy]acétyl-*N*⁶-[1,8-anhydro(L-phénylalanyl)glycyl-L-phénylalanyl)glycyl-L-arginyl]glycyl-L-arginyl-L-lysyl-L-γ-glutamyl][1-L-lysyl)amino]-3,6,9,12,15,18,21,24,27,30,33,36-dodécaoxanonatriacontan-39-oyl][2',3'-azanediyl-*P*,2',3'-tridésoxy-*P*-(diméthylamino)-2',3'-séco][*N*⁶→5'*C*-A-G-C-A-G-C-A-G-C-A-G-C-A-G-C-A-G-C-A-G]

bloqueur stérique de la protéine kinase de la dystrophie myotonique (DMPK)

pinzodirsén delvopertida

todo-P-ambo-N^{2,21}-[1-({1-acetil-L-prolil-L-lisil-L-lisil-L-lisil-L-arginil-L-lisil-L-valil[2-(2-aminoetoxi)etoxi]acetil-N⁶-[1,8-anhidro(L-fenilalanilglicil-L-fenilalanilglicil-L-arginilglicil-L-arginil-L-γ-glutamyl)]-L-lisil}amino)-3,6,9,12,15,18,21,24,27,30,33,36-dodecaoxanonatriacontan-39-oi)][2',3'-azanedilil-P,2',3'-tridesoxi-P-(dimetilamino)-2',3'-seco](N²→5')C-A-G-C-A-G-C-A-G-C-A-G-C-A-G-C-A-G-C-A-G-C-A-G-C-A-G)
bloqueador estérico de la proteína cinasa de la distrofia miotónica (DMPK)

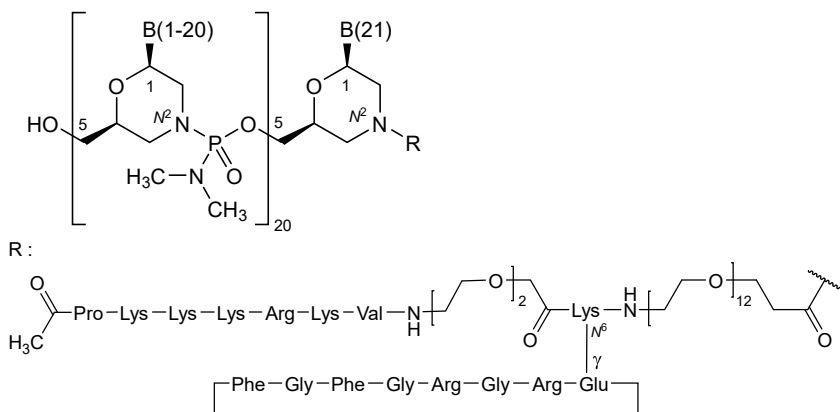
C₃₆₅H₅₈₄N₁₆₄O₁₁₀P₂₀

3055410-06-2

Sequences / Séquences / Secuencias:

5' CAGCAGCAGC AGCAGCAGCA G 3' (1-21)

B : nucleobase / nucléobase / nucleobase

**plumbi (²¹²Pb) oxoreotidi atexetani citras**lead (²¹²Pb) oxoreotide atexetan citrate

[S², S⁷-cyclo(N-[[4,7,10-tris(2-amino-2-oxo-κO-ethyl)-1,4,7,10-tetraazacyclododecan-1-yl-κ⁴N¹, N⁴, N⁷, N¹⁰]acetyl-κO)-D-phenylalanyl-L-cysteinyl-L-tyrosyl-D-tryptophyl-L-lysyl-L-threonyl-L-cysteinyl-L-threonine]] (²¹²Pb)lead(2+)
 hydrogen 2-hydroxypropane-1,2,3-tricarboxylate
radiopharmaceutical, antineoplastic

citrate de plomb (²¹²Pb) oxoréotide atexétan

hidrógeno-2-hidroxypropano-1,2,3-tricarboxylate de [S², S⁷-cyclo(N-[[4,7,10-tris(2-amino-2-oxo-κO-éthyl)-1,4,7,10-tétraazacyclododécan-1-yl-κ⁴N¹, N⁴, N⁷, N¹⁰]acétyl-κO)-D-phénylalanyl-L-cystéinyl-L-tyrosyl-D-tryptophyl-L-lysyl-L-thréonil-L-cystéinyl-L-thréonine]] (²¹²Pb)plomb(2+)
radiopharmaceutique, antinéoplasique

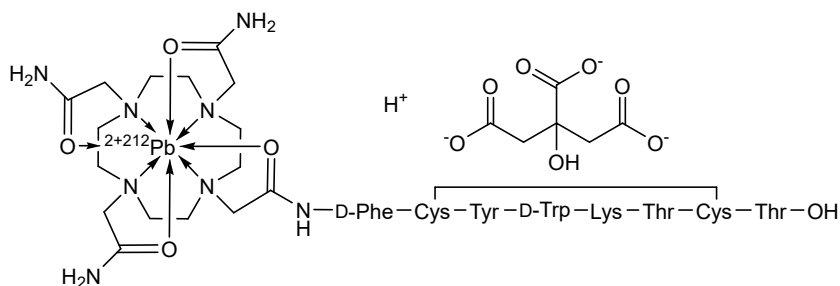
citrato de plomo (²¹²Pb) oxoreotida atexetán

hidrógeno-2-hidroxiopropano-1,2,3-tricarboxilato de [S², S⁷-ciclo(N-[[4,7,10-tris(2-amino-2-oxo-κO-etil)-1,4,7,10-tetraazaciclododecan-1-il-κ⁴N¹, N⁴, N⁷, N¹⁰]acetil-κO)-D-fenilalanil-L-cisteinil-L-tirosil-D-triptofil-L-lisil-L-treonil-L-

cisteinil-L-treonina]] (^{212}Pb)plomo(2+)
radiofármaco, antineoplásico

 $\text{C}_{71}\text{H}_{99}\text{N}_{17}\text{O}_{23}^{212}\text{PbS}_2$

3098765-13-7



pobistrocelum
 pobistrocel

allogeneic mesenchymal stromal cells (MSC) derived from umbilical cord Wharton's jelly. Cells are extracted by enzymatic and mechanical dissociation in media containing foetal bovine serum (FBS), with the cells expanded in a xeno-free medium supplemented with human platelet lysate. Each donor MSCs are initially expanded separately and subject to functional testing, with qualified lots preserved as a primary seed stock. 4-10 donor cell cultures are then pooled, based on donor-specific attributes, and further expanded in the same media to allow for cross-donor paracrine interactions and to form a working cell stock (WCS). Finally, cells from the WCS are further culture expanded in a xeno-free medium supplemented with pooled human platelet lysate before final use.

The MSCs express ($\geq 95\%$) multipotent stromal cell markers CD44, CD73, CD90, CD13 and CD105, and low levels ($\leq 5\%$) of CD14, CD34, CD45, CD19 and HLA-DR. The MSCs can induce T-lymphocyte suppression and secrete trophic-factors upon inflammatory stimulation (e.g., vascular endothelial growth factor (VEGF), hepatocytes growth factor (HGF), prostaglandin E2 (PGE-2), and indoleamine 2,3-dioxygenase (IDO))
cell therapy substance (immunomodulator)

pobistrocel

cellules stromales mésenchymateuses (CSM) allogéniques, dérivées de la gelée de Wharton du cordon ombilical. Les cellules sont extraites par dissociation enzymatique et mécanique, dans un milieu contenant du sérum bovin fœtal (FBS), puis amplifiées dans un milieu sans composants xénogéniques et supplémente en lysat de plaquettes humaines. Les CSM de chaque donneur sont initialement amplifiée séparément et soumise à des tests fonctionnels. Les lots qualifiés sont conservés comme stock primaire. Les cultures cellulaires de 4 à 10 donneurs sont ensuite regroupées, en fonction de leurs caractéristiques spécifiques, et amplifiées dans le même milieu afin de permettre les interactions paracrine inter-donneurs et de constituer un stock cellulaire de travail (WCS). Enfin, les cellules du WCS sont amplifiées dans un milieu sans composants xénogéniques, supplémente en lysats de plaquettes humaines avant leur utilisation finale.

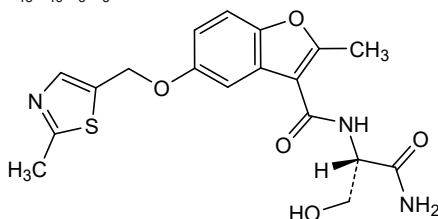
	Les CSM expriment (≥95%) les marqueurs de cellules stromales multipotentes CD44, CD73, CD90, CD13 et CD105, et présentent de faibles niveaux (≤5%) de CD14, CD34, CD45, CD19 et HLA-DR. Les CSM peuvent induire la suppression des lymphocytes T et sécréter des facteurs trophiques en réponse à une stimulation inflammatoire (par exemple, le facteur de croissance de l'endothélium vasculaire (VEGF), le facteur de croissance des hépatocytes (HGF), la prostaglandine E2 (PGE-2) et l'indoléamine 2,3-dioxygénase (IDO)) <i>substance de thérapie cellulaire (immunomodulateur)</i>
pobistrocel	células estromales mesenquimales (MSC) alogénicas derivadas de gelatina de Wharton de cordón umbilical. Las células se extraen por disociación enzimática y mecánica en medio que contiene suero bovino fetal (FBS), con las células expandidas en un medio sin componentes xenogénicos suplementado con lisado de plaquetas humano. Las MSCs de cada donante se expanden inicialmente de forma separada y se someten a pruebas funcionales, con los lotes cualificados preservados como stock semilla primario. Los cultivos celulares de 4-10 donantes se juntan, basándose en atributos específicos del donante, y se expanden más en el mismo medio para permitir interacciones paracrinas entre donantes y formar un stock de células de trabajo (WCS). Finalmente, las células del WCS se expanden más en cultivo en un medio sin componentes xenogénicos suplementado con lisados de plaquetas humanos mezclados antes de su uso final. Las MSCs expresan (≥95%) los marcadores de células estromales multipotentes CD44, CD73, CD90, CD13 y CD105, y bajos niveles (≤5%) de CD14, CD34, CD45, CD19 y HLA-DR. Las MSC pueden inducir la supresión de linfocitos T y secretar factores tróficos tras estimulación inflamatoria (por ejemplo, factor de crecimiento del endotelio vascular (VEGF), factor de crecimiento de hepatocitos (HGF), prostaglandina E2 (PGE-2) e indoleamina 2,3 dioxigenasa (IDO)) <i>sustancia para terapia celular (immunomodulador)</i>
ponometrepum ponometrep	<i>N-[(2S)-1-amino-3-hydroxy-1-oxopropan-2-yl]-2-methyl-5-[(2-methyl-1,3-thiazol-5-yl)methoxy]-1-benzofuran-3-carboxamide</i> <i>melastatin-related transient receptor potential cation channel member 3 (TRPM3) antagonist, analgesic</i>
ponométrep	<i>N-[(2S)-1-amino-3-hydroxy-1-oxopropan-2-yl]-2-méthyl-5-[(2-méthyl-1,3-thiazol-5-yl)méthoxy]-1-benzofuran-3-carboxamide</i> <i>antagoniste du canal cationique TRPM3 (membre 3 des canaux TRP associés à la mélastatine), analgésique</i>

ponometrep

N-[(2*S*)-1-amino-3-hidroxi-1-oxopropan-2-il]-2-metil-5-[(2-metil-1,3-tiazol-5-il)metoxi]-1-benzofuran-3-carboxamida
antagonista del canal catiónico miembro 3 de potencial de receptor transitorio relacionado con la melastatina (TRPM3), analgésico

C₁₈H₁₉N₅O₅S

2776175-74-5



prinotatugum #
 prinotatug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* MS4A1 (membrane-spanning 4-domains subfamily A member 1, CD20)], monoclonal antibody;
 H-gamma1 heavy chain (1-451) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-46*01 (85.7%) -IGHD) -IGHJ3*01 (85.7%) M123>T (116), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (218) (122-219), hinge 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 E12 (360), M14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-213')-disulfide with L-kappa light chain (1'-213') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV4-72*01 (78.7%) -IGKJ1*01 (90.9%) L124>V (103')/*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (72.6%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (27'-31'.49'-51'.88'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'- 213')]; dimer (230-230":233-233")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-S, glycoform alfa
antineoplastic, immunosuppressant

prinotatug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* MS4A1 (membre 1 de la sous-famille A à 4 domaines transmembranaires, CD20)], anticorps monoclonal;
 chaîne lourde H-gamma1 (1-451) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-46*01 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (85.7%) M123>T (116), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (218) (122-219), charnière 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 E12 (360), M14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-213')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa (1'-213') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV4-72*01 (78.7%) -IGKJ1*01 (90.9%) L124>V (103')/*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (72.6%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (27'-31'.49'-51'.88'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'- 213')]; dimère (230-230":233-233")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-S, glycoforme alfa
antineoplasique, immunosuppresseur

prinotatug inmunoglobulina G1-kappa, anti-*[Homo sapiens* MS4A1 (miembro 1 de la subfamilia A con 4 dominios transmembranarios, CD20)], anticuerpo monoclonal;
cadena pesada H-gamma1 (1-451) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-46*01 (85.7%) -(IGHD)-IGHJ3*01 (85.7%) M123>T (116), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (218) (122-219), bisagra 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 E12 (360), M14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-213')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa (1'-213') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGV4-72*01 (78.7%) -IGKJ1*01 (90.9%) L124>V (103')/*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (72.6%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (27'-31'.49'-51'.88'-96'')) (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'- 213')]; dímero (230-230":233-233')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-S, forma glicosilada alfa
antineoplásico, inmunosupresor

3083862-73-8

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H^{''})

```

QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT SYNMHWVRQA PGKGLEWIGA 50
IYPNGDTSY NQKFKGRVTI TADKSTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARST 100
YYGGDWYFNV WGQGTTVTVS SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV 150
KDYFFPEPTV SWNSGALTSG VHTFFPAVLQS SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ 200
TYICNVNHKP SNTKVDKRVE PKSCDKHTC PPCAPELLG GPSVFLFPPK 250
PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKGQPREP 350
QVYTLPPSRE EMTKNQVSLT CLVKGFPYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTPP 400
VLDSGGSFFL YSKLTVDKSR WQQGNVFCSS VMHEALHNNY TQKSLSLSPG 450
K 451

```

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L^{''})

```

DVVMTQSPAF LSVTPGEKVT ITCRASSSVS YIHWFQQKPG KAPKPLIYAT 50
SNLASGVPSR FSGSGSGTDF TLTIINSLEAE DAATYYCQQW TSNPPTFGGG 100
TKVEIKRTVA APSVFIFFPS DEQLKSGTAS VVCLLNFFYP REAKVQWKVD 150
NALQSGNSQE SVTEQDSKDS TYSLSSTLTL SKADYEKKHV YACEVTHQGL 200
SSPVTKSFNR GEC 213

```

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22-96 148-204 265-325 371-429
22"-96" 148"-204" 265"-325" 371"-429"

Intra-L (C23-C104) 23'-87' 133'-193'
23'''-87''' 133'''-193'''

Inter-H-L (h 5-CL 126) 224-213' 224"-213"

Inter-H-H (h 11, h 14) 230-230" 233-233"

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal

Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl) / pyroglutamyle (pE, 5-oxoprolyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)

H VH Q1: 1, 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 301, 301"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarijos complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: 451, 451"

puzerinostatatum

puzerinostat

2-[[[2-(4-aminophenyl)-9-méthyl-6-(morpholin-4-yl)-9H-purin-8-yl]méthyl](méthyl)amino]-N-hydroxypyrimidine-5-carboxamide
histone deacetylase inhibitor, antineoplastic

puzérinostat

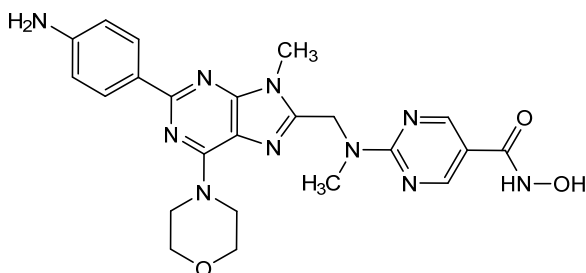
2-[[[2-(4-aminophényl)-9-méthyl-6-(morpholin-4-yl)-9H-purin-8-yl]méthyl](méthyl)amino]-N-hydroxypyrimidine-5-carboxamide
inhibiteur de l'histone désacétylase, antinéoplasique

puzerinostat

2-[[[2-(4-aminofenil)-9-metil-6-(morfolin-4-il)-9H-purin-8-il]metil](metil)amino]-N-hidroxiipirimidina-5-carboxamida
inhibidor de la histona desacetilasa, antineoplásico

C₂₃H₂₆N₁₀O₃

1929583-17-4

**radislecelum**

radislecel

autologous pancreatic islets generated from adipose tissue derived chemically induced pluripotent stem cells (CiPSCs) that were subsequently differentiated into pancreatic islet cells.

Adipose tissue is digested and the cells cultured in media containing foetal bovine serum (FBS) to expand mesenchymal stromal cells (MSCs; positive for CD73, CD90, CD44 and CD105; negative for CD166). The chemical reprogramming of the MSCs consists of three phases. In phase I, cells are induced to transform from a mesenchymal cell phenotype to an epithelial cell phenotype by culture in media containing bone morphogenetic protein-4 (BMP-4), SETD2 inhibitor, glycogen synthase kinase 3 (GSK-3α/β) inhibitor, transforming growth factor-beta receptor I/activin like kinase 5 (TGF-β-R1/ALK5) inhibitor, retinoic acid receptor agonist, Smoothened receptor agonist, DOT1L histone methyltransferase inhibitor, S-adenosylhomocysteine (SAH) hydrolase inhibitor, Janus kinase (JAK1/JAK2) inhibitor, menin-and mixed lineage leukemia 1 (MLL) interaction inhibitor, AKT kinase inhibitor, and c-Jun N-terminal kinases (JNK) inhibitor.

In phase II, the cells are dedifferentiated by culture in media containing fibroblast growth factor 2 (FGF-2), TGF-β-R1/ALK inhibitor, retinoic acid receptor agonist, Smoothened receptor agonist, p38 MAPK inhibitor, JAK1/JAK2 inhibitor, p300/CBP bromodomain inhibitor, DOT1L histone methyltransferase inhibitor, dorsomorphin, menin-MLL interaction inhibitor, glycogen synthase kinase 3 (GSK-3α/β) inhibitor, JNK inhibitor, 5-azacytidine, AKT kinase inhibitor, 5-iodotubercidin, casein kinase II (CK2) inhibitor, retinoic acid, and an SAH hydrolase inhibitor.

In phase III, the pluripotency transcription program of the cells is activated by culture in media containing recombinant human heregulin β-1, GSK-3α/β inhibitor, ROCK inhibitor, B-Raf kinase inhibitor, tranylcypromine, MEK/ERK pathway inhibitor, valproic acid sodium salt, SAH hydrolase inhibitor, and DOT1L histone methyltransferase inhibitor.

Finally, the primary CiPSC colonies are expanded in two distinct steps: first by culture on laminin-coated plates in media containing recombinant human heregulin β -1, FGF-2, GSK-3 α/β inhibitor, ROCK inhibitor, and a MEK/ERK pathway inhibitor; and second, by culture in media containing only the ROCK inhibitor.

The CiPSCs are then differentiated into islet cells in six distinct stages: (1) definitive endoderm (DE) induction, (2) DE differentiation to primitive gut tube (PGT), (3) PGT differentiation into early pancreatic progenitors, (4) further differentiation into pancreatic progenitor, (5) pancreatic endocrine progenitor induction and (6) terminal differentiation into islet cells.

For stage 1, the CiPSCs are differentiated into definitive endoderm (DE) cells by culture on laminin-coated plates in media containing activin A, GSK-3 α/β inhibitor, PI3K and mTOR inhibitor and ROCK inhibitor. For stage 2, the DE cells are differentiated into primitive gut tube (PGT) cells by culture on laminin-coated plates in media containing keratinocyte growth factor (KGF), B-Raf (BRAF) inhibitor, and a porcupine enzyme (PORCN) inhibitor. For stage 3, the PGT cells are differentiated into early pancreatic progenitors by culture on laminin-coated plates in media containing retinoic acid, Sonic hedgehog (Shh) signalling pathway antagonist, bone morphogenetic (BMP) pathway inhibitor, and a PORCN inhibitor. For stage 4, the pancreatic progenitor cells are further differentiated by culture on non-coated plates in media containing epidermal growth factor (EGF), protein kinase C (PKC) activator, nicotinamide, and a Shh signalling pathway antagonist. For stage 5, the pancreatic progenitors are differentiated into endocrine precursors by culture in media containing an ALK5 inhibitor, BMP inhibitor, triiodothyronine, γ -secretase enzyme complex inhibitor, PORCN inhibitor, ROCK inhibitor, and isoxazole-9. For stage 6, the endocrine precursors are differentiated into islet cells by culture in media containing an ALK5 inhibitor, AXL receptor tyrosine kinase inhibitor, triiodothyronine, zinc sulfate, and N-acetyl-L-cysteine.

The final substance consists of endocrine subtypes, including β -cells, α -cells and δ -cells ($\geq 70\%$ chromogranin A-positive cells; $>20\%$ NK6 homeobox 1 (NKX6.1) and C-peptide positive cells) that secrete C-peptide and glucagon following glucose stimulation. No residual pluripotent stem cells are present as evidenced by the absence of detectable long intergenic non-protein coding RNA (lncRNA) LNCPRESS2 and LINC00678 transcripts
cell therapy substance (type 1 diabetes)

radislecel

îlots pancréatiques autologues générés à partir de cellules souches pluripotentes induites chimiquement (CiPSC) dérivées de tissu adipeux, puis différenciées en cellules d'îlots pancréatiques. Le tissu adipeux est digéré et les cellules sont cultivées dans un milieu contenant du sérum bovin fœtal (FBS) afin de permettre l'expansion des cellules stromales mésenchymateuses (MSC; positives pour CD73, CD90, CD44 et CD105; négatives pour CD166). La reprogrammation chimique des MSC se déroule en trois phases. Lors de la phase I, les cellules sont induites à passer d'un phénotype mésenchymateux à un phénotype épithélial par culture dans un milieu contenant de la protéine morphogénétique osseuse 4 (BMP-4), un inhibiteur de SETD2, un inhibiteur de la glycogène synthase kinase 3 (GSK-3 α/β), un inhibiteur du récepteur de type I du facteur de croissance transformant bêta/de la kinase de type active 5 (TGF- β -RI/ALK5), un agoniste du récepteur de l'acide rétinoïque, un agoniste du récepteur Smoothened, un inhibiteur de l'histone méthyltransférase DOT1L, un inhibiteur de la S-adénosylhomocystéine hydrolase (SAH), un inhibiteur des kinases Janus (JAK1/JAK2), un inhibiteur de l'interaction entre la ménine et

la leucémie à lignée mixte (MLL), un inhibiteur de la kinase AKT et un inhibiteur des kinases N-terminales de c-Jun (JNK).

Au cours de la phase II, les cellules sont différenciées par culture dans un milieu contenant du facteur de croissance des fibroblastes 2 (FGF-2), un inhibiteur de TGF- β -RI/ALK, un agoniste du récepteur de l'acide rétinolique, un agoniste du récepteur Smoothened, un inhibiteur de la p38 MAPK, un inhibiteur de JAK1/JAK2, un inhibiteur des bromodomains p300/CBP, un inhibiteur de l'histone méthyltransférase DOT1L, de la dorsomorphine, un inhibiteur de l'interaction ménine-MLL, un inhibiteur de la glycogène synthase kinase 3 (GSK-3 α/β), un inhibiteur de JNK, de la 5-azacytidine, un inhibiteur de la kinase AKT, de la 5-iodotubercidine, un inhibiteur de la caséine kinase II (CK2), de l'acide rétinolique et un inhibiteur de la S-adenosylhomocystéine (SAH) hydrolase.

Au cours de la phase III, le programme transcriptionnel de pluripotence est activé par culture des cellules dans un milieu contenant de l'héréguline β -1 humaine recombinante, un inhibiteur de GSK-3 α/β , un inhibiteur de ROCK, un inhibiteur de la kinase B-Raf, de la tranilcypromine, un inhibiteur de la voie MEK/ERK, du valproate de sodium, un inhibiteur de la SAH hydrolase et un inhibiteur de l'histone méthyltransférase DOT1L.

Enfin, les colonies primaires de CiPSC sont amplifiées en deux étapes distinctes: dans un premier temps par culture sur des plaques revêtues de laminine dans un milieu contenant de l'héréguline β -1 humaine recombinante, du FGF-2, un inhibiteur de GSK-3 α/β , un inhibiteur de ROCK et un inhibiteur de la voie MEK/ERK; puis, dans un second temps, par culture dans un milieu contenant uniquement un inhibiteur de ROCK.

Les CiPSC sont ensuite différenciées en cellules d'îlots pancréatiques selon un procédé comportant six étapes distinctes: (1) induction de l'endoderme définitif (DE), (2) différenciation du DE en tube intestinal primitif (PGT), (3) différenciation du PGT en progéniteurs pancréatiques précoces, (4) différenciation supplémentaire en progéniteurs pancréatiques, (5) induction de progéniteurs endocrines pancréatiques et (6) différenciation terminale en cellules d'îlots pancréatiques.

À l'étape 1, les CiPSC sont différenciées en cellules d'endoderme définitif (DE) par culture sur des plaques revêtues de laminine dans un milieu contenant de l'activine A, un inhibiteur de GSK-3 α/β , un inhibiteur de PI3K et de mTOR, ainsi qu'un inhibiteur de ROCK. À l'étape 2, les cellules de DE sont différenciées en cellules du tube intestinal primitif (PGT) par culture sur des plaques revêtues de laminine dans un milieu contenant le facteur de croissance des kératinocytes (KGF), un inhibiteur de B-Raf (BRAF) et un inhibiteur de l'enzyme porcupine (PORCN). À l'étape 3, les cellules de PGT sont différenciées en progéniteurs pancréatiques précoces par culture sur des plaques revêtues de laminine dans un milieu contenant de l'acide rétinolique, un antagoniste de la voie de signalisation Sonic hedgehog (Shh), un inhibiteur de la voie des protéines morphogénétiques osseuses (BMP) et un inhibiteur de PORCN.

À l'étape 4, les cellules progénitrices pancréatiques poursuivent leur différenciation par culture sur des plaques non revêtues dans un milieu contenant le facteur de croissance épidermique (EGF), un activateur de la protéine kinase C (PKC), de la nicotinamide et un antagoniste de la voie de signalisation Shh. À l'étape 5, les progéniteurs pancréatiques sont différenciés en précurseurs endocrines par culture dans un milieu contenant un inhibiteur d'ALK5, un inhibiteur de BMP, de la triiodothyronine, un inhibiteur du complexe enzymatique γ -sécrétase, un inhibiteur de PORCN, un inhibiteur de ROCK et de l'isoxazole-9. À l'étape 6, les précurseurs

endocrines sont différenciés en cellules d'îlots pancréatiques par culture dans un milieu contenant un inhibiteur d'ALK5, un inhibiteur du récepteur à activité tyrosine kinase AXL, de la triiodothyronine, du sulfate de zinc et de la N-acétyl-L-cystéine.

La substance finale est constituée de sous-types endocrines comprenant des cellules β , des cellules α et des cellules δ ($\geq 70\%$ de cellules positives pour la chromogranine A; $> 20\%$ de cellules positives pour NK6 homeobox 1 [NKX6.1] et le peptide C), capables de sécréter du peptide C et du glucagon après stimulation par le glucose.

Il n'y a pas de cellules souches pluripotentes résiduelles, comme le montre l'absence de transcrits détectables des ARN intergénomiques longs non codants (lncRNA) LNCPRESS2 et LINC00678

substance de thérapie cellulaire (diabète de type 1)

radislecel

islotes pancréáticos autólogos generados a partir de células madre pluripotentes inducidas químicamente (CiPSCs) derivadas de tejido adiposo y subsiguientemente diferenciadas a células de islote pancreático.

El tejido adiposo se digiere y las células se cultivan en medio que contiene suero bovino fetal (FBS) para expandir las células estromales mesenquimales (MSCs; positivas para CD73, CD90, CD44 y CD105; negativas para CD166). La reprogramación química de las MSCs consta de tres fases. En la fase I, las células se inducen para transformarse desde un fenotipo de célula mesenquimal a un fenotipo de célula epitelial mediante cultivo en medio que contiene proteína morfogenética ósea 4 (BMP-4), inhibidor de SETD2, inhibidor de glucógeno sintasa quinasa 3 (GSK-3 α/β), inhibidor del receptor I del factor transformador del crecimiento beta/quinasa similar a activina 5 (TGF- β -RI/ALK5), agonista del receptor de ácido retinoico, agonista el receptor Smoothened, inhibidor de la histona metiltransferasa DOT1L, inhibidor de la 5-adenosilhomocisteína hidrolasa (SAH), inhibidor de la quinasa Janus (JAK1/JAK2), inhibidor de la interacción menina y leucemia de linaje mixto (MLL), inhibidor de la AKT quinasa e inhibidor de las quinasas c-Jun N-terminal.

En la fase II, las células se desdiferencian mediante cultivo en medio que contiene factor de crecimiento de fibroblastos 2 (FGF-2), inhibidor de TGF- β -RI/ALK, agonista del receptor de ácido retinoico, agonista del receptor Smoothened, inhibidor de p38 MAPK, inhibidor de JAK1/JAK2, inhibidor de bromodominio p300/CBP, inhibidor de la histona metiltransferasa DOT1L, dorsomorfina, inhibidor de la interacción menina-MLL, inhibidor de glucógeno sintasa quinasa 3 (GSK-3 α/β), inhibidor de JNK, 5-azacitidina, inhibidor de la quinasa AKT, 5-yodotubercidina, inhibidor de la caseína quinasa II (CK2), ácido retinoico e inhibidor de la hidrolasa SAH.

En la fase III, se activa el programa de transcripción de la pluripotencia mediante el cultivo de las células en medio que contiene heregulina β -1 humana recombinante, inhibidor de GSK-3 α/β , inhibidor de ROCK, inhibidor del B-Raf quinasa, tranilcipromina, inhibidor de la vía MEK/ERK, sal sódica del ácido valproico, inhibidor de la hidrolasa SAH e inhibidor de la histona metiltransferasa DOT1L.

Finalmente, las colonias primarias de CiPSC se expanden en dos pasos diferentes: primero mediante cultivo en placas forradas de laminina en medio que contiene heregulina β -1 humana recombinante, FGF-2, inhibidor de GSK-3 α/β , inhibidor de ROCK y un inhibidor de la vía MEK/ERK; y segundo, mediante cultivo en medio que contiene sólo inhibidor de ROCK.

Las CiPSCs se diferencian después a células de islote en seis etapas diferentes: (1) inducción del endodermo definitivo (DE), (2)

diferenciación desde DE a tubo gástrico primitivo (PGT), (3) diferenciación desde PGT a progenitores pancreáticos tempranos, (4) diferenciación adicional a progenitor pancreático, (5) inducción del progenitor endocrino pancreático y (6) diferenciación terminal en células de islote.

Para la etapa 1, las CiPSCs se diferencian en células de endodermo definitivo (DE) mediante cultivo en pacas forradas de laminina en medio que contiene activina A, inhibidor de GSK-3 α/β , inhibidor de PI3K y mTOR e inhibidor de ROCK. Para la etapa 2, las células de DE se diferencian en células del tubo gástrico primitivo (PGT) mediante cultivo en placas forradas de laminina en medio que contiene factor de crecimiento de queratinocitos (KGF), inhibidor de B-Raf (BRAF) y un inhibidor de la enzima porcupina (PORCN). Para la etapa 3, las células de PGT se diferencian a progenitores pancreáticos tempranos mediante cultivo en placas forradas de laminina en medio que contiene ácido retinoico, antagonista de la vía de señalización Sonic hedgehog (Shh), inhibidor de la vía morfogenética ósea (BMP) y un inhibidor de PORCN. Para la etapa 4, las células progenitoras pancreáticas se diferencian más mediante cultivo en placas sin forrar en medio que contiene factor de crecimiento epidérmico (EGF), activador de la proteína quinasa C (PKC), nicotinamida y un antagonista de la vía de señalización Shh. Para la etapa 5, los progenitores pancreáticos se diferencian a precursores endocrinos mediante su cultivo en medio que contiene un inhibidor de ALK5, inhibidor de BMP, triyodotironina, inhibidor del complejo de la enzima γ -secretasa, inhibidor de PORCN, inhibidor de ROCK e isoxazola-9. Para la etapa 6, los precursores endocrinos se diferencian a células de islote mediante su cultivo en medio que contiene inhibidor de ALK5, inhibidor del receptor de la tirosina quinasa AXL, triyodotironina, sulfato de zinc y N-acetil-L-cisteína. La sustancia final consta de subtipos endocrinos, incluyendo células β , células α y células d ($\geq 70\%$ células positivas para cromogranina A; $> 20\%$ células positivas para NK6 homeobox 1 (NKX6.1) y péptido C) que secretan péptido C y glucagón tras la estimulación con glucosa. No hay células madre pluripotentes residuales, como lo demuestra la ausencia de transcritos detectables de los ARN largos intergénicos no codificantes (lncRNA) LNCPRESS2 y LINC00678

sustancia para terapia celular (diabetes de tipo 1)

ramepastrocelum ramepastrocel

allogeneic ABCB5+ mesenchymal stromal cells (MSC) derived from donor skin tissue by enzymatic and mechanical dissociation, with the cells cultured in medium supplemented with foetal calf serum, fibroblast growth factor-2 (FGF-2), hydrocortisone, insulin and phorbol myristate. Following expansion, the ABCB5+ MSCs are isolated by antibody-mediated positive selection and pooled prior to cryopreservation without inter-donor mixing.

The ABCB5+ MSCs ($\geq 90\%$) express multipotent stromal cell marker CD90 ($\geq 90\%$), and have confirmed expression of CD73 and CD105, while no expression of CD14, CD19, CD34 and CD45 was detected. Functionally, the MSCs secrete interleukin-1 receptor antagonist (IL-1RA) after co-cultivation with M1-polarized macrophages, secrete vascular endothelial growth factor (VEGF) after cultivation under hypoxic conditions (1% O₂), and form vessel-like tubular networks in a tube formation assay using a reconstituted basement membrane matrix

cell therapy substance (tissue regeneration)

ramépastrocel

cellules stromales mésenchymateuses (CSM) allogéniques ABCB5+, issues de tissus cutanés de donneurs, obtenues par dissociation enzymatique et mécanique. Les cellules ont été cultivées dans un milieu supplémenté en sérum de veau fœtal, facteur de croissance des fibroblastes 2 (FGF-2), hydrocortisone, insuline et phorbol myristate. Après expansion, les CSM ABCB5+ sont isolées par sélection positive à l'aide d'anticorps, puis regroupées avant la cryoconservation, sans mélange entre donneurs.

Les CSM ABCB5+ ($\geq 90\%$) expriment le marqueur de cellules stromales multipotentes CD90 ($\geq 90\%$), et présentent une expression confirmée de CD73 et CD105, tandis qu'aucune expression de CD14, CD19, CD34 et CD45 n'a été détectée. Sur le plan fonctionnel, les CSM sécrètent l'antagoniste du récepteur de l'interleukine-1 (IL-1RA) après coculture avec des macrophages polarisés en M1, sécrètent le facteur de croissance endothélial vasculaire (VEGF), après culture dans des conditions hypoxiques (1% O₂) et forment des réseaux tubulaires semblables à des vaisseaux, dans un test de formation de tubes utilisant une matrice de membrane basale reconstituée

substance de thérapie cellulaire (régénération tissulaire)

ramepastrocel

células estromales mesenquimales (MSC) ABCB5+ alogénicas derivadas de tejido de la piel de donantes mediante disociación enzimática y mecánica, con las células cultivadas en medio suplementado con suero de ternera fetal, factor de crecimiento de fibroblastos 2 (FGF-2), hidrocortisona, insulina y forbol miristato. Tras la expansión, las MSC ABCB5+ se aíslan mediante selección positiva mediada por anticuerpo y se agrupan antes de la criopreservación sin mezclar entre donantes.

Las MSC ABCB5+ ($\geq 90\%$) expresan el marcador de célula estromal multipotente CD90 ($\geq 90\%$), y tienen expresión confirmada de CD73 y CD105 y no se detectó expresión de CD14, CD19, CD34 y CD45. Funcionalmente, las MSC secretan antagonista del receptor de interleuquina-1 (IL-1RA) tras el cocultivo con macrófagos polarizados a M1, secretan factor de crecimiento del endotelio vascular (VEGF) tras cultivo bajo condiciones hipóxicas (1% O₂) y forman redes tubulares similares a vasos sanguíneos en un ensayo de formación de tubo que usa una matriz de membrana basal reconstituida

sustancia para terapia celular (regeneración de tejidos)

rebatatugum #

rebatatug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD79B (B-cell antigen receptor complex-associated protein beta chain, B-cell-specific glycoprotein B29, Immunoglobulin-associated B29 protein)], monoclonal antibody;

H-gamma1 heavy chain (1-447) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus*IGHV1-81*01 (78.6%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (92.9%) L124>V (113)/*Homo sapiens*IGHV1-69*08 (78.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%) L123>T (112), CDR-IMGT [8.8.10] (26-33,51-58,97-106)) (1-117) -*Homo sapiens*IGHG1*03v (100%) G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (214) (118-215), hinge 1-15 (216-230), CH2 (231-340), CH3 E12 (356), M14 (358) (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], (220-219')-disulfide with L-kappa light chain (1'-219') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus*IGKV1-

rébatatug

117*01 (91.0%) -IGKJ1*01 (91.7%) L124>V (109')/*Homo sapiens* IGKV2-29*02 (85.0%) -IGKJ4*01 (100%), CDR -IMGT [11.3.9] (27-37.55-57.94-102)) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')); dimer (226-226":229-229")-bisdisulfide, produced in a cell line of Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, glycoform alfa *antineoplastica*

rebatatug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* D79B (Chaîne bêta de la protéine associée au complexe récepteur d'antigène des cellules B, glycoprotéine B29 spécifique des cellules B, protéine B29 associée aux immunoglobulines)], anticorps monoclonal; chaîne lourde H-gamma1 (1-447) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV1-81*01 (78.6%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (92.9%) L124>V (113)/*Homo sapiens* IGHV1-69*08 (78.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%) L123>T (112), CDR-IMGT [8.8.10] (26-33.51-58.97-106)) (1-117) -*Homo sapiens* IGHG1*03v (100%) G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (214) (118-215), charnière 1-15 (216-230), CH2 (231-340), CH3 E12 (356), M14 (358) (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], (220-219')-disulfure avec la chaîne légère kappa (1'-219') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV1-117*01 (91.0%) -IGKJ1*01 (91.7%) L124>V (109')/*Homo sapiens* IGKV2-29*02 (85.0%) -IGKJ4*01 (100%), CDR -IMGT [11.3.9] (27-37.55-57.94-102)) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')]; dimère (226-226":229-229")-bisdisulfure, produit dans une lignée cellulaire des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa *antinéoplasique*

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD79B (Cadena beta de la proteína asociada al receptor complejo del antígeno de las células B, glicoproteína B29 específica de las células B, proteína B29 asociada a las inmunoglobulinas)], anticuerpo monoclonal; cadena pesada H-gamma1 (1-447) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV1-81*01 (78.6%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (92.9%) L124>V (113)/*Homo sapiens* IGHV1-69*08 (78.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%) L123>T (112), CDR-IMGT [8.8.10] (26-33.51-58.97-106)) (1-117) -*Homo sapiens* IGHG1*03v (100%) G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (214) (118-215), bisagra 1-15 (216-230), CH2 (231-340), CH3 E12 (356), M14 (358) (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], (220-219')-disulfuro con la cadena ligera kappa (1'-219') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV1-117*01 (91.0%) -IGKJ1*01 (91.7%) L124>V (109')/*Homo sapiens* IGKV2-29*02 (85.0%) -IGKJ4*01 (100%), CDR -IMGT [11.3.9] (27-37.55-57.94-102)) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')]; dímero (226-226":229-229")-bisdisulfuro, producido en una línea celular de las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, forma glicosilada alfa *antineoplásico*

3063160-97-1

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H^{''})
EVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SKKASGSSFS SYGINWVKQA PGQGLEWIGE 50
IFPRSGNTYY NEKFEGRA TL TADKSTSTAY MELRSLRSED TAVVYCAKGD 100
LGDFDYWGQG TTVTVSSAST KGPSVFPLAP SSKSTSGGTA ALGCLVKDYF 150
PEPVTWSVNS GALTSGVHTF PAVLQSSGLY SLSSVVTVP SSSLGTQTYIC 200
NVNHKPSNTK VDKKVEPKSC DKHTHTCPPC APELLGGPSV FLFPPKPKDT 250
LMISRTPEVT CVVVDVSHED PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYNSTY 300
RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKALPA PIEKTISKAK GQPREPQVYT 350
LPPSREEMTK NQVSLTCLVK GFYPSTIAVE WESNGQPENN YKTTTPPVLD 400
DGSFFLYSKL TVDKSRWQGG NVFSCSVMHE ALHNYHTQKS LSLSPGK 447

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L^{''})
DFVMTQTPLS LPVTPGEPAS ISCRSSQSV HSDGNTYFEW YLQKPGQSPK 50
LLIYKVSNR FSGVPDRFSGS GSGTDFTLKI SRVEAEDGVV YYCFQGSHPV 100
WTFGGGKTVE IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVVC LNNFYPREAK 150
VQWKVDNALQ SGNSQESVTE QDSKSTYSYL SSTLTLSKAD YEKHKVYACE 200
VTHQGLSSPV TKSFNRGEC 219

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 144-200 261-321 367-425
22^{''}-96^{''} 144^{''}-200^{''} 261^{''}-321^{''} 367^{''}-425^{''}
Intra-L (C23-C104) 23^{''}-93^{''} 139^{''}-199^{''}
23^{''}-93^{''} 139^{''}-199^{''}
Inter-H-L (h 5-CL 126) 220-219^{''} 220^{''}-219^{''}
Inter-H-H (h 11, h 14) 226-226^{''} 229-229^{''}

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 297, 297^{''}
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenaricos complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 447, 447^{''}

rebatatugum rezetecanum #
rebatatug rezetecan

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD79B (B-cell antigen receptor complex-associated protein beta chain, B-cell-specific glycoprotein B29, Immunoglobulin-associated B29 protein)], monoclonal antibody; conjugated on an average of four cysteinyl residues to *rezetecan*, comprising a cleavable linker and a camptothecin derivative (*exatecan*);
H-gamma1 heavy chain (1-447) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV1-81*01 (78.6%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (92.9%) L124>V (113)]/*Homo sapiens* IGHV1-69*08 (78.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%) L123>T (112), CDR-IMGT [8.8.10] (26-33.51-58.97-106)) (1-117) -*Homo sapiens* IGHG1*03v (100%) G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (214) (118-215), hinge 1-15 (216-230), CH2 (231-340), CH3 E12 (356), M14 (358) (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], (220-219^{''})-disulfide with L-kappa light chain (1^{''}-219^{''}) [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV1-117*01 (91.0%) -IGKJ1*01 (91.7%) L124>V (109)]/*Homo sapiens* IGKV2-29*02 (85.0%) -IGKJ4*01 (100%), CDR -IMGT [11.3.9] (27-37.55-57.94-102)) (1^{''}-112^{''}) -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158^{''}), V101 (196^{''})) (113^{''}-219^{''})]]; dimer (226-226^{''}:229-229^{''})-bisdisulfide, produced in a cell line of Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, glycoform alfa; substituted at the sulfur atoms of four L-cysteinyl residues on an average among 220, 226, 229, 219^{''}, 220^{''}, 226^{''}, 229^{''} and 219^{''} with (3RS)-1-[(2R,10S)-10-benzyl-2-cyclopropyl-1-[(1S,9S)-9-ethyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-methyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1H,12H-benzo[de]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinolin-1-yl)amino]-1,6,9,12,15,18-hexaoxo-3-oxa-5,8,11,14,17-pentaaazatricosan-23-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (*rezetecan*) groups
antineoplastic

rébatatug rézétécán

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD79B (Chaîne bêta de la protéine associée au complexe récepteur d'antigène des cellules B, glycoprotéine B29 spécifique des cellules B, protéine B29 associée aux immunoglobulines)], anticorps monoclonal, conjugué par quatre résidus cystéinyles en moyenne au *rézétécán*, comprenant un coupleur clivable et un dérivé de la camptothécine (*exatécán*); chaîne lourde H-gamma1 (1-447) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus*IGHV1-81*01 (78.6%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (92.9%) L124>V (113)/*Homo sapiens*IGHV1-69*08 (78.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%) L123>T (112), CDR-IMGT [8.8.10] (26-33.51-58.97-106)) (1-117) -*Homo sapiens*IGHG1*03v (100%) G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (214) (118-215), charnière 1-15 (216-230), CH2 (231-340), CH3 E12 (356), M14 (358) (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], (220-219')-disulfure avec la chaîne légère kappa (1'-219') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus*IGKV1-117*01 (91.0%) -IGKJ1*01 (91.7%) L124>V (109')/*Homo sapiens*IGKV2-29*02 (85.0%) -IGKJ4*01 (100%), CDR -IMGT [11.3.9] (27-37.55-57.94-102)) (1'-112') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')]; dimère (226-226":229-229")-bisdisulfure, produit dans une lignée cellulaire des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa; substitué, sur les atomes de soufre de quatre résidus L-cystéinyle en moyenne parmi 220, 226, 229, 219', 220", 226", 229" et 219"', avec des groupes (3RS)-1-[(2R,10S)-10-benzyl-2-cyclopropyl-1-{{(1S,9S)-9-éthyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-méthyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1H,12H-benzo[de]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinoléin-1-yl]amino}-1,6,9,12,15,18-hexaoxo-3-oxa-5,8,11,14,17-pentaazatricosan-23-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (*rézétécán*)
antinéoplasique

rebatatug rezetecán

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD79B (Cadena beta de la proteína asociada al receptor complejo del antígeno de las células B, glicoproteína B29 específica de las células B, proteína B29 asociada a las inmunoglobulinas)], anticuerpo monoclonal; conjugado por cuatro residuos de cisteinilo por término medio con *rezetecán*, que comprende un conector escindible y un derivado de la camptotecina (*exatecán*); cadena pesada H-gamma1 (1-447) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus*IGHV1-81*01 (78.6%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (92.9%) L124>V (113)/*Homo sapiens*IGHV1-69*08 (78.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%) L123>T (112), CDR-IMGT [8.8.10] (26-33.51-58.97-106)) (1-117) -*Homo sapiens*IGHG1*03v (100%) G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (214) (118-215), bisagra 1-15 (216-230), CH2 (231-340), CH3 E12 (356), M14 (358) (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], (220-219')-disulfuro con la cadena ligera kappa (1'-219') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus*IGKV1-117*01 (91.0%) -IGKJ1*01 (91.7%) L124>V (109')/*Homo sapiens*IGKV2-29*02 (85.0%) -IGKJ4*01 (100%), CDR -IMGT [11.3.9] (27-37.55-57.94-102)) (1'-112') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')]; dímero (226-226":229-229")-bisdisulfuro, producido en una línea celular de las células

ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, forma glicosilada alfa; sustituido, en los átomos de azufre de cuatro residuos de L-cisteinilo en promedio de 220, 226, 229, 219', 220", 226", 229" y 219"', con grupos (3*RS*)-1-[(2*R*,10*S*)-10-bencil-2-ciclopropil-1-[[[(1*S*,9*S*)-9-etil-5-fluoro-9-hidroxi-4-metil-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahidro-1*H*,12*H*-benzo[*de*]pirano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolein-1-*il*]amino]-1,6,9,12,15,18-hexaoxo-3-oxa-5,8,11,14,17-pentaazatricosan-23-*il*]-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo (*rezetecán*)
antineoplásico

3063161-24-7

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H')

```
EVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGSSFS SYGINVVKQA PGQGLEWIGE 50
IFPRSGNTYY NEKFEGRATL TADKSTSTAY MELRLSRSED TAVYYCAKGD 100
LGDFDYWGQG TTVTVSSAST KGPSVFPLAP SSKSTSGGTA ALGCLVKDYF 150
PEPVTVSWNS GALTSGVHTF PAVLQSSGLY SLSSVVTVPS SSLGTQTYIC 200
NVNHKPSNTK VDKKVEPKSC DKTHTCPPCP APELLGGPSV FLFPPKPKDT 250
LMISRTPEVT CVVVDVSHED PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYNSTY 300
RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKALPA PIEKTISKAK GQPREPQVYT 350
LPPSREEMTK NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTPPPVLDS 400
DGSFFLYSKL TVDKSRWQQG NVFSCSVME ALHNHYTQKS LSLSPGK 447
```

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L')

```
DFVMTQTPLS LPVTPGEPAS ISCRSSQSIV HSDGNTYFEW YLQKPGQSPK 50
LLIYKVSNRG SGVPDRFSGS GSGTDFTLKI SRVEAEDVGV YYCFQGSHPV 100
WTFGGGTKEV IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVVCL LNNFYPREAK 150
VQWKVDNALQ SGNSQESVTE QDSKDYSTSL SSTLTLSKAD YEKHKVYACE 200
VTHQGLSPV TKSFNRGEC 219
```

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22-96 144-200 261-321 367-425
22"-96" 144"-200" 261"-321" 367"-425"

Intra-L (C23-C104) 23'-93' 139'-199'
23'''-93''' 139'''-199'''

Inter-H-L (h 5-CL 126)* 220-219' 220"-219"

Inter-H-H (h 11, h 14)* 226-226" 229-229"

*Three or four inter-chain disulfide bridges are not present, an average of four cysteinyl are conjugated, each via a thioether bond, to a drug linker.

*Trois ou quatre ponts disulfures inter-chaînes ne sont pas présents, en moyenne quatre cystéinyl sont conjugués, chacun via une liaison thioéther, à un coupleur-principe actif.

*Tres o cuatro puentes disulfuro inter-catenarios no están presentes, un promedio de cuatro cisteinilo están conjugados, cada uno a través de un enlace tioéther, a un conector de fármaco.

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 297, 297"

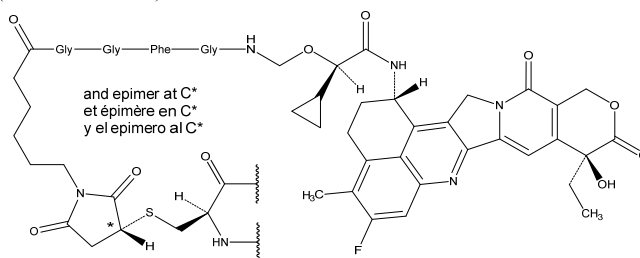
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenaricos complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: 447, 447"

Potential modified residues / résidus modifiés potentiels / restos modificados potenciales*

C (220, 226, 229, 219', 220", 226", 229" and 219'")

*(*rezetecan*:mAb ~4:1)

reftinirsenum inapertidum
reftinirsen inapertide

all-P-ambo-N^{2,25}-(N²-acetyl-D-arginyl-D-arginyl-D-seryl-D-arginyl-D-threonyl-D-alanyl-D-arginyl-D-alanylglycyl-D-arginyl-D-prolylglycyl-D-arginyl-D-asparaginy-D-seryl-D-seryl-D-arginyl-D-prolyl-D-seryl-D-alanyl-D-prolyl-D-arginylglycyl-D-alanyl-D-serylglycylglycyl-D-alanyl-D-serylglycyl)[2',3'-azanediy-P,2',3'-trideoxy-P-(dimethylamino)-2',3'-seco](N²→5')(A-m⁵U-G-G-m⁵U-C-m⁵U-m⁵U-G-G-G-C-m⁵U-C-C-m⁵U-C-G-m⁵U-G-C-C-m⁵U-C-m⁵U)
inhibitor of functional CNOT3 synthesis (PRPF31 mutation-associated retinal dystrophy)

reftinirsen inapertide

tout-P-ambo-N^{2,25}-(N²-acétyl-D-arginyl-D-arginyl-D-séryl-D-arginyl-D-thréonyl-D-alanyl-D-arginyl-D-alanylglycyl-D-arginyl-D-prolylglycyl-D-arginyl-D-asparaginy-D-séryl-D-séryl-D-arginyl-D-prolyl-D-séryl-D-alanyl-D-prolyl-D-arginylglycyl-D-alanyl-D-sérylglycylglycyl-D-alanyl-D-sérylglycyl)[2',3'-azanediy-P,2',3'-tridésoxy-P-(diméthylamino)-2',3'-séco](N²→5')(A-m⁵U-G-G-m⁵U-C-m⁵U-m⁵U-G-G-G-C-m⁵U-C-C-m⁵U-C-G-m⁵U-G-C-C-m⁵U-C-m⁵U)
inhibiteur de synthèse de CNOT3 fonctionnelle (dystrophie rétinienne associée à la mutation PRPF31)

reftinirsén inapertida

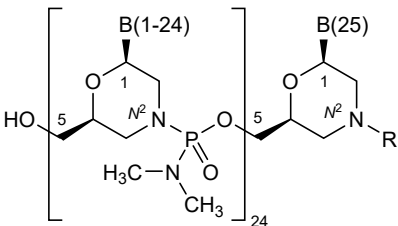
todo-P-ambo-N^{2,25}-(N²-acetil-D-arginil-D-arginil-D-seril-D-arginil-D-treonil-D-alanil-D-arginil-D-alanilglicil-D-arginil-D-proilglicil-D-arginil-D-asparaginil-D-seril-D-seril-D-arginil-D-proil-D-seril-D-alanil-D-proil-D-arginilglicil-D-alanil-D-serilglicilglicil-D-alanil-D-serilglicil)[2',3'-azanedii-P,2',3'-tridesoxi-P-(dimetilamino)-2',3'-seco](N²→5')(A-m⁵U-G-G-m⁵U-C-m⁵U-m⁵U-G-G-G-C-m⁵U-C-C-m⁵U-C-G-m⁵U-G-C-C-m⁵U-C-m⁵U)
inhibidor de la síntesis de CNOT3 funcional (distrofia retiniana asociada a la mutación PRPF31)

C₄₀₈H₆₆₀N₁₈₆O₁₄₆P₂₄ 3119104-59-2

Sequence / Séquence / Secuencia

5' AUGGUCUUGG GCUCUUCGUG CCUCU 3' (1-25)

N : nucleoside / nucléoside / nucleósido
B : nucleobase / nucléobase / nucleobase
N : 5-methyl-N / 5-méthyl-N / 5-metil-N



R:
all-D-CH₃CO-RRSRTARAGR PGRNSSRPSA PRGASGGASG

relakimigum #

relakimig immunoglobulin (VH-H-gamma1_L-kappa) dimer, anti-[*Homo sapiens* IL1RL2 (interleukin 1 receptor like 2, IL1 receptor-related protein 2, IL1Rrp2, IL1RRP2, IL-36 receptor, IL36R)] and anti-[*Homo sapiens* IL23A (interleukin 23 subunit alpha, IL-23A, IL23 subunit p19, IL23p19)], monoclonal antibody, bispecific, tetravalent; heavy chain VH anti-IL1RL2 -10mer -H-gamma1 anti-IL23A (H) (1-589) [VH anti-IL1RL2 (*Homo sapiens* IGHV3-74*01 (86.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.22] (26-33.51-57.96-117)) (1-128) -10-mer bis(tetraglycyl-seryl) linker (129-138) -H-gamma1 anti-IL23A (139-589) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV2-9-1*01 (78.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%) S123>T (254)/*Homo sapiens* IGHV2-26*04 (76.3%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) L123>T (254), CDR-IMGT [8.7.15] (164-171.189-195.234-248)) (139-259) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 R120>K (356) (260-357), hinge 1-15 (358-372), CH2 L1.3>A (376), L1.2>A (377), M15.1>Y (394), S16>T (396), T18>E (398) (373-482), CH3 E12 (498), M14 (500) (483-587), CHS (588-589)) (260-589)]], (362-218')-disulfide with light chain L-kappa anti-IL23A (L') (1'-218') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV3-5*01 (84.8%) -IGKJ2*01 (91.7%) L124>V (108')/*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (75.2%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [10.3.9] (27'-36'.54'-56'.93'-101'') (1'-111'') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (157'), V101 (195'')) (112'-218'')]; dimer (368-368":371-371'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
anti-inflammatory

relakimig

immunoglobuline (VH-H-gamma1_L-kappa) dimère, anti-[*Homo sapiens* IL1RL2 (interleukine 1 récepteur like 2, protéine 2 apparentée au récepteur de l'IL1, IL1Rrp2, IL1RRP2, récepteur de l'IL-36, IL36R)] et anti-[*Homo sapiens* IL23A (interleukine 23 sous-unité alpha, IL-23A, IL-23 sous-unité p19, IL23p19)], anticorps monoclonal, bispécifique, tétravalent; chaîne lourde VH anti-IL1RL2 -10mer -H-gamma1 anti-IL23A (H) (1-589) [VH anti-IL1RL2 (*Homo sapiens* IGHV3-74*01 (86.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.22] (26-33.51-57.96-117)) (1-128) -10-mer bis(tetraglycyl-séryl) linker (129-138) -H-gamma1 anti-IL23A (139-589) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV2-9-1*01 (78.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%) S123>T (254)/*Homo sapiens* IGHV2-26*04 (76.3%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) L123>T (254), CDR-IMGT [8.7.15] (164-171.189-195.234-248)) (139-259) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 R120>K (356) (260-357), charnière 1-15 (358-372), CH2 L1.3>A (376), L1.2>A (377), M15.1>Y (394), S16>T (396), T18>E (398) (373-482), CH3 E12 (498), M14 (500) (483-587), CHS (588-589)) (260-589)]], (362-218')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa anti-IL23A (L') (1'-218') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV3-5*01 (84.8%) -IGKJ2*01 (91.7%) L124>V (108')/*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (75.2%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [10.3.9] (27'-36'.54'-56'.93'-101'') (1'-111'') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (157'), V101 (195'')) (112'-218'')]; dimère (368-368":371-371'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
anti-inflammatoire

relakimig

immunoglobulina (VH-H-gamma1_L-kappa) dímero, anti-[*Homo sapiens* IL1RL2 (interleukina 1 receptor like 2, proteína 2 asociada al receptor de la IL1, IL1Rrp2, IL1RRP2, receptor de la IL-36, IL36R)] y anti-[*Homo sapiens* IL23A (interleukina 23 subunidad alfa, IL-23A, IL-23 subunidad p19, IL23p19)], anticuerpo monoclonal, biespecífico, tetravalente; cadena pesada VH anti-IL1RL2 -10mer -H-gamma1 anti-IL23A (H) (1-589)

[VH anti-IL1RL2 (*Homo sapiens* IGHV3-74*01 (86.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.22] (26-33.51-57.96-117)) (1-128) -10-mer bis(tetraglicil-seril) enlace (129-138) -H-gamma1 anti-IL23A (139-589) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV2-9-1*01 (78.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%) S123>T (254)/*Homo sapiens* IGHV2-26*04 (76.3%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) L123>T (254), CDR-IMGT [8.7.15] (164-171.189-195.234-248)) (139-259) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 R120>K (356) (260-357), bisagra 1-15 (358-372), CH2 L1.3>A (376), L1.2>A (377), M15.1>Y (394), S16>T (396), T18>E (398) (373-482), CH3 E12 (498), M14 (500) (483-587), CHS (588-589)) (260-589)]]], (362-218')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa anti-IL23A (L') (1'-218') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV3-5*01 (84.8%) -IGKJ2*01 (91.7%) L124>V (108)/*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (75.2%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [10.3.9] (27'-36'.54'-56'.93'-101')) (1'-111') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (157'), V101 (195')) (112'-218')]; dímero (368-368":371-371")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa *antiinflamatorio*

3081158-72-4

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: VH anti-IL1RL2 -10mer -H-gamma1 anti-IL23A (H, H')

EVQLVESGGG	LVQPGGSLRL	SCAASGNTFS	RYCMGWFRQA	PGKELVGVA	50
IDSDGDTSYA	DSVEGRFTIS	RDNAKNTLYL	QMNSLRAEDT	AVYYCAADFT	100
PSAPPRMGSG	GYCFGDYWGQ	GTLVTVSSGG	GGSGGGGSQV	TLKESGPVLV	150
KPTETLTITC	TVSGFSLTNY	AISWVRQPPG	KGLEWLGVIV	TGGGTNYNSG	200
IKSLRTISKD	NSKSQVLTLM	TNMDPVDтар	YYCVREGDYG	SYAGAMDYWG	250
QGTTVTVSSA	STKGPSVFPL	APSSKSTSGG	TAAAGCLVKD	YFPEPVTVSW	300
NSGALTSGVH	TFPAVLQSSG	LYSLSSVTV	PSSSLGTQTY	ICNVNHKPSN	350
TKVDKKVPEK	CDKTHTCP	CPAPEAAGGP	SVFLFPPPKF	DTLYITREPE	400
VTCVVVDVSH	EDPEVKFNWY	VDGVEVHNAK	TKPREEQYNS	TYRVVSVLTV	450
LHQDWLNGKE	YKCKVSNKAL	PAPIEKTISK	AKGQPREPQV	YTLPPSREEM	500
TKNQVSLTCL	VKGFIYPSDIA	VEWESNGQPE	NNYKTTTPVL	DSDSGFFLYS	550
KLTVDKSRWQ	QGNVFSCSVM	HEALHNHYTQ	KSLSLSPGK		589

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: L-kappa anti-IL23A (L', L'')

DIVLTQSPDS	LAVSLGERAT	INCRASESDV	YYGISMSHWF	QOKPGQPPKL	50
LIYRASNL	ESGIPARFSGSG	SRTDFTLTIS	SLQAEDVAVY	YCQQAANKDPY	100
TFGGGTKEVI	KRTVAAPSVF	IFPPSDEQLK	SGTASVVCLL	NNFYPREAKV	150
QWKVDNALQS	GNSEQSVTEQ	DSKDYSTYSL	SLTLTSLKADY	EKHVYACEV	200
THQGLSPVPT	KSFNRGEC				218

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22-95 160-233 286-342 403-463 509-567

Intra-H" (C23-C104) 22"-95" 160"-233" 286"-342" 403"-463" 509"-567"

Intra-H (C38-C113)* 33-113

Intra-H" (C38-C113)* 33"-113"

Intra-L' (C23-C104) 23'-92' 138'-198'

Intra-L"" (C23-C104) 23""-92"" 138""-198""

Inter-H-L', inter-H"-L"" (h 5-CL 126) 362-218' 362"-218"

Inter-H-H" (h 11, h 14) 368-368" 371-371"

*CDR1-IMGT - CDR3-IMGT disulfide bridge / pont disulfure / puente disulfuro

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 439, 439"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenaricos complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: 589, 589"

revteberceptum # revtebercept	human vascular endothelial growth factor receptor 1 (VGFR1, Fms-like tyrosine kinase 1, FLT-1, FLT1, tyrosine-protein kinase FRT, EC:2.7.10.1; Uniprot: P17948) fragment, containing Ig-like C2 type domains 2 (D2) and 3 (D3) (100-305, 1-206 in the current sequence) fused at the C-terminus to a human immunoglobulin G1 (IgG1) Fc fragment (hinge-CH2-CH3-CHS domains) [<i>Homo sapiens</i> IGHG1*03 (hinge (EPKSC ²⁰⁶⁻²⁰⁷ >del) (207-216), CH2 (217-326), CH3 (327-431), CHS (432-433)) (207-433)], dimer (212-212':215-215')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa <i>angiogenesis inhibitor</i>
revtébercept	fragment du récepteur 1 du facteur de croissance endothélial vasculaire humain (FCEV1; VGFR1, tyrosine kinase 1 de type Fms, FLT-1, FLT1, tyrosine-protéine kinase FRT, EC: 2.7.10.1; Uniprot: P17948), contenant les domaines 2 (D2) et 3 (D3) (100-305, 1-206 dans la séquence actuelle) de type immunoglobuline C2, fusionnés à l'extrémité C-terminale à un fragment Fc d'immunoglobuline G1 (IgG1) humaine (domaines charnière-CH2-CH3-CHS) [<i>Homo sapiens</i> IGHG1*03 (charnière (EPKSC ²⁰⁶⁻²⁰⁷ >del) (207-216), CH2 (217-326), CH3 (327-431), CHS (432-433)) (207-433)], dimère (212-212':215-215')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa <i>inhibiteur de l'angiogénèse</i>
revtebercept	fragmento del receptor 1 del factor de crecimiento endotelial vascular humano (FCEV1; VGFR1, tirosina quinasa 1 de tipo Fms, FLT-1, FLT1, tirosina-proteína quinasa FRT, EC: 2.7.10.1; Uniprot: P17948), que contiene los dominios 2 (D2) y 3 (D3) (100-305, 1-206 en la secuencia actual) de tipo inmunoglobulina C2, fusionados en el extremo C-terminal con un fragmento Fc de inmunoglobulina G1 (IgG1) humana (dominios bisagra-CH2-CH3-CHS) [<i>Homo sapiens</i> IGHG1*03 (bisagra (EPKSC ²⁰⁶⁻²⁰⁷ >del) (207-216), CH2 (217-326), CH3 (327-431), CHS (432-433)) (207-433)], dímero (212-212':215-215')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, glicoforma alfa <i>inhibidor de la angiogénesis</i>

3061548-52-2

Sequence / Séquence / Secuencia		
IFISDTRGPF	VEMYSEIPEI	IHMTEGRELV
IPCRVTSPNI	TVTLKKFPLD	50
TLIPDGKRII	WDSRKGFIIS	NATYKEIGLL
TCEATVNGHL	YKTNYLTHRQ	100
TNTIIDVQIS	TPRPVKLLRG	HTLVLNCTAT
TPLNTRVQMT	WSYPDEKNKR	150
ASVRRRIDQS	NSHANIFYSV	LTIDKMQNKD
KGLYTCRVRS	GPSFKSVNTS	200
VHIYDKDKTH	TCPPCPAPEL	LGGPSVFLFP
PKPKDTLMIS	RTPEVTCVVV	250
DVSHEDPEVK	FNWYVDGVEV	HNAKTKPREE
QYNSTYRVVS	VLTVLHQDWL	300
NGKEYKCKVS	NKALPAPIEK	TISKAKGQPR
EPQVYTLPPS	REEMTKNQVS	350
LTCLVKGFPY	SDIAVEWESN	GQPENNYKTT
PPVLDSDGSF	FLYSKLTVDK	400
SRWQQGNVFS	CSVMHEALHN	HYTQKSLSLS
PGK		433

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro		
Intra-chain VGFR1:	33-82, 127-186	Fc: 247-307, 353-411
	33'-82', 127'-186'	Fc: 247'-307', 353'-411'
Inter-chain Fc-Fc':	212-212', 215-215'	

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
N39, N71, N126, N198, N283; N39', N71', N126', N198', N283'

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: K433, K433'

rexipictorum

rexipictor

(6*S*)-4⁵-chloro-1²,1⁶-difluoro-6-(hydroxyméthyl)-3⁴*H*-5-aza-3(1,5)-pyrazolo[4,3-*c*]pyridina-4(4,2)-pyridina-1(1)-benzéna-7(1)-cyclopropanaheptaphan-3⁴-one
polycystin 1 (PC1) molecular chaperone

rexipictor

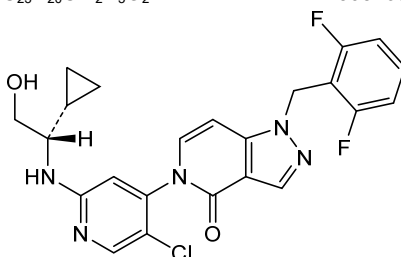
(6*S*)-4⁵-chloro-1²,1⁶-difluoro-6-(hydroxyméthyl)-3⁴*H*-5-aza-3(1,5)-pyrazolo[4,3-*c*]pyridina-4(4,2)-pyridina-1(1)-benzéna-7(1)-cyclopropanaheptaphan-3⁴-one
chaperon moléculaire de la polycystine 1 (PC1)

rexipictor

(6*S*)-4⁵-cloro-1²,1⁶-difluoro-6-(hidroximetil)-3⁴*H*-5-aza-3(1,5)-pirazolo[4,3-*c*]piridina-4(4,2)-piridina-1(1)-bencena-7(1)-ciclopropanaheptafan-3⁴-ona
chaperona molecular de la policistina 1 (PC1)

C₂₃H₂₀ClF₂N₅O₂

3084683-45-1

**rexlemestrocelum**

rexlemestrocel

allogeneic mesenchymal precursor cells (MPCs) derived from bone marrow mononuclear cells of healthy human donors. A subpopulation of mesenchymal lineage stromal cells (MLC) is enriched using STRO-3-specific antibody selection, and expanded in media containing foetal bovine serum (FBS). The cells are frozen to generate a master cell bank (MCB) at an early passage, and then resuscitated and further expanded. The final cell preparation contains MPCs expressing STRO-4 (≥85%) and CD146 (≥72%) and are positive for CD146, STRO-1, STRO-3, neural/glial antigen 2 (NG2), and platelet-derived growth factor receptor beta (PDGFRβ). The preparation contains ≤10% CD45+ cells and is negative for CD31, CD80, CD86 and human leukocyte antigen-DR isotype (HLA-DR). The cells secrete transforming growth factor beta 1 (TGFβ1) and stromal cell-derived factor 1 (SDF-1), demonstrating multipotency, immunomodulatory activity and ability to stimulate collagen and proteoglycan production
cell therapy substance (immunomodulator, tissue regeneration)

rexlémostrocel

cellules précurseurs mésenchymateuses allogéniques (CPM), dérivées de cellules mononucléaires de moelle osseuse de donneurs humains sains. Une sous-population de cellules stromales de lignée mésenchymateuse (MLC) est enrichie par sélection avec un anticorps spécifique de

rexlemestrocel

STRO-3, puis amplifiée dans un milieu contenant du sérum bovin fœtal (SBF). Les cellules sont congelées à un passage précoce, afin de constituer une banque de cellules maîtresses (MCB), puis décongelées et amplifiées.

La préparation cellulaire finale contient des CPM exprimant STRO-4 ($\geq 85\%$) et CD146 ($\geq 72\%$), et sont positives pour CD146, STRO-1, STRO-3, l'antigène neuronal/glia 2 (NG2) et le récepteur bêta du facteur de croissance dérivé des plaquettes (PDGFR β). La préparation contient $\leq 10\%$ de cellules CD45+ et est négative pour CD31, CD80, CD86, et l'isotype HLA-DR. Les cellules sécrètent le facteur de croissance transformant bêta 1 (TGF β 1) et le facteur dérivé du stroma 1 (SDF-1), démontrant ainsi leur multipotence, leur activité immunomodulatrice et leur capacité à stimuler la production de collagène et de protéoglycanes

substance de thérapie cellulaire (immunomodulateur, régénération tissulaire)

células precursoras mesenquimales (MPCs) alogénicas derivadas de células mononucleares de médula ósea de donantes humanos sanos. Una subpoblación de células estromales de linaje mesenquimal (MLC) se enriqueció usando selección con el anticuerpo específico STRO-3 y se expandieron en medio que contiene suero bovino fetal (FBS). Las células se congelan para generar un banco de células maestro (MCB) a un pase temprano y después se resucitan y se expanden más.

La preparación celular final contiene MPCs que expresan STRO-4 ($\geq 85\%$) y CD146 ($\geq 72\%$) y son positivas para CD146, STRO-1, STRO-3, antígeno neural/glia 2 (NG2), y el receptor beta del factor de crecimiento derivado de plaquetas (PDGFR β). La preparación contiene $\leq 10\%$ de células CD45+ y es negativa para CD31, CD80, CD86 y el isotipo DR del antígeno leucocitario humano (HLA-DR). Las células secretan factor transformador del crecimiento beta 1 (TGF β 1) y factor derivado del estroma 1 (SDF-1), demostrando multipotencia, actividad inmunomoduladora y capacidad de estimular la producción de colágeno y proteoglicano

sustancia para terapia celular (immunomodulador, regeneración de tejidos)

reziciclidegum

reziciclideg

rac-(1³*R*)-9⁶-acetyl-9⁵-methyl-9⁷*H*-8-aza-9(2,8)-pyrido[2,3-*d*]pyrimidina-3(1,4)-piperazina-7(5,2)-pyridina-1(3),6(4,1)-dipiperidina-2(1,4)-benzena-10(1)-cyclopentanadecaphane-1²,1⁶,9⁷-trione
cyclin-dependent kinase degrader, antineoplastic

réziciclideg

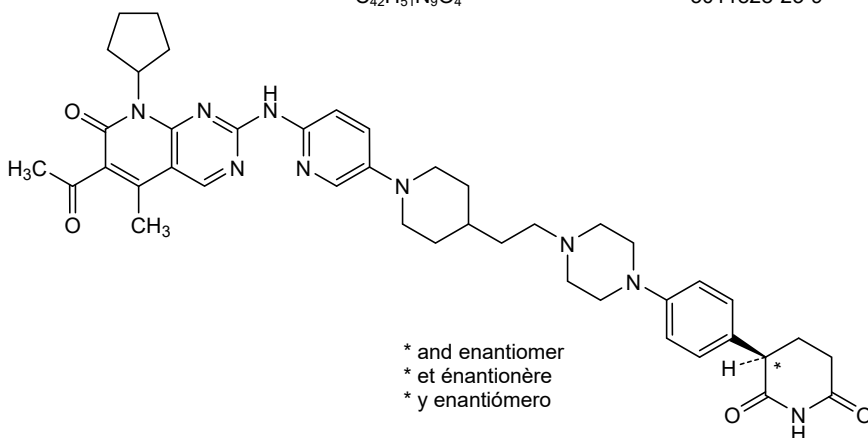
rac-(1³*R*)-9⁶-acétyl-9⁵-méthyl-9⁷*H*-8-aza-9(2,8)-pyrido[2,3-*d*]pyrimidina-3(1,4)-pipérazina-7(5,2)-pyridina-1(3),6(4,1)-dipipéridina-2(1,4)-benzéna-10(1)-cyclopentanadecaphane-1²,1⁶,9⁷-trione
agent dégradant des kinases dépendantes des cyclines, antinéoplasique

reziciclideg

rac-(1³*R*)-9⁶-acetyl-9⁵-metil-9⁷*H*-8-aza-9(2,8)-pirido[2,3-*d*]pirimidina-3(1,4)-piperazina-7(5,2)-piridina-1(3),6(4,1)-dipiperidina-2(1,4)-bencena-10(1)-ciclopentanadecafano-1²,1⁶,9⁷-triona
degradador de la kinasa dependiente de ciclina, antineoplásico

C₄₂H₅₁N₉O₄

3011828-23-9

**rimegtamigum #**

rimegtamig

immunoglobulin (VH-H-gamma1_V-kappa-L-kappa)_(VH-TTN(titin)C-like-G1(10h-CH2-CH3)_(V-kappa-OBSCN(obscurin)C-like), anti-[*Homo sapiens* EGFR (epidermal growth factor receptor, receptor tyrosine-protein kinase erbB-1, ERBB1, HER1, HER-1, ERBB)] and anti-[*Homo sapiens* MET (met proto-oncogene, hepatocyte growth factor (HGF) receptor, HGFR, scatter factor (SF) receptor, HGF/SF receptor, receptor tyrosine-protein kinase c-met, papillary renal cell carcinoma 2, RCCP2) epitopes 1 and 2], *Homo sapiens* and humanized monoclonal antibody, bispecific, MET biparatopic, trivalent; heavy chain VH *Homo sapiens* anti-EGFR -9mer -H-gamma1 humanized anti-MET epitope 1 (knob) (H) (1-584) [VH *Homo sapiens* anti-EGFR (*Homo sapiens* IGHV3-30-5*03 (95.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.18] (26-33.51-58.97-114)) (1-125) -9-mer tetraglycyl-seryl-tetraglycyl linker (126-134) -H-gamma1 humanized anti-MET epitope 1 (135-584) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30-5*03 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) L123>T (249), CDR-IMGT [8.8.14] (160-167.185-192.230-243)) (135-254) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, 14-G1v74 CH3 C10, 14-G1v32 CH3 W22 (knob) (CH1 R120>K (351) (255-352), hinge 1-15 (353-367), CH2 (368-477), CH3 S10>C (491), E12 (493), M14 (495), T22>W (503) (478-582), CHS

(583-584)) (255-584)]], (357-334')-disulfide with light chain V-kappa *Homo sapiens* anti-EGFR -9mer -L-kappa humanized anti-MET epitope 1 (L') (1'-334') [V-KAPPA *Homo sapiens* anti-EGFR (*Homo sapiens* IGKV1-13*02 (96.8%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -9-mer tetraglycyl-seryl-tetraglycyl linker (108'-116') -L-KAPPA humanized anti-MET epitope 1, (117'-334') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (77.2%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [10.3.9] (143'-152'.170'-172'.209'-217')) (117'-227') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (273'), V101 (311')) (228'-334')]; heavy chain VH humanized anti-MET epitope 2 -5mer -TTN (titin) C-like -G1(10h-CH2-CH3) (hole) (H'') (1''-449'') [VH (*Homo sapiens* IGHV3-74*01 (77.3%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.12] (26''-33''.51''-58''.97''-108'')) (1''-119'') -5-mer tetraglycyl-seryl linker (120''-124'') - *Homo sapiens* TTN*01 C-LIKE-152 (89.9%) (A6>C (132''), S9>I (135''), C23>S (149''), C43>T (163''), L86>S (184''), I90>T (188''), M92>K (190''), S105>T (203''), G107>R (205'')) (125''-222'') -*Homo sapiens* IGHG1*01 h-CH2-CH3-CHS, nG1m1 CH3 E12, M14, 14-G1v75 CH3 C5, 14-G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) (hinge 6-15 (223''-232''), CH2 (233''-342''), CH3 Y5>C (351''), E12 (358''), M14 (360''), T22>S (368''), L24>A (370''), Y86>V (409'') (343-447''), CHS (448''-449'')) (223''-449'')], (132''-206'')-disulfide with the light chain V-kappa humanized anti-MET epitope 2 -5mer -OBSCN (obscurin) C-like (L''') (1'''-215''') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-13*02 (82.0%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'''-38'''-56'''-58'''-95'''-103''')) (1'''-113''') -5-mer tetraglycyl-seryl linker (114'''-118''') -*Homo sapiens* OBSCN*01 C-LIKE-1 (88.4%) (F11>S (131'''), T36>F (150'''), Q45>K (159'''), A45.4>T (163'''), A77>V (166'''), T90>K (180'''), A95>Q (185'''), G97>S (187'''), I114>H (200'''), A120>C (206'''), V121>L (207''')) (119'''-215'''); dimer (363-228'':366-231'':491-351'')-trisdisulfide, produced in a Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, lacking the enzyme alpha-(1,6)-fucosyltransferase (FUT8-KO), glycoform alfa *antineoplastic*

rimegtamig

immunoglobuline (VH-H-gamma1_V-kappa-L-kappa)_(VH-TTN(titine)C-like-G1(h-CH2-CH3)_(V-kappa-OBSCN(obscurine)C-like), anti-[*Homo sapiens* EGFR (récepteur du facteur de croissance épidermique, récepteur tyrosine-protéine kinase erbB-1, ERBB1, HER1, HER-1, ERBB)] et anti-[*Homo sapiens* MET (proto-oncogène met, récepteur du facteur de croissance hépatocytaire, HGFR, récepteur du facteur de dispersion (SF), récepteur de l'HGF/SF, récepteur protéine-tyrosine kinase c-met, carcinome papillaire à cellules rénales 2, RCCP2) épitopes 1 et 2], anticorps monoclonal humanisé et chimérique, bispécifique, biparatopique MET, trivalent; chaîne lourde VH *Homo sapiens* anti-EGFR -9mer -H-gamma1 humanisée anti-MET épitope 1 (knob) (H) (1-584) [VH *Homo sapiens* anti-EGFR (*Homo sapiens* IGHV3-30-5*03 (95.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.18] (26-33.51-58.97-114)) (1-125) -9-mer tétraglycyl-séryl-tétraglycyl linker (126-134) -H-gamma1 humanisée anti-MET épitope 1 (135-584) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-

30-5*03 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) L123>T (249), CDR-IMGT [8.8.14] (160-167.185-192.230-243)) (135-254) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, 14-G1v74 CH3 C10, 14-G1v32 CH3 W22 (knob) (CH1 R120>K (351) (255-352), charnière 1-15 (353-367), CH2 (368-477), CH3 S10>C (491), E12 (493), M14 (495), T22>W (503) (478-582), CHS (583-584)) (255-584)]], (357-334')-disulfure avec la chaîne légère V-kappa *Homo sapiens* anti-EGFR - 9mer -L-kappa humanisée anti-MET épitope 1 (L') (1'-334') [V-KAPPA *Homo sapiens* anti-EGFR (*Homo sapiens* IGKV1-13*02 (96.8%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -9-mer tétraglycyl-séryl-tétraglycyl linker (108'-116') -L-KAPPA humanized anti-MET épitope 1 (117'-334') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (77.2%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [10.3.9] (143'-152'.170'-172'.209'-217')) (117'-227') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (273'), V101 (311')) (228'-334')]; chaîne lourde VH-5mer-TTN(titine)C-like-G1(10h-CH2-CH3) humanisée anti-MET épitope 2 (hole) (H") (1"-449") [VH humanisé anti-MET épitope 2 (*Homo sapiens* IGHV3-74*01 (77.3%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.12] (26"-33".51"-58".97"-108")) (1"-119") -5-mer tétraglycyl-séryl linker (120"-124") - *Homo sapiens* TTN*01 C-LIKE-152 (89.9%) (A6>C (132"), S9>I (135"), C23>S (149"), C43>T (163"), L86>S (184"), I90>T (188"), M92>K (190"), S105>T (203"), G107>R (205")) (125"-222") -*Homo sapiens* IGHG1*01 h-CH2-CH3-CHS, nG1m1 CH3 E12, M14, 14-G1v75 CH3 C5, 14-G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) (charnière 6-15 (223"-232"), CH2 (233"-342"), CH3 Y5>C (351"), E12 (358"), M14 (360"), T22>S (368"), L24>A (370"), Y86>V (409") (343"-447"), CHS (448"-449")) (223"-449")], (132"-206")- disulfure avec la chaîne légère V-kappa-5mer-OBSCN(obscure)C-like humanisée anti-MET épitope 2 (L'") (1'"-215'") [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-13*02 (82.0%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'"-38'"-.56'"-.58'"-.95'"-.103'")) (1'"-.113'") -5-mer tétraglycyl-séryl linker (114'"-.118'") -*Homo sapiens* OBSCN*01 C-LIKE-1 (88.4%) (F11>S (131'"), T36>F (150'"), Q45>K (159'"), A45.4>T (163'"), A77>V (166'"), T90>K (180'"), A95>Q (185'"), G97>S (187'"), I114>H (200'"), A120>C (206'"), V121>L (207'")) (119'"-.215'")]; dimère (363-228":366-231":491-351")-trisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, ne présentant pas l'enzyme alpha-(1,6)-fucosyltransférase (FUT8-KO), glycoforme alfa antinéoplasique

rimegtamig

inmunoglobulina (VH-H-gamma1_V-kappa-L-kappa)_ (VH-TTN(titina)C-like-G1(h-CH2-CH3)_ (V-kappa-OBSCN(obscure)C-like), anti-[*Homo sapiens* EGFR (receptor del factor de crecimiento epidérmico, receptor tirosina-proteína kinasa erbB-1, ERBB1, HER1, HER-1, ERBB)] y anti-[*Homo sapiens* MET (proto-oncogén met, receptor del factor de crecimiento hepatocitario, HGFR, receptor del factor de dispersión (SF), receptor del HGF/SF, receptor proteína-tirosina kinasa c-met, carcinoma papilar con células renales 2, RCCP2) epítotos 1 y 2], anticuerpo monoclonal humanizado y quimérico, biespecífico, biparatópico MET, trivalente;

cadena pesada VH *Homo sapiens* anti-EGFR -9mer -H-gamma1 humanizada anti-MET epítipo 1 (knob) (H) (1-584) [VH *Homo sapiens* anti-EGFR (*Homo sapiens*IGHV3-30-5*03 (95.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.18] (26-33.51-58.97-114)) (1-125) -9-mer tetraglicil-seril-tetraglicil enlace (126-134) -H-gamma1 humanizada anti-MET epítipo 1 (135-584) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30-5*03 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) L123>T (249), CDR-IMGT [8.8.14] (160-167.185-192.230-243)) (135-254) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, 14-G1v74 CH3 C10, 14-G1v32 CH3 W22 (knob) (CH1 R120>K (351) (255-352), bisagra 1-15 (353-367), CH2 (368-477), CH3 S10>C (491), E12 (493), M14 (495), T22>W (503) (478-582), CHS (583-584)) (255-584)]], (357-334')-disulfuro con la cadena ligera V-kappa *Homo sapiens* anti-EGFR -9mer -L-kappa humanizada anti-MET epítipo 1 (L') (1'-334') [V-KAPPA *Homo sapiens* anti-EGFR (*Homo sapiens* IGKV1-13*02 (96.8%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -9-mer tetraglicil-seril-tetraglicil enlace (108'-116') -L-KAPPA humanizado anti-MET epítipo 1 (117'-334') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (77.2%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [10.3.9] (143'-152'.170'-172'.209'-217')) (117'-227') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (273'), V101 (311')) (228'-334')];

cadena pesada VH-5mer-TTN(titine)C-like-G1(10h-CH2-CH3) humanizada anti-MET epítipo 2 (hole) (H") (1"-449") [VH humanizado anti-MET epítipo 2 (*Homo sapiens* IGHV3-74*01 (77.3%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.12] (26"-33".51"-58".97"-108")) (1"-119") -5-mer tetraglicil-seril enlace (120"-124") - *Homo sapiens* TTN*01 C-LIKE-152 (89.9%) (A6>C (132"), S9>I (135"), C23>S (149"), C43>T (163"), L86>S (184"), I90>T (188"), M92>K (190"), S105>T (203"), G107>R (205")) (125"-222") -*Homo sapiens* IGHG1*01 h-CH2-CH3-CHS, nG1m1 CH3 E12, M14, 14-G1v75 CH3 C5, 14-G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) (bisagra 6-15 (223"-232"), CH2 (233"-342"), CH3 Y5>C (351"), E12 (358"), M14 (360"), T22>S (368"), L24>A (370"), Y86>V (409") (343"-447"), CHS (448"-449")) (223"-449"))], (132"-206")- disulfuro con la cadena ligera V-kappa-5mer-OBSCN(obscurina)C-like humanizada anti-MET epítipo 2 (L'") (1'""-215'") [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-13*02 (82.0%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'""-38'""-56'""-58'""-95'""-103'")) (1'""-113'") -5-mer tetraglicil-seril enlace (114'""-118'") -*Homo sapiens* OBSCN*01 C-LIKE-1 (88.4%) (F11>S (131'"), T36>F (150'"), Q45>K (159'"), A45.4>T (163'"), A77>V (166'"), T90>K (180'"), A95>Q (185'"), G97>S (187'"), I114>H (200'"), A120>C (206'"), V121>L (207'")) (119'""-215'")]; dímero (363-228":366-231":491-351")-trisdifuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, en ausencia de la enzima alfa-1,6-fucosiltransferasa (FUT8-KO), forma glicosilada alfa

antineoplásico

3083872-91-4

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: VH anti-EGFR -9mer - H-gamma1 anti-MET epitope 1 (knob) (H)

QVQLVESGGG	VVQPGRLRL	SCAASGFTFS	TYGMHWVRQA	PGKGLEWVAV	50
IWDGSGYKY	GDSVKGRFTI	SRDNSKNTLY	LQMNSLRAED	TAVYYCARDG	100
ITMVRGVMKD	YFDYWGQGT	VTVSSGGGGS	GGGQVQVLE	SGGGVVQPGR	150
SLRLSCAASG	FSLSDYGVHW	VRQAPGKGLE	WLAVIWSGGS	TNYADAFVSR	200
LTISKDNSKN	TVYLQMNSLR	AEDTAVYYCA	RNHDPYIYA	MDYWGQGT	250
TVSSASTKGP	SVFPLAPSSK	STSGGTAALG	CLVKDYFPEP	VTVSWNSGAL	300
TSGVHTFP	LQSSGLYSL	SVTVTPSSSL	GTQTYICNVN	HKPNTKVDK	350
KVEPKSCDKT	HTCPCPAPE	LLGGPSVFLF	PPKPKDTLMI	SRTPEVTCVV	400
VDVSHEDPEV	KFNWYVDGVE	VHNAKTKPRE	EQYNSTYRVV	SVLTVLHQDW	450
LNGKEYKCKV	SNKALPAPIE	KTISKAKGQP	REPQVYTLPP	CREEMTKNQV	500
SLWCLVKGFY	PSDIAVEWES	NGQPENNYKT	TPPVLDSDGS	FFLYSKLTVD	550
KSRWQQGNVF	SCSVMHEALH	NHYTQKSLSL	SPGK		584

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: V-kappa anti-EGFR -9mer -L-kappa anti-MET epitope 1 (L')

DIQLTQSPSS	LSASVGDRVT	ITCRASQDIS	SALVWYQQKP	GKAPKLLIYD	50
ASSLESQVPS	RFGSGESGTD	FTLTISSLQP	EDFATYYCQQ	FNSYPLTFGG	100
GTKVEIKGGG	GSGGGGDIVL	TQSPDSLAVS	LGERATINCR	ADKSVSTSTY	150
NYLHWYQQKP	GQPPKLLIYR	GSFLATGVPD	RFGSGSGGTD	FTLTISSLQA	200
EDVAVYYCQH	SRDLPPTFGQ	GTKLEIKRTV	AAPSVFIIPP	SDEQLKSGTA	250
SVVCLNNFY	PREAKVQWKV	DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD	STYLSLSTLT	300
LSKADYEKKH	YACEVTHQG	LSSPVTKSFN	RGEC		334

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: VH anti-MET epitope 2 -5mer -TTN (titin) C-like -G1(10h-CH2-CH3 (hole) (H'')

EVQLVESGGG	LVQPGGSLRL	SCAASGYTFT	SYWLHWVRQA	PGKGLEWVGM	50
IDPSNSDTRF	NPNFKDRFTI	SADTSKNTAY	LQMNSLRAED	TAVYYCATYR	100
SVVTPLDYWG	QGTLLTVSSG	GGGSGIPPKI	ECLPIDISID	EGKYLTVASA	150
FTGEPTPEVT	WSTGGRIHS	QEQRFHIEH	TDDSTTLTIK	DVQQDGGGLY	200
TLTLRNEFGS	DSATVNIHIR	SIDKTHTCPP	CPAPELLGGP	SVFLFPKPKP	250
DTLMTSRTPE	VTCTVVVDVSH	EDPEVKFNWY	VDGVEVHNAK	TKPREEQYNS	300
TYRVVSVLTV	LHQDWLNGKE	YKCKVSNKAL	PAPIEKTISK	AKGGPREPQV	350
CTLPPSRREM	TKNQVSLSCA	VKGFYPSDIA	VEWESNGQPE	NNYKTTTPVL	400
DSDGSSFFLV	KLTVDKSRWQ	QGNVFCSSVM	HEALHNHYTQ	KSLSLSPGK	449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: V-kappa anti-MET epitope 2 -5mer -OBSCN (obscurin) C-like (L''')

DIQMTQSPSS	LSASVGDRVT	ITCKSSQSLL	YTSSQKNYLA	WYQQKPGKAP	50
KLLIYWASTR	ESGVPSRFSG	SGSGTDFTLT	ISSLQPEDFA	TYQCQQYYAY	100
PWTFGQGT	EIKGGGSSG	APRELTRPKA	SVVSVGKDAT	LSCQIVGNPF	150
PQVSWEKDKQ	PVTAGVRFRL	AQDGDLYRLK	ILDQLQSDSG	QYVCRARNAH	200
GEAFACLG	VDAAE				215

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 156-229 281-337 398-458 504-562
Intra-H'' (C23-C104) 22''-96'' 263''-323'' 369''-427''
Intra-L' (C23-C104) 23'-88' 139'-208' 254'-314'
Intra-L''' (C23-C104) 23'''-94''' 143'''-194'''
Inter-H-L' (h 5-CL 126) 357-334'
Inter-H''-L''' (C6 in TNT C-like152 - C120 in OBSCN C-like1)* 132''-206''
Inter-H-H'' (h 11, h 14) 363-228'' 366-231''
Inter-H-H'' (CH3 C10-C5)** 491-351''
*engineered C6 and C120 (IMGT unique numbering for C-DOMAIN and C-LIKE-DOMAIN)
**additional inter-H-H disulfide bond owing to variants 14-G1v74 (H CH3 C10) and 1 4-G1v75 (H'' CH3 C5).

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal
Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl) / pyroglutamyle (pE, 5-oxopropyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)
H VH Q1: 1

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 434, 299''
Afucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes afucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos afucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 584, 449''

rimizakibartum #

rimizakibart

immunoglobulin G1-lambda2, anti-[*Homo sapiens* TNFSF13B (tumor necrosis factor (TNF) superfamily member 13B, BAFF, THANK, TALL1, TALL-1, BLYS, BLyS, B cell activating factor, B lymphocyte activator, CD257)], *Homo sapiens* monoclonal antibody; H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*01 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (90.9%) L123>M (118), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112))] (1-123) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 K120 (220) (124-221), hinge 1-15 (222-236), CH2 M15.1>Y (258), S16>T (260), T18>E (262) (237-346), CH3 D12 (362), L14 (364) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-213')-disulfide with L-lambda2 light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV3-19*01 (95.8%) -IGLJ3*02 (91.7%) K123>E (104'), CDR-IMGT [6.3.11] (26-31.49-51.88-98)) (1'-108') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (C-LAMBDA2) (109'-214')]; dimer (232-232":235-235")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
immunomodulator

rimizakibart

immunoglobuline G1-lambda2, anti-[*Homo sapiens* TNFSF13B (membre 13B de la superfamille des facteurs de nécrose tumorale (TNF), BAFF, THANK, TALL1, TALL-1, BLYS, BLyS, facteur d'activation des lymphocytes B, activateur des lymphocytes B, CD257)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*; chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*01 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (90.9%) L123>M (118), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112))] (1-123) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 K120 (220) (124-221), charnière 1-15 (222-236), CH2 M15.1>Y (258), S16>T (260), T18>E (262) (237-346), CH3 D12 (362), L14 (364) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-213')-disulfure avec la chaîne légère L-lambda2 *Homo sapiens* (1'-214') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV3-19*01 (95.8%) -IGLJ3*02 (91.7%) K123>E (104'), CDR-IMGT [6.3.11] (26-31.49-51.88-98)) (1'-108') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (C-LAMBDA2) (109'-214')]; dimère (232-232":235-235")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
immunomodulateur

rimizakibart

immunoglobulina G1-lambda2, anti-[*Homo sapiens* TNFSF13B (miembro 13B de la superfamilia de los factores de necrosis tumoral (TNF), BAFF, THANK, TALL1, TALL-1, BLYS, BLyS, factor de activación de los linfocitos B, activador de los linfocitos B, CD257)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*; cadena pesada H-gamma1 *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*01 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (90.9%) L123>M (118), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112))] (1-123) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 K120 (220) (124-221), bisagra 1-15 (222-236), CH2 M15.1>Y (258), S16>T (260), T18>E (262) (237-346), CH3 D12 (362), L14 (364) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-213')-disulfuro con la cadena ligera L-lambda2 *Homo sapiens* (1'-214') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV3-19*01 (95.8%) -IGLJ3*02 (91.7%) K123>E (104'), CDR-IMGT [6.3.11] (26-31.49-51.88-98)) (1'-108') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (C-LAMBDA2) (109'-214')]; dímero (232-232":235-235")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa
immunomodulador

3081815-42-8

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H')

QVQLQQSGAE VKKPGSSVRV SCKASGGTFN NDAINWVRQA PGQGLEWMGG 50
 IFPMFGTAKY SQNFQGRVAI TADESTGTAS MELSSLRSED TAVYYCARSR 100
 DPLLYPHHAL SPWGRGTMVT VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC 150
 LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG 200
 TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSCDKTH TCPGPCAPEL LGGPSVFLFP 250
 PKPKDTLYIT REPEVTCVVV DVSHEDPEVK FNWYVDGVEV HNAKTKPREE 300
 QYNSTYRVVS VLTVLHQDWL NGKEYKCKVS NKALPAPIEK TISKAKGQPR 350
 EPQVYTLPPS RDELTKNQVS LTCLVKGFYP SDIAVEWESN GQPENNYKTT 400
 PPVLDSDGSF FLYSKLTVDK SRWQQGNVFS CSVMEALHN HYTQKSLSL 450
 PGK 453

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L')

SSELTQDPAV SVALGQTVRV TCQGDLSLRY YASWYQQKPG QAPVLVIYVK 50
 NNRPSGIPDR FSGSSSGNTA SLTITGAQAE DEADYYCSSR DSSGNNWVFG 100
 GGTELTVLQG PKAAPSVTLF PPSSEELQAN KATLVCLISD FYPGAVTVAW 150
 KADSSPVKAG VETTTPSKQS NNKYAASSYL SLTPEQWKSH RSYSCQVTHE 200
 GSTVEKTVAP TECS 214

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22-96 150-206 267-327 373-431
 22"-96" 150"-206" 267"-327" 373"-431"

Intra-L (C23-C104) 22'-87' 136'-195'
 22"'-87'" 136"'-195'"

Inter-H-L (h 5-CL 126) 226-213' 226"-213"

Inter-H-H (h 11, h 14) 232-232" 235-235"

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal

Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl) / pyroglutamide (pE, 5-oxoprolyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolylo)

H VH Q1: 1, 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 303, 303"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenaríos complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: 453, 453"

rituximabum vedotinum

rituximab vedotin

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* MS4A1 (membrane-spanning 4-domains subfamily A member 1, CD20)], chimeric monoclonal antibody; conjugated on an average of 4.4 cysteinyl residues to *vedotin*, comprising a cleavable linker and monomethylauristatin E (MMAE); H-gamma1 heavy chain chimeric (1-451) [VH (*Mus musculus* IGHV1-47-27*01 (99.0%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (87.5%) S128>A (121), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17.1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (218), V121>A (219) (122-219), hinge 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-213')-disulfide with L-kappa light chain chimeric (1'-213') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV4-72*01 (95.8%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (27'-31'.49'-51'.88'-96'') (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190'') (107'-213'')]; dimer (230-230":233-233'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alpha; substituted at the sulfur atoms of 4.4 L-cysteinyl residues on an average among 224, 230, 233, 213', 224", 230", 233" and 213" with

- (3*RS*)-1-(6-(((2*S*)-1-(((2*S*)-5-(carbamoylamino)-1-{4-(((2*S*)-1-(((2*S*)-1-(((3*R*,4*S*,5*S*)-1-((2*S*)-2-[(1*R*,2*R*)-3-(((1*S*,2*R*)-1-hydroxy-1-phenylpropan-2-yl]amino)-1-methoxy-2-methyl-3-oxopropyl]pyrrolidin-1-yl)-3-methoxy-5-methyl-1-oxoheptan-4-yl](methyl)amino)-3-methyl-1-oxobutan-2-yl]amino)-3-methyl-1-oxobutan-2-yl](methyl)carbamoyl)oxy)methyl)anilino)-1-oxopentan-2-yl]amino)-3-methyl-1-oxobutan-2-yl]amino)-6-oxohexyl)-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (*vedotin*) groups
antineoplastic
- rituximab védotine immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* MS4A1 (membre 1 de la sous-famille A à 4 domaines transmembranaires, CD20)], anticorps monoclonal chimérique; conjugué par 4.4 résidus cystéinyles en moyenne à la *védotine*, comprenant un coupleur clivable et monométhylauristatine E (MMAE); chaîne lourde H-gamma1 chimérique (1-451) [VH (*Mus musculus*IGHV1-47-27*01 (99.0%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (87.5%) S128>A (121), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (218), V121>A (219) (122-219), charnière 1-15 (220-234), CH2 (235- 344), CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-213')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa chimérique (1'-213') [V-KAPPA (*Mus musculus*IGKV4-72*01 (95.8%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (27'-31'.49'-51'.88'-96'') (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190'')) (107'- 213'')]; dimère (230-230'':233-233'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa; substitué, sur les atomes de soufre de 4.4 résidus L-cystéinyle en moyenne parmi 224, 230, 233, 213', 224'', 230'', 233'' et 213''', avec des groupes (3*RS*)-1-(6-(((2*S*)-1-(((2*S*)-5-(carbamoylamino)-1-{4-(((2*S*)-1-(((2*S*)-1-(((3*R*,4*S*,5*S*)-1-((2*S*)-2-[(1*R*,2*R*)-3-(((1*S*,2*R*)-1-hydroxy-1-phénylpropan-2-yl]amino)-1-méthoxy-2-méthyl-3-oxopropyl]pyrrolidin-1-yl)-3-méthoxy-5-méthyl-1-oxoheptan-4-yl](méthyl)amino)-3-méthyl-1-oxobutan-2-yl]amino)-3-méthyl-1-oxobutan-2-yl](méthyl)carbamoyl)oxy)méthyl)anilino)-1-oxopentan-2-yl]amino)-3-méthyl-1-oxobutan-32-yl]amino)-6-oxohexyl)-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (*védotine*)
antinéoplasique
- rituximab vedotina immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* MS4A1 (miembro 1 de la subfamilia A con 4 dominio transmembranarios, CD20)], anticuerpo monoclonal quimérico; conjugado por 4.4 residuos de cisteinilo por término medio a la *vedotina*, que comprende un conector escindible y monometilauristatina E (MMAE); cadena pesada H-gamma1 quimérica (1-451) [VH (*Mus musculus*IGHV1-47-27*01 (99.0%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (87.5%) S128>A (121), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (218), V121>A (219) (122-219), bisagra 1-15 (220-234), CH2 (235- 344), CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-213')- disulfuro con la cadena ligera L-kappa quimérica (1'-213') [V-KAPPA (*Mus musculus*IGKV4-72*01 (95.8%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (27'-31'.49'-51'.88'-96'') (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190'')) (107'- 213'')]; dímero (230-230'':233-233'')-bisdisulfuro; producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa; sustituido, en los átomos de azufre de 4.4 residuos de L-cisteinilo en promedio de 224, 230, 233, 213', 224'', 230'', 233'' y 213''', con grupos (3*RS*)-1-(6-(((2*S*)-1-(((2*S*)-5-(carbamoylamino)-1-{4-(((2*S*)-1-(((2*S*)-1-(((3*R*,4*S*,5*S*)-1-((2*S*)-2-[(1*R*,2*R*)-3-(((1*S*,2*R*)-1-fenil-1-hidroxipropán-2-il]amino)-2-metil-1-metoxi-3-oxopropil]pirrolidin-1-il)-5-metil-3-metoxi-1-oxoheptan-4-il](metil)amino)-3-metil-1-oxobutan-2-il]amino)-3-metil-1-oxobutan-2-il](metil)carbamoi)oxi)metil)anilino)-1-oxopentan-2-il]amino)-3-metil-1-oxobutan-32-il]amino)-6-oxohexil)-2,5-

dioxopirrolidin-3-ilo (*vedotina*)
antineoplásico

3039928-58-7

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H')

QVQLQQPGAE LVKPGASVKM SCKASGYTFT SYNMHWVKQT PGRGLEWIGA 50
IYPNGDTSY NQKFKGKATL TADKSSSTAY MQLSSLTSED SAVYYCARST 100
YYGGDWYFNV WGAGTTVTVS AASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV 150
KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ 200
TYICNVNHKP SNTKVDKAE FKSCDKHTC PPCPAPELLG GPSVFLFPFK 250
PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKGQPREP 350
QVYTLPPSRD ELTKNQVSLT CLVKGFYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTPPP 400
VLDSDGSFPL YSKLTVDKSR WQQGNVFCSS VMHEALNHY TQKSLSLSPG 450
K 451

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L')

QIVLSQSPAI LSASPGKVT MTCRASSVS YIHWQQKPG SSPKFWIYAT 50
SNLASGVFVR FSGSGSGTSY SLTISRVEAE DAATYYCQW TSNPPTFGGG 100
TKLEIKRTVA APSVFIFPPS DEQLKSGTAS VVCLNNFYF REAKVQWKVD 150
NALQSGNSQE SVTEQDSKDS TYSLSTLT TL SKADYEKKV YACEVTHQGL 200
SSPVTKSFNR GEC 213

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22-96 148-204 265-325 371-429

22"-96" 148"-204" 265"-325" 371"-429"

Intra-L (C23-C104) 23'-87' 133'-193'

23'''-87''' 133'''-193'''

Inter-H-L (h 5-CL 126)* 224-213' 224"-213"

Inter-H-H (h 11, h 14)* 230-230" 233-233"

*Three or four inter-chain disulfide bridges are not present, an average of 4.4 cysteinyl are conjugated, each via a thioether bond, to a drug linker.

*Trois ou quatre ponts disulfures inter-chaînes ne sont pas présents, en moyenne 4.4 cystéinyl sont conjugués, chacun via une liaison thioéther, à un coupleur-principe actif.

*Tres o cuatro puentes disulfuro inter-catenarios no están presentes, un promedio de 4.4 cisteinilo están conjugados, cada uno a través de un enlace tioéter, a un conector de fármaco.

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal

Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl) / pyroglutamide (pE, 5-oxopropyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxopropilo)

H VH Q1: 1, 1"

L VL V-KAPPA Q1: 1', 1'''

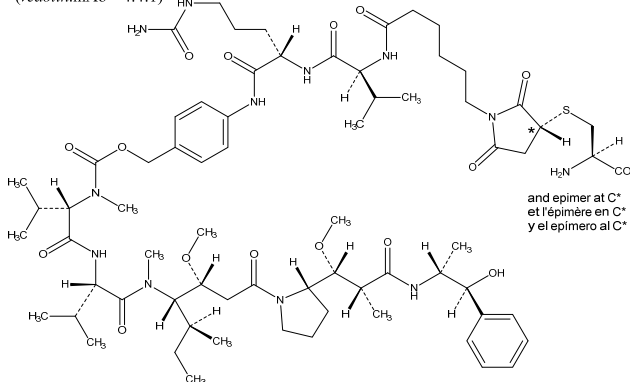
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 301, 301"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: 451, 451"

Potential modified residues / résidus modifiés potentiels / restos modificados potenciales*
C (224, 230, 233, 213', 224", 230", 233", 213''')*(*vedotin*:mAb ~ 4.4:1)

rivocibartum #

rivocibart

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* ANGPTL3 (angiopoietin-like 3)], *Homo sapiens* monoclonal antibody; H-gamma4 heavy chain *Homo sapiens* (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (89.8%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 9-G4v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 (125-222), hinge 1-12 S10>P (232) (223-234), CH2 L92 (313), M15.1>Y (256), S16>T (258), T18>E (260) (235-344), CH3 (345-449), CHS (450-551)) (125-451)], (138-219')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-28*01 (97.0%) -IGKJ5*01 (91.7%), CDR-IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102')) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')]; dimer (230-230":233-233")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa *hypolipidaemic*

rivocibart

immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* ANGPTL3 (angiopoïétine-like 3)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*; chaîne lourde H-gamma4 *Homo sapiens* (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (89.8%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 9-G4v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 (125-222), charnière 1-12 S10>P (232) (223-234), CH2 L92 (313), M15.1>Y (256), S16>T (258), T18>E (260) (235-344), CH3 (345-449), CHS (450-551)) (125-451)], (138-219')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-28*01 (97.0%) -IGKJ5*01 (91.7%), CDR-IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102')) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')]; dimère (230-230":233-233")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa *hypolipidémiante*

rivocibart

inmunoglobulina G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* ANGPTL3 (angiopoetina-like 3)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*; cadena pesada H-gamma4 *Homo sapiens* (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (89.8%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 9-G4v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 (125-222), bisagra 1-12 S10>P (232) (223-234), CH2 L92 (313), M15.1>Y (256), S16>T (258), T18>E (260) (235-344), CH3 (345-449), CHS (450-551)) (125-451)], (138-219')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa *Homo sapiens* (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-28*01 (97.0%) -IGKJ5*01 (91.7%), CDR-IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102')) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')]; dímero (230-230":233-233")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa *hipolipemiante*

3067651-10-6

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H')

QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT SYDINWVRQA PGQGLEWVGL 50
 INPREDTSTY AQKFQGRVTM TRDTSTSTMY MELSSLRSED TAVYFCARDL 100
 GSIREVLYYG MDVWGQGTTV TVSSASTKGP SVFPLAPCSR STSESTAALG 150
 CLVKDYFPEP VTVSWNSGAL TSGVHTFPAV LQSSGLYSLS SVVTVPSSSL 200
 GTKTYTCNVD HKPSNTKVDK RVESKYGPCC PPCPAPEFLG GPSVFLFPFK 250
 PKDTLYITRE PEVTCVVVDV SQEDPEVQFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQF 300
 NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK GLPSSIEKTI SKAKGQPREP 350
 QVYTLPPSQE EMTKNQVSLT CLVKGFYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTTTP 400
 VLDSDSGSFFL YSRLTVDKSR WQEGNVFSCS VMHEALHNNH TQKSLSLSLG 450
 K 451

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L')

DVVMTQSPFLS LPVTPGEPAS ISCRSSQSLL HSNVYTYLDW YLQKPGQSPQ 50
 LLILYLGSNRA SGVPDRFSGS GSGTDFTLKI SRVEAEDVGV YYCMQALQTP 100
 LTFGGQTRLE IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVVCL LNNFYPREAK 150
 VQWKVDNALQ SGNSQESVTE QDSKDYSTSL SSTLTLSKAD YEKHKVYACE 200
 VTHQGLSSPV TKSFNRGEC 219

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22-96 151-207 265-325 371-429
 22"-96" 151"-207" 265"-325" 371"-429"

Intra-L (C23-C104) 23'-93' 139'-199'
 23'''-93''' 139'''-199'''

Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 138-219' 138"-219"

Inter-H-H (h 8, h 11) 230-230" 233-233"

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal

Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl) / pyroglutamy (pE, 5-oxoprolyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolylo)

H VH Q1: 1, 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 301, 301"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarijos complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: 451, 451"

robotocibartum

robotocibart

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* F11 (coagulation factor 11, coagulation factor XI, FXI, plasma thromboplastin antecedent, PTA)], humanized monoclonal antibody;

H-gamma4 heavy chain humanized (1-444) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-69*01 (86.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%) L123>T (112), CDR-IMGT [8.8.10] (26-33.51-58.97-106)) (1-117) -*Homo sapiens*IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10 (CH1 (118-215), hinge 1-12 S10>P (225) (216-227), CH2 L92 (306) (228-337), CH3 (338-442), CHS (443-444)) (118-444)], (131-213')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3D-11*02 (81.5%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (27'-31'.49'-51'.88'-96'')) (1'-106') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213')]; dimer (223-223":226-226")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
anticoagulant

robotocibart

immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* F11 (facteur de coagulation 11, facteur de coagulation XI, FXI, antécédent de la thromboplastine plasmatique, PTA)], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde H-gamma4 humanisée (1-444) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-69*01 (86.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%) L123>T (112), CDR-IMGT [8.8.10] (26-33.51-58.97-106)) (1-117) -*Homo sapiens*IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10 (CH1 (118-215), charnière 1-12 S10>P (225) (216-227), CH2 L92 (306) (228-337), CH3 (338-442), CHS

robotocibart

(443-444)) (118-444)], (131-213')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3D-11*02 (81.5%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (27'-31'.49'-51'.88'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213')]; dimère (223-223'':226-226'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
anticoagulant

inmunoglobulina G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* F11 (factor de coagulación 11, factor de coagulación XI, FXI, anterior de la tromboplastina plasmática, PTA)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada H-gamma4 humanizada (1-444) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*01 (86.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%) L123>T (112), CDR-IMGT [8.8.10] (26-33.51-58.97-106)) (1-117) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10 (CH1 (118-215), bisagra 1-12 S10>P (225) (216-227), CH2 L92 (306) (228-337), CH3 (338-442), CHS (443-444)) (118-444)], (131-213')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3D-11*02 (81.5%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (27'-31'.49'-51'.88'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213')]; dímero (223-223'':226-226'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa
anticoagulante

3038470-86-6

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H', H'')

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGTFS DDYMHWRQA PGQGLEWMGW 50
IDPENGDT EY ASKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCLYGN 100
FYYFDYWGQG TIVTVSSAST KGPSVFPLAP CSRSTSESTA ALGCLVKDYF 150
PEPVTVSWSN GALTSGVHTF PAVLQSSGLY SLSSVVTWPS SSLGKTGYTC 200
NVDHKKPNTK VDKRVESEKYG PPCPPCPAPE FLGGPSVFLF PPKPKDTIMI 250
SRTPEVTCVV VDVSEQEDPEV QFNWYVDGVE VHNATKPRE EQFNSTYRVV 300
SVLTIVLHQQW LNGKEYKCKV SNKGLPSSIE KTISKAKGQP REPQVYTLPP 350
SQEEMTKNQV SLTCLVKGfy PSDIAVEWES NGQPENNYKT TTPVLDSDGS 400
FFLYSRLTVD KSRWQEGNVF SCSVMHEALH NHYTKQSLSL SLGK 444

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L', L'')

EIVLTQSPAT LSLSPGERAT LSCSASSIN YMHVYQQKPG QAPKRWIYDT 50
SKLASGVPAR FSGSGSGTDF TLTISSELEPE DFAVYYCHQR SFSPITFGQG 100
TKLEIKRTVA APSVFIFPPS DEQLKSGTAS VVCLLNNFYP REAKVQWQVD 150
NALQSGNSQE SVTEQDSKDS TYSLSTLT TL SKADYEKHKV YACEVTHQGL 200
SSPVTKSFNR GEC 213

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22-96 144-200 258-318 364-422
22"-96" 144"-200" 258"-318" 364"-422"

Intra-L (C23-C104) 23'-87' 133'-193'
23'''-87''' 133'''-193'''

Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 131-213' 131"-213"

Inter-H-H (h 8, h 11) 223-223" 226-226"

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal

Q > pyroglutamyI (pE, 5-oxopropyl) / pyroglutamyle (pE, 5-oxopropyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)
H VH Q1: 1, 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 294, 294"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarijos complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 444, 444"

romolisiranum

romolisiran

guanylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-cytidyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-cytidyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-cytidyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-cytidyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-guanosine, duplex with uridylyl-(5'→3')-adenylyl-(5'→3')-cytidyl-(5'→3')-cytidyl-(5'→3')-uridylyl-(5'→3')-cytidyl-(5'→3')-guanylyl-(5'→3')-uridylyl-(5'→3')-uridylyl-(5'→3')-cytidyl-(5'→3')-uridylyl-(5'→3')-adenylyl-(5'→3')-cytidyl-(5'→3')-uridylyl-(5'→3')-uridylyl-(5'→3')-adenylyl-(5'→3')-uridylyl-(5'→3')-guanylyl-(5'→3')-uridylyl-(5'→3')-uridylyl-(5'→3')-adenylyl-(5'→3')-guanosine
carbohydrate sulfotransferase 15 (CHST15) synthesis inhibitor

romolisiran

guanylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-cytidyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-cytidyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-cytidyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-cytidyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-guanosine, duplex avec uridylyl-(5'→3')-adénylyl-(5'→3')-cytidyl-(5'→3')-cytidyl-(5'→3')-uridylyl-(5'→3')-cytidyl-(5'→3')-guanylyl-(5'→3')-uridylyl-(5'→3')-cytidyl-(5'→3')-uridylyl-(5'→3')-uridylyl-(5'→3')-cytidyl-(5'→3')-uridylyl-(5'→3')-adénylyl-(5'→3')-cytidyl-(5'→3')-uridylyl-(5'→3')-uridylyl-(5'→3')-adénylyl-(5'→3')-uridylyl-(5'→3')-guanylyl-(5'→3')-uridylyl-(5'→3')-uridylyl-(5'→3')-adénylyl-(5'→3')-guanosine
inhibiteur de la synthèse de la sulfotransférase glucidique 15 (CHST15)

romolisirán

guanilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-citidilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-citidilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-citidilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-citidilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-guanosina, dúplex con uridilil-(5'→3')-adenilil-(5'→3')-citidilil-(5'→3')-citidilil-(5'→3')-uridilil-(5'→3')-citidilil-(5'→3')-guanilil-(5'→3')-uridilil-(5'→3')-citidilil-(5'→3')-uridilil-(5'→3')-uridilil-(5'→3')-citidilil-(5'→3')-uridilil-(5'→3')-uridilil-(5'→3')-guanilil-(5'→3')-uridilil-(5'→3')-uridilil-(5'→3')-guanosina
inhibidor de la síntesis de la sulfotransferasa de carbohidratos 15 (CHST15)

C₅₁₄H₆₃₅N₂₀₃O₃₇₃P₅₂

3083163-26-9

5'GGAGCAGAGCAAGAUGAAUACAAUCAG273'

.....

3'UACCUCGUCUCGUUCUACUUAUGUUAG275'

roziretgenum parvecum #
roziretgene parvec

recombinant non-replicating adeno-associated virus serotype 8 (rAAV8) vector encoding the native human Leber congenital amaurosis type 5 (LCA5; lebercilin) protein, preceded by a Kozak sequence with expression under control of a hybrid cytomegalovirus immediate early enhancer/chicken β -actin (CMV/C β A) promoter and a bovine growth hormone (bGH) polyadenylation (polyA) signal; flanked by AAV2 inverted terminal repeats (ITRs)
gene therapy (Leber congenital amaurosis type 5)

roziretgène parvec

vecteur de virus adéno-associé de sérotype 8 recombinant (rAAV8), non réplcatif, codant pour la protéine native de l'amaurose congénitale de Leber de type 5 (LCA5; leberciline) humaine; précédée d'une séquence de Kozak et exprimé sous le contrôle d'un promoteur hybride composé de l'amplificateur précoce immédiat du cytomégalo­virus et du promoteur β -actine de poulet (CMV/C β A), et d'un signal de polyadénylation (polyA) de l'hormone de croissance bovine (bGH); flanqué de séquences répétées terminales inversées (ITRs) d'AAV2
thérapie génique (amaurose congénitale de Leber type 5)

roziretgén parvec

vector de virus adenoasociado del serotipo 8 recombinante (rAAV8), no replicativo, que codifica la proteína nativa de la amaurosis congénita de Leber tipo 5 (LCA5; lebercilina) humana, precedida por una secuencia Kozak con expresión bajo el control de un promotor híbrido formado por el potenciador temprano inmediato del citomegalovirus y el promotor de β -actina de pollo (CMV/C β A) y una señal de poliadenilación (poliA) de la hormona de crecimiento bovina (bGH); flanqueado por repeticiones terminales invertidas (ITRs) del AAV2
terapia génica (amaurosis congénita de tipo 5 de Leber)

rufutalkibum
rufutalkib

5-chloro-*N*²-[(2*R*)-2,5-dimethyl-4-(1-methylpiperidin-4-yl)-2,3-dihydro-1-benzofuran-7-yl]-*N*⁴-[2-(propane-2-sulfonyl)phenyl]pyrimidine-2,4-diamine
anaplastic lymphoma kinase (ALK) inhibitor, antineoplastic

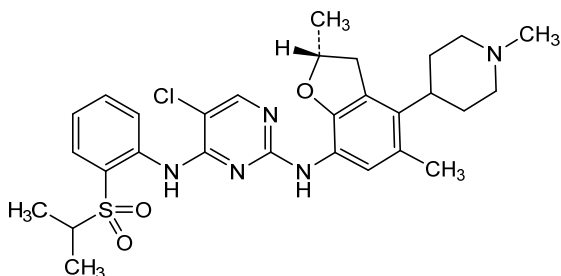
rufutalkib

5-chloro-*N*²-[(2*R*)-2,5-diméthyl-4-(1-méthylpipéridin-4-yl)-2,3-dihydro-1-benzofuran-7-yl]-*N*⁴-[2-(propane-2-sulfonyl)phényl]pyrimidine-2,4-diamine
inhibiteur de la kinase du lymphome anaplasique (ALK), antinéoplasique

rufutalkib

5-cloro-*N*²-[(2*R*)-2,5-dimetil-4-(1-metilpiperidin-4-il)-2,3-dihidro-1-benzofuran-7-il]-*N*⁴-[2-(propano-2-sulfonyl)fenil]pirimidina-2,4-diamina
inhibidor de la kinasa de linfoma anaplásico (ALK), antineoplásico

C₂₉H₃₆CIN₅O₃S1609170-61-7



rusubamigum #
rusubamig

immunoglobulin (VH-G1(CH1-5h)-scFvkh-G1(10h-CH2-CH3)_L-kappa) dimer, anti-[*Pseudomonas aeruginosa* type III secretion system (TTSS, T3S) PcrV protein]] and anti-[*P. aeruginosa* psl (polysaccharide synthesis locus, surface exopolysaccharide)], *Homo sapiens* monoclonal antibody, bispecific, tetravalent; heavy chain VH-G1(CH1-5h) *Homo sapiens* anti-*P. aeruginosa* PcrV -10mer -scFvkh *Homo sapiens* anti-*P. aeruginosa* psl -10mer -G1(10h-CH2-CH3) (H) (1-720) [VH-G1(CH1-5h) *Homo sapiens* anti-*P. aeruginosa* PcrV (1-227) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (94.7%), CDR -IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124) -*Homo sapiens* IGHG1*03 CH1-5h, G1m3 CH1 R120 (CH1 R120 (221) (125-222), hinge 1-5 (223-227)) (125-227)] -10-mer bis(tetraglycyl-seryl) linker (228-237) -scFvkh *Homo sapiens* anti-*P. aeruginosa* psl (238-483) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-4*08 (89.7%) -(IGHD) -IGHJ3*02 (93.3%), CDR -IMGT [8.7.13] (263-270.288-294.333-345)) (238-356) -20-mer tetrakis(tetraglycyl-seryl) linker (357-376) -V-KAPPA *Homo sapiens* IGKV1-39*01 (94.5%) -IGKJ4*01 (90.0%) G120>C (476), CDR -IMGT [6.3.9] (403-408.426-428.465-473)) (377-483)] -10-mer bis(tetraglycyl-seryl) linker (484-493) -G1(10h-CH2-CH3) *Homo sapiens* IGHG1*03 h-CH2-CH3-CHS, nG1m1 CH3 E12, M14, 9-G1v78-4 CH3 C112, S113, Y114, L116, C117 (hinge 6-15 (494-503), CH2 (504-613), CH3 L112>C (705), H113>S (706), N114>Y (707), Y116>L (709), T117>C (710) (614-718), CHS (719-720)) (494-720)]], (227-214')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* anti-*P. aeruginosa* PcrV (L') (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-6*01 (97.9%) -IGKJ1*01 (100%), CDR -IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimer 499-499":502-502"-bisdisulfide, produced in a cell line of Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, glycoform alfa *antibacterial*

rusubamig

immunoglobuline (VH-G1(CH1-5h)-scFvhl-G1(h-CH2-CH3)_L-kappa) dimère, anti-[protéine PcrV du système de sécrétion type III (TTSS, T3S) de *Pseudomonas aeruginosa*]] et anti-[*Pseudomonas aeruginosa* psl (locus de synthèse des polysaccharides, exopolysaccharide de surface)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*, bispécifique, tétravalent; chaîne lourde VH-G1(CH1-5h) *Homo sapiens* anti-*P. aeruginosa* PcrV -10mer -scFvkh *Homo sapiens* anti-*P. aeruginosa* psl -10mer -G1(10h-CH2-CH3) (H) (1-720) [VH-G1(CH1-5h) *Homo sapiens* anti-*P. aeruginosa* PcrV (1-227) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (94.7%), CDR -IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124) -*Homo sapiens* IGHG1*03 CH1-5h,

G1m3 CH1 R120 (CH1 R120 (221) (125-222), charnière 1-5 (223-227)) (125-227)] -10-mer bis(tétraglycyl-séryl) linker (228-237) -scFvHk *Homo sapiens* anti-*P. aeruginosa* psl (238-483) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-4*08 (89.7%) -(IGHD) -IGHJ3*02 (93.3%), CDR -IMGT [8.7.13] (263-270.288-294.333-345)) (238-356) -20-mer tetrakis(tétraglycyl-séryl) linker (357-376) -V-KAPPA *Homo sapiens* IGKV1-39*01 (94.5%) -IGKJ4*01 (90.0%) G120>C (476), CDR -IMGT [6.3.9] (403-408.426-428.465-473)) (377-483)] -10-mer bis(tétraglycyl-séryl) linker (484-493) -G1(10h-CH2-CH3) *Homo sapiens* IGHG1*03 h-CH2-CH3-CHS, nG1m1 CH3 E12, M14, 9-G1v78-4 CH3 C112, S113, Y114, L116, C117 (charnière 6-15 (494-503), CH2 (504-613), CH3 L112>C (705), H113>S (706), N114>Y (707), Y116>L (709), T117>C (710) (614-718), CHS (719-720)) (494-720)]], (227-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* anti-*P. aeruginosa* PcrV (L') (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-6*01 (97.9%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimère (499-499":502-502")-bisdisulfure, produit dans une lignée cellulaire des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
antibactérien

rusubamig

immunoglobulina (VH-G1(CH1-5h)-scFvHl-G1(h-CH2-CH3) L-kappa) dímero, anti-[proteína PcrV del sistema de secreción tipo III (TTSS, T3S) de *Pseudomonas aeruginosa*] y anti-[*Pseudomonas aeruginosa* psl (lugar de síntesis de los polisacáridos, exopolisacárido de superficie)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*, biespecífico, tetravalente;
cadena pesada VH-G1(CH1-5h) *Homo sapiens* anti-*P. aeruginosa* PcrV -10mer -scFvHk *Homo sapiens* anti-*P. aeruginosa* psl -10mer -G1(10h-CH2-CH3) (H) (1-720) [VH-G1(CH1-5h) *Homo sapiens* anti-*P. aeruginosa* PcrV (1-227) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (94.7%), CDR -IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124) -*Homo sapiens* IGHG1*03 CH1-5h, G1m3 CH1 R120 (CH1 R120 (221) (125-222), bisagra 1-5 (223-227)) (125-227)] -10-mer bis(tetraglicil-seril) enlace (228-237) -scFvHk *Homo sapiens* anti-*P. aeruginosa* psl (238-483) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-4*08 (89.7%) -(IGHD) -IGHJ3*02 (93.3%), CDR -IMGT [8.7.13] (263-270.288-294.333-345)) (238-356) -20-mer tetrakis(tetraglicil-seril) enlace (357-376) -V-KAPPA *Homo sapiens* IGKV1-39*01 (94.5%) -IGKJ4*01 (90.0%) G120>C (476), CDR -IMGT [6.3.9] (403-408.426-428.465-473)) (377-483)] -10-mer bis(tetraglicil-seril) enlace (484-493) -G1(10h-CH2-CH3) *Homo sapiens* IGHG1*03 h-CH2-CH3-CHS, nG1m1 CH3 E12, M14, 9-G1v78-4 CH3 C112, S113, Y114, L116, C117 (bisagra 6-15 (494-503), CH2 (504-613), CH3 L112>C (705), H113>S (706), N114>Y (707), Y116>L (709), T117>C (710) (614-718), CHS (719-720)) (494-720)]], (227-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa *Homo sapiens* anti-*P. aeruginosa* PcrV (L') (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-6*01 (97.9%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dímero (499-499":502-502")-bisdisulfuro, producido en una línea celular de las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, forma glicosilada alfa
antibacteriano

3077157-52-6

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: VH-G1(CH1-5h) anti- <i>Pseudomonas aeruginosa</i> PcrV -scFvhk anti- <i>P. aeruginosa</i> Psl -G1(10h-CH2-CH3) (H, H")	
EVQLLESQGGG	LVQPGGSLRL SCAASGFTFS SYAMNWVRQA PGKGLEWVSA 50
ITMSGITAYY	TDDVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCAKEE 100
FLPGTHYYYG	MDVWQGQGT TVSSASTKGP SVFPLAPSSK STSGGTAALG 150
CLVKDYFPEP	VTVSWNSGAL TSGVHTFPAV LQSSGLYSLS SVVTVPSSSL 200
GTQTYICNVN	HKPSNTKVDK RVEPKSCGGG GSGGGGSQVQ LQESGPGLVK 250
PSETLSLTCT	VSGGSISPYI WTWIRQPPGK CLELIGYIHS SGYTDYNPSL 300
KSRVTISGDT	SKKQFSLKLS SVTAADTAVY YCARADWDRL RALDIWQGT 350
MVTVSSGGGG	SGGGSGGGG SGGGGSIDIQL TQSPSSLSAS VGDRTVITCR 400
ASQISRSHLN	WYQQKPGKAP KLLIYGASNL QSGVPSRFSG SGSGTDFTLT 450
ISSLPQPEDFA	TYQCQSTGA WNWFGCGTKV EIKGGGGSGG GGSCKTHTCP 500
PCPAPELLGG	PSVFLFPPKP KDTLMISRTPEVTCVVVDVS HEDPEVKFNW 550
YVDGEVHNNA	KTKPREEQYN STYRVVSVLT VLHQDWLNGK EYKCKVSNKA 600
LPAPIEKTIS	KAKGQPREPQ VYTLPPSREE MTKNQVSLTC LVKGFYPYSDI 650
AVEWESNGQP	ENNYKTTTPV LDSGGSFFLY SKLTVDKSRW QQGNVFSCSV 700
MHEACSYHLC	QKSLSLSPGK 720
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: L-kappa anti- <i>P. aeruginosa</i> PcrV (L', L'")	
AIQMTQSPSS	LSASVGDRTV ITCRASQGIR NDLGWYQKPK GKAPKLLIYS 50
ASTLQSGVPS	RFGSGSGSGT FTLTISSLQP EDFATYYCLO DYNYPWTFQG 100
GTKVEIKRTV	AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD STYSLSSLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN	RGEC 214
Post-translational modifications	
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro	
Intra-H (C23-C104) 22"-96" 151"-207" 259"-332" 399"-464" 534"-594" 640"-698"	
Intra-H" (C23-C104) 22"-96" 151"-207" 259"-332" 399"-464" 534"-594" 640"-698"	
Intra-H scFv C49 (VH)-C120 (VL)* 281-476	
intra-H" scFv C49 (VH)-C120 (VL)* 281"-476"	
Intra-H CH3 (C112-C117)** 705-710	
Intra-H" CH3 (C112-C117)** 705"-710"	
Intra-L' (C23-C104) 23'-88' 134'-194'	
Intra-L" (C23-C104) 23"-88" 134"-194"	
Inter-H-L', inter-H"-L" (h 5-CL 126) 227'-214' 227"-214"	
Inter-H-H" (h 11, h 14) 499'-499" 502'-502"	
*engineered additional disulfide bond C49 (VH)-C120 (VL) to stabilize the scFv (variant 11-scFv-v1).	
**engineered additional disulfide bridge CH3 (C112-C117) associated to variant 9-G1v78-4	
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación	
H CH2 N84.4: 570, 570"	
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenaríos complejos fucosilados.	
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal	
H CHS K2: 720, 720"	

ruxuplamum
ruxuplam

6-(6-(((1*R*,2*R*,3*S*,5*S*)-2-fluoro-9-azabicyclo[3.3.1]nonan-3-yl)(methyl)amino)pyridazin-3-yl)-2-methyl-1,3-benzoxazol-5-ol
gene splicing modulator (Huntington's disease)

ruxuplam

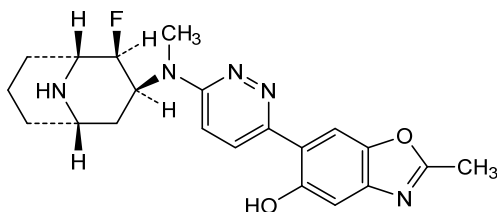
6-(6-(((1*R*,2*R*,3*S*,5*S*)-2-fluoro-9-azabicyclo[3.3.1]nonan-3-yl)(méthyl)amino)pyridazin-3-yl)-2-méthyl-1,3-benzoxazol-5-ol
modulateur de l'épissage, maladie de Huntington

ruxuplam

6-(6-(((1*R*,2*R*,3*S*,5*S*)-2-fluoro-9-azabicyclo[3.3.1]nonan-3-il)(metil)amino)piridazin-3-il)-2-metil-1,3-benzoxazol-5-ol
modulador del empalme genético (enfermedad de Huntington)

C₂₁H₂₄FN₅O₂

3067915-73-2

**safarleucelum**

safarleucel

allogeneic natural killer (NK) cells derived from cord blood selected for the KIR B-haplotype and the high-affinity CD16 F158V polymorphism. The cord blood is subjected to an initial immune-depletion of the CD3+ cells and then cultured with replication incompetent (irradiated) feeder cells (eHuT-78P cell line) in media containing an anti-CD3 agonist (OKT3), heat-inactivated human AB serum and interleukin-2 (IL-2).

The final cell population consists of CD3-CD56+ NK cells ($\geq 85\%$; CD56+CD16+ $\geq 70\%$) and low levels of cells expressing CD3 ($\leq 0.2\%$), CD14 ($\leq 1\%$) and CD19 ($\leq 1\%$). The cells are capable of killing target cells (K562 cell line), and show relative potency in an antibody-dependent cellular cytotoxicity assay (ADCC) in the presence of a therapeutic antibody (e.g. anti-CD20)

cell therapy substance (immunomodulator)

safarleucel

cellules tueuses naturelles, allogéniques, dérivées du sang de cordon ombilical, sélectionnées pour l'haplotype KIR B et le polymorphisme à haute affinité CD16 F158V. Le sang de cordon est soumis à une immunodéplétion initiale des cellules CD3+, puis cultivé avec des cellules nourricières irradiées (lignée cellulaire eHuT-78P) incapables de se répliquer, dans un milieu contenant un agoniste anti-CD3 (OKT3), du sérum AB humain inactivé par la chaleur et de l'interleukine-2 (IL-2). La population cellulaire finale est composée de cellules tueuses naturelles CD3-CD56+ ($\geq 85\%$; CD56+CD16+ $\geq 70\%$), et de faibles taux de cellules exprimant CD3 ($\leq 0.2\%$), CD14 ($\leq 1\%$) et CD19 ($\leq 1\%$). Les cellules sont capables de tuer des cellules cibles (lignée cellulaire K562) et montrent une puissance relative, dans un essai de cytotoxicité cellulaire dépendante des anticorps (ADCC), en présence d'un anticorps thérapeutique (par exemple, anti-CD20)

substance pour thérapie cellulaire (immunomodulateur)

safarleucel

células natural killer (NK) alogénicas derivadas de sangre de cordón seleccionadas para el haplotipo KIR B y el polimorfismo de alta afinidad CD16 F158V. La sangre de cordón se somete a una depleción inmune inicial de células CD3+ y después se cultiva con células alimentadoras incompetentes para la replicación (irradiadas) (línea celular eHuT-78P) en medio que contiene un agonista anti-CD3 (OKT3), suero humano AB inactivado por calor e interleuquina-2 (IL-2).

La población celular final consiste en células NK CD3-CD56+ ($\geq 85\%$; CD56+CD16+ $\geq 70\%$) y bajos niveles de células que expresan CD3 ($\leq 0.2\%$), CD14 ($\leq 1\%$) y CD19 ($\leq 1\%$). Las células son capaces de matar células diana (línea celular K562) y muestran una potencia relativa en un ensayo de citotoxicidad celular dependiente de anticuerpos (ADCC) en presencia de un anticuerpo terapéutico (por ejemplo, anti-CD20)

sustancia para terapia celular (immunomodulador)

selovoxolonom

selovoxolone

3 α -[(cyclohexanecarbonyl)oxy]-11-oxours-12-en-24-oic acid
anti-inflammatory

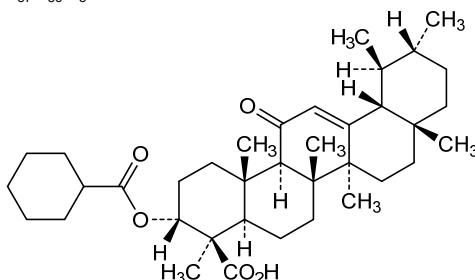
sélovoxolone

acide 3 α -[(cyclohexanecarbonyl)oxy]-11-oxours-12-én-24-
oïque
anti-inflammatoire

selovoxolona

ácido 3 α -[(ciclohexanecarbonil)oxi]-11-oxours-12-en-24-oico
*antiinflamatorio*C₃₇H₅₆O₅

1786406-66-3

**sevoloprubartum #**

sevoloprubart

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD19 (B lymphocyte surface antigen B4, Leu-12)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;

H-gamma4 heavy chain *Homo sapiens* (1-446) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*01 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 10-G4v110 delK2 (CH1 (121-218), hinge 1-12 S10>P (228) (219-230), CH2 L92 (309) (231-340), CH3 (341-445), CHS K2>del (446)) (121-446)], (134-215')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (95.8%) -IGKJ1*01 (91.7%), CDR-IMGT [7.3.9] (27'-33'.51'-53'.90'-98')) (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (154'), V101 (192')) (109'-215')]; dimer (226-226'':229-229'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
immunosuppressant

sévoloprubart

immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD19 (antigène de surface B4 des lymphocytes B, Leu-12)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*; chaîne lourde H-gamma4 *Homo sapiens* (1-446) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*01 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 10-G4v110 delK2 (CH1 (121-218), charnière 1-12 S10>P (228) (219-230), CH2 L92 (309) (231-340), CH3 (341-445), CHS K2>del (446)) (121-446)], (134-215')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (95.8%) -IGKJ1*01 (91.7%), CDR-IMGT [7.3.9] (27'-33'.51'-53'.90'-98')) (1'-108') -*Homo sapiens*

	IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (154'), V101 (192')) (109'-215'); dimère (226-226":229-229")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa <i>immunosuppresseur</i>
sevoloprubart	immunoglobulina G4-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> CD19 (antígeno de superficie B4 de los linfocitos B, Leu-12)], anticuerpo monoclonal <i>Homo sapiens</i>; cadena pesada H-gamma4 <i>Homo sapiens</i> (1-446) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-69*01 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -<i>Homo sapiens</i> IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 10-G4v110 delK2 (CH1 (121-218), bisagra1-12 S10>P (228) (219-230), CH2 L92 (309) (231-340), CH3 (341-445), CHS K2>del (446)) (121-446)], (134-215')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa <i>Homo sapiens</i> (1'-215') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV3-20*01 (95.8%) -IGKJ1*01 (91.7%), CDR-IMGT [7.3.9] (27'-33'.51'-53'.90'-98')) (1'-108') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (154'), V101 (192')) (109'-215'); dímero (226-226":229-229")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa <i>immunosupresor</i>
	2697144-74-2 Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H") QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGHTIS SYAYSWVRQA PGQGLEWMGD 50 IIPAYGSPNY AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARED 100 FGKNYAMDVW GQGTLLTVSS ASTKGPSVFP LAPCSRSTSE STAALGCLVK 150 DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTTK 200 YTCNVDHKPS NTKVDKRVES KYGPPCPPCP APEFLGGPSV FLFPKPDKDT 250 LMISRTPEVT CVVVDVSQED PEVQFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQFNSTY 300 RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKGLPS SIEKTISKAK GQPREPQVYT 350 LPPSQEEMTK NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTTTPVLD 400 DGSFFLYSRL TVDKSRWQEG NVFSCSVME ALHNHYTQKS LSLSLG 446 Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L") EIVLTQSPGT LSLSPGERAT LSCRASQHVS SHYLAWYQK PGQAPRLLIY 50 GASSRATGIP DRFSGSGSGT DFTLTISRLE PEDFAVYYCQ HYGQSQFTFG 100 QGTKVEIKRT VAAPSVFIFP PSDEQLKSGT ASVCLLNFF YPREAKVQWK 150 VDNALQSGNS QESVTEQDSK DSTYSLSSLT TLISKADYEKH KVYACEVTHQ 200 GLSSPVTKSF NRGEC 215 Post-translational modifications Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro Intra-H (C23-C104) 22-96 147-203 261-321 367-425 22"-96" 147"-203" 261"-321" 367"-425" Intra-L (C23-C104) 23'-89' 135'-195' 23'''-89''' 135'''-195''' Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 134-215' 134"-215" Inter-H-H (h 8, h 11) 226-226" 229-229" N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxoprollyl) / pyroglutamyle (pE, 5-oxoprolyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo) H VH Q1: 1, 1" N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación H CH2 N84.4: 297, 297" Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados

sipasterolum

sipasterol

5 α -androsterane-3 β ,5,6 β -triol
anti-inflammatory

sipastérol

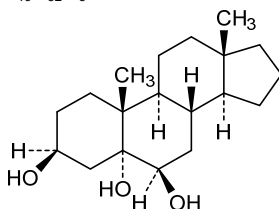
5 α -androstane-3 β ,5,6 β -triol
anti-inflammatoire

sipasterol

5 α -androstandio-3 β ,5,6 β -triool
antiinfiammatorio



4725-51-3



sironestrantum

sironestrant

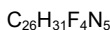
N-[(3S)-1-(3-fluoropropyl)pyrrolidin-3-yl]-6-[(1S,3R)-3-methyl-2-(2,2,2-trifluoroethyl)-2,3,4,9-tetrahydro-1H-pyrido[3,4-b]indol-1-yl]pyridin-3-amine
antiestrogen, antineoplastic

sironestrant

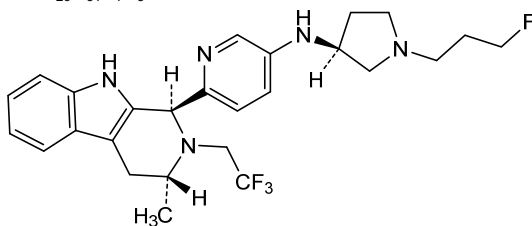
N-[(3S)-1-(3-fluoropropyl)pyrrolidin-3-yl]-6-[(1S,3R)-3-méthyl-2-(2,2,2-trifluoréthyl)-2,3,4,9-tétrahydro-1H-pyrido[3,4-b]indol-1-yl]pyridin-3-amine
anti-œstrogène, antinéoplasique

sironestrant

N-[(3S)-1-(3-fluoropropil)pirrolidin-3-il]-6-[(1S,3R)-3-metil-2-(2,2,2-trifluoroetil)-2,3,4,9-tetrahydro-1H-pirido[3,4-b]indol-1-il]piridin-3-amina
antiestrógeno, antineoplásico



2735803-90-2



sirusertibum

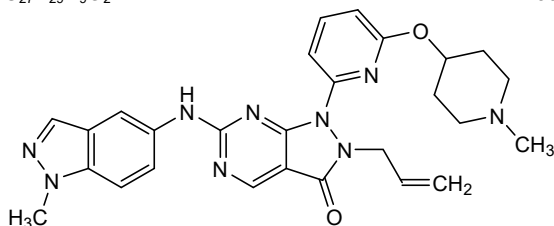
siruserib

6-[[1-methyl-1*H*-indazol-5-yl]amino]-1-[6-[[1-methylpiperidin-4-yl]oxy]pyridin-2-yl]-2-(prop-2-en-1-yl)-1,2-dihydro-3*H*-pyrazolo[3,4-*d*]pyrimidin-3-one
serine/threonine kinase inhibitor, antineoplastic

- sirusertib 6-[(1-méthyl-1*H*-indazol-5-yl)amino]-1-{6-[(1-méthylpipéridin-4-yl)oxy]pyridin-2-yl}-2-(prop-2-en-1-yl)-1,2-dihydro-3*H*-pyrazolo[3,4-*d*]pyrimidin-3-one
inhibiteur de kinases sérine/thréonine, antinéoplasique
- sirusertib 6-[(1-metil-1*H*-indazol-5-il)amino]-1-{6-[(1-metilpipéridin-4-il)oxi]piridin-2-il}-2-(prop-2-en-1-il)-1,2-dihidro-3*H*-pirazolo[3,4-*d*]pirimidin-3-ona
inhibidor de la kinasa de serina/treonina, antineoplásico

C₂₇H₂₉N₉O₂

3066062-53-8

**sofetabartum #**

sofetabart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* FOLR1 (folate receptor 1, folate receptor alpha, FR-alpha, adult folate-binding protein, FBP, ovarian tumor-associated antigen MOv18)], humanized monoclonal antibody; H-gamma1 heavy chain humanized (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*21 (82.8%) -IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) T123>P (114), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 K120 (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237) (233-342), CH3 D12 (358), L14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-217')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-217') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-13*02 (81.1%) -IGKJ2*01 (91.7%) L124>V (107'), CDR-IMGT [7.3.11] (27'-33'.51'-53'.90'-100')) (1'-110') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (156'), V101 (194')) (111'-217')]; dimer (228-228'':231-231'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
antineoplastique

sofétabart

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* FOLR1 (récepteur 1 du folate, récepteur alpha du folate, FR-alpha, protéine de l'adulte liant le folate, FBP, antigène MOv18 associé à des tumeurs ovariennes)]; anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*21 (82.8%) -IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) T123>P (114), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 K120 (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237) (233-342), CH3 D12 (358), L14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-217')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-217') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-13*02 (81.1%) -IGKJ2*01 (91.7%) L124>V (107'), CDR-IMGT [7.3.11] (27'-33'.51'-53'.90'-100')) (1'-110') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (156'), V101 (194')) (111'-217')]; dimère (228-228'':231-231'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
antineoplastique

sofetabart

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* FOLR1 (receptor 1 del folato, receptor alfa del folato, FR-alfa, proteína del adulto que se une al folato, FBP, antígeno MOv18 asociado a los tumores ováricos)]; anticuerpo monoclonal humanizado;
cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*21 (82.8%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) T123>P (114), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108))] (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 K120 (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237) (233-342), CH3 D12 (358), L14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-217')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-217') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-13*02 (81.1%) -IGKJ2*01 (91.7%) L124>V (107'), CDR-IMGT [7.3.11] (27'-33'.51'-53'.90'-100'')] (1'-110') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (156'), V101 (194')) (111'-217'')]; dímero (228-228":231-231'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa *antineoplásico*

3066905-22-1

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H')

EVQLVESGGG	VVQGRSLRL	SCSASGFTFS	GYGLSWVRQA	PGKGLEWVAM	50
ISSGGSYTTY	ADSVKGRFAI	SRDNAKNTLF	LQMDSLRPED	TGVYFCARHG	100
DDPAWFAYWG	QGTPTVTSSA	STKGPSVFPL	APSSKSTSGG	TAALGCLVKD	150
YFPEPVTVSW	NSGALTSGVH	TFPAVLQSSG	LYSLSSVVTV	PSSSLGTQTY	200
ICNVNHKPSN	TKVDKKVEPK	SCDKTHTCPP	CPAPEAAGGP	SVFLFPPKPK	250
DTLMISRTPE	VTCVVVDVSH	EDPEVKFNWY	VDGVEVHNAK	TKPREEQYNS	300
TYRVVSVLTV	LHQDWLNGKE	YKCKVSNKAL	PAPIETISK	AKGQPREPQV	350
YTLPPSRDEL	TKNQVSLTCL	VKGFPYPSDIA	VEWESNGQPE	NNYKTPPVVL	400
DSDSGFFLYS	KLTVDKSRWQ	QGNVFSCSVM	HEALHNHYTQ	KSLSLSPGK	449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L', L'')

DIQLTQSPSS	LSASVGDRVT	ITCSVSSSSIS	SNNLHWYQQK	PGKAPKPWIY	50
GTSNLAGVGP	SRFSGSGSGT	DYFTTISSLQ	PEDIATYYCQ	QWSSYPYMYT	100
FGQGTKVEIK	RTVAAPSVFI	FPPSDEQLKS	GTASVVCLLN	NFYFPREAKVQ	150
WKVDNALQSG	NSQESVTEQD	SKDSTYSLSS	TLTLISKADYE	KHKVYACEVT	200
HQGLSSPVTK	SFNRGEC				217

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104)	22-96	146-202	263-323	369-427
	22"-96"	146"-202"	263"-323"	369"-427"

Intra-L (C23-C104)	23'-89'	137'-197'
	23'''-89'''	137'''-197'''

Inter-H-L (h 5-CL 126) 222-217' 222"-217''

Inter-H-H (h 11, h 14) 228-228" 231-231"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 299, 299"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenaricos complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: 449, 449"

sofetabartum mipitecanum #

sofetabart mipitecan

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* FOLR1 (folate receptor 1, folate receptor alpha, FR-alpha, adult folate-binding protein, FBP, ovarian tumor-associated antigen MOv18)], humanized monoclonal antibody; conjugated on eight cysteinyl residues to *mipitecan*, comprising a cleavable linker and a camptothecin derivative (*exatecan*);
H-gamma1 heavy chain humanized (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*21 (82.8%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) T123>P (114), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108))] (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 K120 (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237) (233-342), CH3 D12 (358), L14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-217')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-217') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-13*02 (81.1%) -IGKJ2*01 (91.7%) L124>V (107'), CDR-IMGT [7.3.11] (27'-33'.51'-53'.90'-100')) (1'-110') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (156'), V101 (194')) (111'-217')]; dimer (228-228":231-231")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa; substituted at the sulfur atoms of the eight L-cysteinyl residues 222, 228, 231, 217', 222", 228", 231" and 217'" with (3RS)-1-{3-[(2-{2-[(N⁶-[(2S)-2-{4-[(N-acetyl-L-valyl-L-alanyl)amino]phenyl)-2-[(1S,9S)-9-ethyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-methyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1H,12H-benzo[de]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinolin-1-yl]carbamoyl)oxy)ethyl]-L-glutaminyldecakis(N-methylglycine))-N^{2,1}-yl)-2-oxoethoxy]ethoxyethyl)amino]-3-oxopropyl}-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (*mipitecan*) groups
antineoplastic

sofétabart mipitécan

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* FOLR1 (récepteur 1 du folate, récepteur alpha du folate, FR-alpha, protéine de l'adulte liant le folate, FBP, antigène MOv18 associé à des tumeurs ovariennes)]; anticorps monoclonal conjugué par huit résidus cystéinyle au *mipitécan*, comprenant un coupleur clivable et un dérivé de la camptothécine (*exatécan*);
chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*21 (82.8%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) T123>P (114), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108))] (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 K120 (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237) (233-342), CH3 D12 (358), L14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-217')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-217') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-13*02 (81.1%) -IGKJ2*01 (91.7%) L124>V (107'), CDR-IMGT [7.3.11] (27'-33'.51'-53'.90'-100')) (1'-110') -*Homo sapiens*

sofetabart mipitecán

IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (156'), V101 (194')) (111'-217'); dimère (228-228":231-231")-bisdisulfuro, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa; substitué sur les atomes de soufre des huit résidus L-cystéinyle 222, 228, 231, 217', 222", 228", 231" et 217"" avec des groupes (3RS)-1-{3-[(2-{2-[(N⁶-(2S)-2-{4-[(N-acétyl-L-valyl-L-alanyl)amino]phényl)-2-([(1S,9S)-9-éthyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-méthyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1H,12H-benzo[de]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinoléin-1-yl]carbamoil)oxy)éthyl)-L-glutaminyldécakis(N-méthylglycine))-N^{2,1}-yl)-2-oxoéthoxy]éthoxy]éthyl)amino]-3-oxopropyl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (*mipitecán*)
antineoplasique

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* FOLR1 (receptor 1 del folato, receptor alfa del folato, FR-alfa, proteína del adulto que se une al folato, FBP, antígeno MOv18 asociado a los tumores ováricos)]; anticuerpo monoclonal humanizado; conjugado por ocho residuos cisteinilo con *mipitecán*, que comprende un conector escindible y un derivado de la camptotecina (*exatecán*);
cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*21 (82.8%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) T123>P (114), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108))] (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 K120 (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237) (233-342), CH3 D12 (358), L14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-217')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-217') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-13*02 (81.1%) -IGKJ2*01 (91.7%) L124>V (107'), CDR-IMGT [7.3.11] (27'-33':51'-53'.90'-100')) (1'-110') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (156'), V101 (194')) (111'-217'); dímero (228-228":231-231")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa; sustituido en los átomos de azufre de los ocho residuos L-cisteinilo 222, 228, 231, 217', 222", 228", 231" y 217"" con grupos (3RS)-1-{3-[(2-{2-[(N⁶-(2S)-2-{4-[(N-acetil-L-valil-L-alanyl)amino]fenil)-2-([(1S,9S)-9-etil-5-fluoro-9-hidroxi-4-metil-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahidro-1H,12H-benzo[de]pirano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinolein-1-il]carbamoil)oxi)etil)-L-glutaminildécakis(N-metilglicina))-N^{2,1}-il)-2-oxoetoxi]etoxi)etil)amino]-3-oxopropil]-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo (*mipitecán*)
antineoplásico

3066906-36-0

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H')

```

EVQLVESGGG VVQGRSLRL SCSASGFTFS GYGLSWVRQA PGKGLEWVAM 50
ISSGGSYTTY ADSVKGRFAI SRDNAKNTLF LQMDSLRPED TGVYFCARHG 100
DDPAWFAYWG QGTFVTVSSA STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
YFPEPVTWSV NSGALTSGVH TFPVQLQSSG LYSLSVVTV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHKPSN TKVDKKVEPK SCDKTHTCP CPAPFAAGGP SVFLFPPKPK 250
DTLMISRTPE VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
YTLPPSRDEL TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL 400
DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSCSVN HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 449

```

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L')

```

DIQLTQSPSS LSASVGRDVT ITCVSSSSIS SNNLHWYQQK PGKAPKPIWY 50
GTNLSAGVSP SRFSGSGSGT DYTFTISLQ PEDIATYYCQ QWSSYPYMYT 100
FGGQTKVEIK RTVAAPSVFI FPPSDEQLKS GTASVVCLLN NFYPREAKVQ 150
WKVDNALQSG NSQESVTEQD SKDSTYSLSS TLTLSKADYE KHKVYACEVT 200
HQLGSSPVTK SFNRGEC 217

```

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22-96 146-202 263-323 369-427
 22"-96" 146"-202" 263"-323" 369"-427"

Intra-L (C23-C104) 23'-89' 137'-197'
 23'''-89''' 137'''-197'''

Inter-H-L (h 5-CL 126)* 222-217' 222"-217'''

Inter-H-H (h 11, h 14)* 228-228" 231-231"

*The inter-chain disulfide bridges are not present, the eight cysteinyl are conjugated, each via a thioether bond, to a drug linker.

*Les ponts disulfures inter-chaînes ne sont pas présents, les huit cystéinyl sont conjugués, chacun via une liaison thioéther, à un coupleur-principe actif.

*Los puentes disulfuro inter-catenarios no están presentes, los ocho cisteinil están conjugados, cada uno a través de un enlace tioéter, a un conector de fármaco.

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 299, 299"

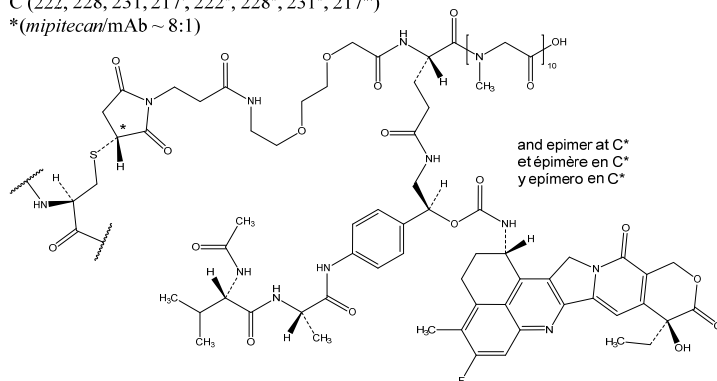
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenaricos complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: 449, 449"

Potential modified residues / résidus modifiés potentiels / restos modificados potenciales*
 C (222, 228, 231, 217', 222", 228", 231", 217''')

*(mipitecan/mAb ~ 8:1)



solgikibartum #

solgikibart

immunoglobulin G1-lambda2, anti-[*Homo sapiens* IL6 (interleukin 6, IL-6)], monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-30-2*07 (86.9%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (85.7%), CDR-IMGT [10.7.14] (26-35.53-59.98-111)) (1-122) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 9-G1v46 CH3 K113, F114, 10-G1v110 delK2 (CH1 K120 (219) (123-220), hinge 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 D12 (361), L14 (363), H113>K (438), N114>F (439) (346-450), CHS K2>del (451)) (123-451)], (225-215')-disulfide with L-lambda2 light chain (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV2-18*02 (82.8%) -IGLJ1*01 (90.9%) V124>L (107'), CDR-IMGT [9.3.10] (26-34.52-54.91-100)) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (C-LAMBDA2) (111'-216')]; dimer (231-231'':234-234'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1SV, lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, glycoform alfa immunomodulator

solgikibart

immunoglobuline G1-lambda2, anti-[*Homo sapiens* IL6 (interleukine 6, IL-6)], anticorps monoclonal;
chaîne lourde H-gamma1 (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-30-2*07 (86.9%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (85.7%), CDR-IMGT [10.7.14] (26-35.53-59.98-111)) (1-122) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 9-G1v46 CH3 K113, F114, 10-G1v110 delK2 (CH1 K120 (219) (123-220), charnière 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 D12 (361), L14 (363), H113>K (438), N114>F (439) (346-450), CHS K2>del (451)) (123-451)], (225-215')-disulfure avec la chaîne légère L-lambda2 (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV2-18*02 (82.8%) -IGLJ1*01 (90.9%) V124>L (107'), CDR-IMGT [9.3.10] (26-34.52-54.91-100)) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (C-LAMBDA2) (111'-216')]; dimère (231-231'':234-234'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1SV, ne présentant pas le gène de la glutamine synthétase (GS-KO), glycoforme alfa immunomodulateur

solgikibart

immunoglobulina G1-lambda2, anti-[*Homo sapiens* IL6 (interleukina 6, IL-6)], anticuerpo monoclonal;
cadena pesada H-gamma1 (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-30-2*07 (86.9%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (85.7%), CDR-IMGT [10.7.14] (26-35.53-59.98-111)) (1-122) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 9-G1v46 CH3 K113, F114, 10-G1v110 delK2 (CH1 K120 (219) (123-220), bisagra 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 D12 (361), L14 (363), H113>K (438), N114>F (439) (346-450), CHS K2>del (451)) (123-451)], (225-215')-disulfuro con la cadena ligera L-lambda2 (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV2-18*02 (82.8%) -IGLJ1*01 (90.9%) V124>L (107'), CDR-IMGT [9.3.10] (26-34.52-54.91-100)) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (C-LAMBDA2) (111'-216')]; dímero (231-231'':234-234'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1SV, en ausencia del gen de la glutamina sintetasa (GS-KO), forma glicosilada alfa immunomodulador

3075504-75-2

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H")
EVQLQESGPG LVKPSQTLST TCTVSGGSIT SRYYAWSWIR QPPGKGLEWI 50
GVIDYDGDY YPSLKSRSV ISWDTSKNQF SLKLSSVTPA DTAVYYCARD 100
PDVVTGFHYD YWQGQTMVTV SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL 150
VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ SSGLYSLSSV VTPVSSSLGT 200
QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSCDKTHT CPPCPAPELL GGPSVFLFPP 250
KPKDTLMISR TPEVTCVVVD VSHEDPEVKF NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ 300
YNSTYRVVSV LTVLHQDWLN GKEYKCKVSN KALPAIEKT ISKAKGQPRE 350
PQVYTLPPSR DELTKNQVSL TCLVKGFYPS DIAVEWESNG QPENNYKTTT 400
PVLDSDGSEF LYSKLTVDKS RWQQGNVFSC SVMHEALKFH YTQKSLSLSP 450
G 451

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L")
QSALTQPPSV SGTTPGQSVTI SCAGANNDIG TYAYVSWYQQ LPGTAPKLMI 50
YKVTTRASGI PDRFSGSKSG NTASLTISGL QAEDEADYYC ASYRNFNNAV 100
FGTGTKLTVL GQPKAAPSVT LFPPSSEELQ ANKATLVCLI SDFYPGAVTV 150
AWKADSSPVK AGVETTTTPSK QSNNKYAASS YLSLTPEQWK SHRSYSQCVT 200
HEGSTVEKTV APTECS 216

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-97 149-205 266-326 372-430
22"-97" 149"-205" 266"-326" 372"-430"
Intra-L (C23-C104) 22'-90' 138'-197'
22'''-90''' 138'''-197'''
Inter-H-L (h 5-CL 126) 225-215' 225"-215"
Inter-H-H (h 11, h 14) 231-231" 234-234"

N-terminal glutaminy cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal
Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl) / pyroglutamide (pE, 5-oxoprolyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprofilo)
L VL V-LAMBDA Q1: 1', 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 302, 302"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados

sovutrecdegum
sovutrecdeg

rac-(1³*R*)-*N*-[5-[(3,5-difluorophenyl)methyl]-1*H*-indazol-3-yl]-1²,1⁶,2¹,2³-tetraoxo-2¹,2³-dihydro-7-aza-2(2,5)-isoindola-5(1,4)-piperazina-1(3)-piperidina-3(1,3)-azetidina-8(4)-oxana-6(1,3)-benzenaoctaphane-6⁴-carboxamide
tropomyosin receptor kinase (TRK) degrader, antineoplastic

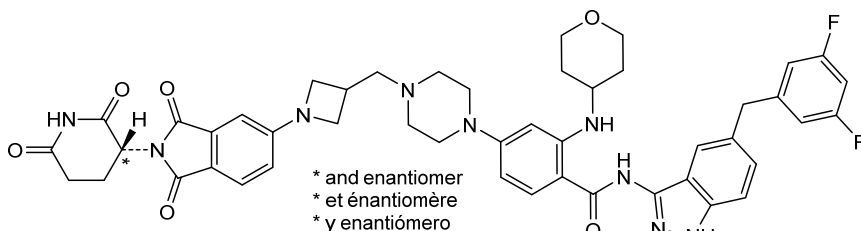
sovutrecdeg

rac-(1³*R*)-*N*-[5-[(3,5-difluorophényl)méthyl]-1*H*-indazol-3-yl]-1²,1⁶,2¹,2³-tétraoxo-2¹,2³-dihydro-7-aza-2(2,5)-isoindola-5(1,4)-pipérazina-1(3)-pipéridina-3(1,3)-azétidina-8(4)-oxana-6(1,3)-benzénaoctaphane-6⁴-carboxamide
agent dégradant des récepteurs à activité tyrosine kinase de type tropomyosine (TRK), antinéoplasique

sovutrecdeg

rac-(1³*R*)-*N*-[5-[(3,5-difluorofenil)metil]-1*H*-indazol-3-il]-1²,1⁶,2¹,2³-tetraoxo-2¹,2³-dihidro-7-aza-2(2,5)-isoindola-5(1,4)-piperazina-1(3)-piperidina-3(1,3)-azetidina-8(4)-oxana-6(1,3)-bencenaoctafano-6⁴-carboxamida
degradador de la kinasa del receptor de tropomiosina (TRK), antineoplásico

C₄₇H₄₇F₂N₉O₆ 2412058-69-4

**sunekafuspum alfa #**

sunekafusp alfa

humanized/human immunoglobulin G1-kappa/lambda bispecific monoclonal antibody, anti-[human interleukin-2 (IL2, IL-2, T-cell growth factor, TCGF)] and anti-[human programmed cell death protein 1 (PD-1, PDCD1, programmed cell death 1 receptor, CD279)] fused via peptide linkers with a circularly permuted human interleukin 2 (IL-2, Uniprot: P60568) variant, inserted within the CDR-L1 of V-KAPPA anti-IL-2; humanized immunoglobulin G1-kappa anti-IL-2; H-gamma1 heavy chain (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV5-51*01 -(IGHD) -IGHJ3*01, CDR-Kabat [5.17.12] (31-35.50-66.99-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (CH1 (122-219), hinge (220-234), CH2 L²³⁸>A, L²³⁹>A, P³³³>A (235-344), CH3 S³⁵⁸>C, T³⁷⁰>W (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-355')-disulfide with kappa light chain-human IL-2 circularly permuted (1'-355') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 -IGKJ4*01, CDR-L1-Kabat [8] (24'-31') [partial: Kabat L.24-L.29 / Chothia L.24-L.30A]] fused via a ³²GGG³⁴ peptide linker to a circularly permuted human IL-2 (residues 77-133 (35'-91' in the current sequence) linked to residues 2-76 (92'-166' in the current sequence)), variant (C¹²⁵>S⁸³), fused via a ¹⁶⁷GGGG¹⁷⁰ peptide linker to V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 -IGKJ4*01, CDR-Kabat [5.7.9] (171'-175'.190'-197'.230'-238') [partial: Kabat L.30-L.34 / Chothia L.30B-L.34] (171'-248') -*Homo sapiens* IGKC*01 (249'-355')), (230-224'':233-227'':358-347'')-trisdissulfide with human immunoglobulin G1-lambda anti-PD1; H-gamma1 heavy chain (1''-445'') [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 -(IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.6] (31''-35''.50''-66''.99''-104'')) (1''-115'') -*Homo sapiens* IGHG1*03 (CH1 (116''-213''), hinge (214''-228''), CH2 L²³²>A, L²³³>A, P³²⁷>A (229''-338''), CH3 Y³⁴⁷>C, T³⁶⁴>S, L³⁶⁶>A, Y⁴⁰⁵>V (339''-443''), CHS (444''-445'')) (116''-445'')], (218''-215'')-disulfide with lambda light chain (1'''-216''') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-47*02 -IGLJ3*02, CDR-Kabat [13.7.11] (23'''-35''' .51'''-67''' .90'''-100''')) (1'''-110''') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (111'''-216'''))]; produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
antineoplastica

sunékafusp alfa

anticorps monoclonal bispécifique humanisé/humain de type immunoglobuline G1-kappa/lambda, anti-[interleukine-2 humaine (IL-2, facteur de croissance des lymphocytes T, FCLT; TCGF)] et anti-[protéine 1 de mort cellulaire programmée humaine (PD-1, PDCD1, récepteur de mort cellulaire programmée 1, CD279)], fusionné par des liaisons peptidiques avec un variant d'interleukine 2 humaine (IL-2, Uniprot: P60568) à permutation circulaire, inséré dans le CDR-L1 de l'anti-IL-2 V-KAPPA; immunoglobuline G1-kappa humanisée anti-IL-2; chaîne lourde H-gamma1 (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV5-51*01 -(IGHD) -IGHJ3*01, CDR-Kabat [5.17.12] (31-35.50-66.99-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (CH1 (122-219), charnière (220-234), CH2 L²³⁸>A, L²³⁹>A, P³³³>A (235-344), CH3 S³⁵⁸>C, T³⁷⁰>W (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-355')-disulfure avec chaîne légère kappa-IL-2 humaine

permutée circulairement (1'-355') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 -IGKJ4*01, CDR-L1-Kabat [8] (24'-31')[partiel: Kabat L.24-L.29 / Chothia L.24-L.30A])] fusionné par un coupleur peptidique ³²GGG³⁴ à une IL-2 humaine permutée circulairement (résidus 77-133 (35'-91' dans la séquence actuelle) liés aux résidus 2-76 (92'-166' dans la séquence actuelle)), variant (C125>S83), fusionné par un coupleur peptidique ¹⁶⁷GGGG¹⁷⁰ à V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 -IGKJ4*01, CDR-Kabat [5.7.9] (171'-175'.190'-197'.230'-238') [partiel: Kabat L.30-L.34 / Chothia L.30B-L.34]) (171'-248') -*Homo sapiens* IGKC*01 (249'-355')), (230-224":233-227":358-347")-trisdisulfure avec l'immunoglobuline G1-lambda humaine anti-PD1; chaîne lourde H-gamma 1 (1"-445") [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 -(IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.6] (31"-35".50"-66".99"-104")) (1"-115") -*Homo sapiens* IGHG1*03 (CH1 (116"-213"), charnière (214"-228"), CH2 L²³²>A, L²³³>A, P³²⁷>A (229"-338"), CH3 Y347">C, T³⁶⁴>S, L³⁶⁶>A, Y⁴⁰⁵>V (339"-443"), CHS (444"-445")) (116"-445"))], (218"-215")-disulfure avec chaîne légère lambda (1"-216") [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-47*02 -IGLJ3*02, CDR-Kabat [13.7.11] (23"-35".51"-67".90"-100")) (1"-110") -*Homo sapiens* IGLC2*01 (111"-216"))]; produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa antineoplasique

sunekafusp alfa

anticuerpo monoclonal biespecífico humanizado/humano de tipo inmunoglobulina G1-kappa/lambda, anti-[interleukina-2 humana (IL-2, factor de crecimiento de los linfocitos T, FCLT; TCGF)] y anti-[proteína 1 de muerte celular programada humana (PD-1, PDCD1, receptor 1 de muerte celular programada, CD279)], fusionada mediante enlaces peptídicos con una variante de interleukina 2 humana (IL-2, Uniprot: P60568) con permutación circular, insertada en el CDR-L1 del anti-IL-2 V-KAPPA; inmunoglobulina G1-kappa humanizada anti-IL-2; cadena pesada H-gamma1 (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV5-51*01 -(IGHD) -IGHJ3*01, CDR-Kabat [5.17.12] (31-35.50-66.99-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (CH1 (122-219), bisagra (220-234), CH2 L²³⁸>A, L²³⁹>A, P³³³>A (235-344), CH3 S³⁵⁸>C, T³⁷⁰>W (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-355)-disulfuro con cadena ligera kappa-IL-2 humana permutada circularmente (1'-355') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 -IGKJ4*01, CDR-L1-Kabat [8] (24'-31')[partiel: Kabat L.24-L.29 / Chothia L.24-L.30A])] fusionada por un acoplador peptídico mediante un acoplador peptídico ³²GGG³⁴ a una IL-2 humana permutada circularmente (residuos 77-133 (35'-91' en la secuencia actual) relacionados con los residuos 2-76 (92'-166' en la secuencia actual)), variante (C125>S83), fusionada por un acoplador peptídico ¹⁶⁷GGGG¹⁷⁰ a V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 -IGKJ4*01, CDR-Kabat [5.7.9] (171'-175'.190'-197'.230'-238') [parcial: Kabat L.30-L.34 / Chothia L.30B-L.34]) (171'-248') -*Homo sapiens* IGKC*01 (249'-355')), (230-224":233-227":358-347")-trisdisulfuro con la inmunoglobulina G1-lambda humana anti-PD1; cadena pesada H-gamma1 (1"-445") [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 -(IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.6] (31"-35".50"-66".99"-104")) (1"-115") -*Homo sapiens* IGHG1*03 (CH1 (116"-213"), bisagra (214"-228"), CH2 L²³²>A, L²³³>A, P³²⁷>A (229"-338"), CH3 Y347">C, T³⁶⁴>S, L³⁶⁶>A, Y⁴⁰⁵>V (339"-443"), CHS (444"-445")) (116"-445"))], (218"-215")-disulfuro con la cadena ligera lambda (1"-216") [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-47*02 -IGLJ3*02, CDR-Kabat [13.7.11] (23"-35".51"-67".90"-100")) (1"-110") -*Homo sapiens* IGLC2*01 (111"-216"))]; producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, glicofoma alfa antineoplásico

3058700-16-3

Sequence / Séquence / Secuencia

Heavy chains / Chaînes lourdes / Cadenas pesadas

anti-IL-2 (H):

EVQLVQSGAE VKKPGESLKI SCKGSGYAFT NYLIEWVRQM PGKGLEWMGV 50
 INPSSGGTNY NEKFKGQVTI SADKSIATAY LQWSSLKASD TAMYYCARWR 100
 GEGYYAYFDV WGGQTTVTVS SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAAALGCLV 150
 KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFFPAVLQS SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ 200
 TYICNVNHKP SNTKVDKRVE PKSCDKTHTC PPCPAPEAAG GPSVFLFPPK 250
 PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
 NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALA~~A~~APIEKTI SKAKGQPREP 350
 QVYTLPPC~~Q~~RE EMTKNQVSLW CLVKGFPSPD IAVEWESNGQ PENNYKTPP 400
 VLDSGDSFFL YSKLTVDKSR WQQGNVFSCS VMHEALHNHY TQKSLSLSPG 450
 K 451

anti-PD1 (H):

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS INAMTWVRQA PGKGLEWVST 50
 ISGSGFTSTYY ADSLKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCAKEV 100
 YGDYWGQGT LVTSSASTKG PSVFPLAPSS KSTSGGTAAL GCLVKDYFPE 150
 PVTYSWNSGA LTSGVHTFPA VLQSSGLYSL SSVVTVPSSS LGQTYICNV 200
 NHKPSNTKVD KRVEPKSCDK THTCPPCPAP EAAGGPSVFL FPPKPKDTLM 250
 ISRTPEVTCV VVDVSHEDPE VKFNWYVDGV EVHNAKTKPR EEQYNSTYRV 300
 VSVLTVLHQD WLNGKEYKCK VSNKALA~~A~~API EKTISKAKGQ PREPQVCTLP 350
 PSREEMTKNQ VSLSCAVKGF YPSDIAVEWE SNGQPENNYK TTPPVLDSDG 400
 SFFLVSKLTV DKSRWQQGNV FSCSVMEAL HNHYTQKSL SPSGK 445

Light chains / Chaînes légères / Cadenas ligeras

anti-IL-2-permuted IL-2 (L'):

AIRLTQSPSS FSASTGDRVT ITCKASQSDV YGGGNFHLRP RDLISNINVI 50
 VLELKGSETT FMCEYADETA TIVEFLNRWI TFSQSIISTL TPTSSSTKKT 100
 QLQLEHLLLD LQMILNGINN YKNPKLTRML TFKFYMPKKA TELKHLQCLE 150
 EELKPLEEVL NLAQSKGGGG DSYMNWYQQK PGKAPKLLIY AASNLESGVP 200
 SRFSGSGSGT DFTLTISLQ SEDFATYYCQ QSNEDPYTFG GGTKEIERT 250
 VAAPSVFIFP PSDEQLKSGT ASVVCLLNNF YPREAKVQWK VDNLQSGNS 300
 QESVTEQDSK DSTYSLSTL TSKADYEKH KVIACEVTHQ GLSSPVTKSF 350
 NRGEC 355

L^{'''} (anti-PD1):

RSVLTQPPSA SGTPGQRVSI SCSGASSNIG SQSVFWYQQL PGTA PKLLIY 50
 SNNQRPSGVP DRFSGSKSGT SASLAISGLR SEDEADYCA AWDDSLISIV 100
 FGGGKTTLTVL GQPKAAPSVT LFPPSPSEELQ ANKATLVCLI SDFYPGAVTV 150
 AWKADSSPVK AGVETTTFSK QSNNKYAASS YLSLTPEQWK SHRSYSCQVT 200
 HEGSTVEKTV APTECS 216

Mutations / Mutations / Mutaciones

H (anti-IL-2): L²³⁸>A, L²³⁹>A, P³³³>A, S³⁵⁸>C, T³⁷⁰>W
 H^{'''} (anti-PD1): L²³²>A, L²³³>A, P³²⁷>A, Y³⁴⁷>C, T³⁶⁴>S, L³⁶⁶>A, Y⁴⁰⁵>Y
 L' (permuted IL-2): C¹²⁵>S⁸³

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión

L' (anti-IL-2-permuted IL-2): ³²GGG³⁴, ¹⁶⁷GGG¹⁷⁰

Post- translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-chain: H (anti-IL-2): 22-96, 142-204, 265-325, 371-429

H^{'''} (anti-PD1): 22^{'''}-96^{'''}, 142^{'''}-198^{'''}, 259^{'''}-319^{'''}, 365^{'''}-423^{'''}

L' (anti-IL-2-permuted IL-2): 23'-229', 63'-148', 275'-335'

L^{'''} (anti-PD1): 22^{'''}-89^{'''}, 138^{'''}-197^{'''}

Inter-chain H- L': 224-355'

H^{'''}- L^{'''}: 218^{'''}-215^{'''}

H - H^{'''}: 230-224^{'''}, 233-227^{'''}, 358-347^{'''}

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

N301, N295^{'''}

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

K451, K445^{'''}

surbinsertibum

surbinsertib

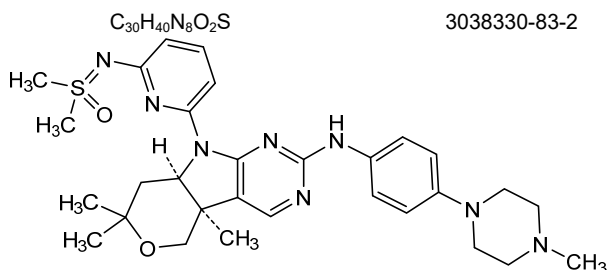
dimethyl[(6-((4b*R*,8a*R*)-4b,7,7-trimethyl-2-[4-(4-methylpiperazin-1-yl)anilino]-4b,7,8,8a-tetrahydropyrano[3',4':4,5]pyrrolo[2,3-*d*]pyrimidin-9(5*H*)-yl)pyridin-2-yl)imino]-λ⁶-sulfanone
serine/threonine kinase inhibitor, antineoplastic

surbinsertib

diméthyl[(6-((4b*R*,8a*R*)-4b,7,7-triméthyl-2-[4-(4-méthylpipérazin-1-yl)anilino]-4b,7,8,8a-tétrahydropyrano[3',4':4,5]pyrrolo[2,3-*d*]pyrimidin-9(5*H*)-yl)pyridin-2-yl)imino]-λ⁶-sulfanone
inhibiteur de kinases sérine/thréonine, antinéoplasique

surbinsertib

dimetil[(6-((4b*R*,8a*R*)-4b,7,7-trimetil-2-[4-(4-metilpiperazin-1-il)anilino]-4b,7,8,8a-tetrahidropirano[3',4':4,5]pirrolo[2,3-*d*]pirimidin-9(5*H*)-il)piridin-2-il)imino]-λ⁶-sulfanona
inhibidor de la kinasa de serina/treonina, antineoplásico

**susitabartum #**

susitabart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TM4SF1 (transmembrane 4 L6 family member 1)], humanized monoclonal antibody;
 gamma1 heavy chain humanized (1-450) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-18*01 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14, 6-G1v14-1 CH2 A1.3, A1.2, A1, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18, 16-G1v116 C84.4 (CH1 R120>K (217) (121-218), hinge 1-15 (219-233), CH2 L1.3>A (237), L1.2>A (238), G1>A (240), M15.1>Y (255), S16>T (257), T18>E (259), N84.4>C (300) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-213')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*02 (85.3%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (27'-31'.49'-51'.88'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213')]; dimer (229-229':232-232'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DG44, non-glycosylated
antineoplastic

susitabart

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TM4SF1 (membre 1 de la famille transmembranaire 4 L6)], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-18*01 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14, 6-G1v14-1 CH2 A1.3, A1.2, A1, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18, 16-G1v116 C84.4 (CH1 R120>K (217) (121-218), charnière 1-15 (219-233), CH2 L1.3>A (237), L1.2>A (238), G1>A (240), M15.1>Y (255), S16>T (257), T18>E (259),

N84.4>C (300) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-213')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*02 (85.3%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (27'-31'.49'-51'.88'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213')]; dimère (229-229":232-232")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DG44, non-glycosylé *antineoplasique*

susitabart

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TM4SF1 (miembro 1 de la familia transmembranaria 4 L6)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-450) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-18*01 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14, 6-G1v14-1 CH2 A1.3, A1.2, A1, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18, 16-G1v116 C84.4 (CH1 R120>K (217) (121-218), bisagra 1-15 (219-233), CH2 L1.3>A (237), L1.2>A (238), G1>A (240), M15.1>Y (255), S16>T (257), T18>E (259), N84.4>C (300) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-213')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*02 (85.3%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (27'-31'.49'-51'.88'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213')]; dímero (229-229":232-232")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DG44, forma no glicosilado *antineoplasico*

3095642-29-5

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H")

```
EVQLVQSGAE VKKPGASVKV SKASGYTFT NYGVKWRQA PGQGLEWMGW 50
INTYTGNIPI AADFKGRVTM TTDSTSTAY MELRSLRSDD TAVYYCVRFQ 100
YGDYRYFDVW GQGLTVTVSS ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK 150
DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT 200
YICNVNHKPS NTKVDKKVEP KSCDKTHTCP PCPAPEAAAGA PSVFLFPPKP 250
KDTLYITREP EVTCVVVDVS HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYC 300
STYRVVSVLT VLHQDWLNGK EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ 350
VYTLPPSREE MTKNQVSLTC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV 400
LDSDGSFFLY SKLTVDKSRW QQGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPGK 450
```

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L', L'")

```
EIVLTQSPAT LSLSPGERAT LSCRAQSGIS FINWYQQKPG QAPRLLIYGT 50
ANLASGIPAR FSGSGSGRDF TLTISSELEPE DFAVYYCQQW SSNPLTFGGG 100
TKVEIKRTVA APSVFIFPPS DEQLKSGTAS VVCLLNFPY REAKVQWQVD 150
NALQSGNSQE SVTEQDSKDS TYSLSTLTLL SKADYEKKHV YACEVTHQGL 200
SSPVTKSFNR GEC 213
```

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22"-96 147"-203 264"-324 370"-428
22"-96" 147"-203" 264"-324" 370"-428"

Intra-L (C23-C104) 23'-87' 133'-193'
23'''-87''' 133'''-193'''

Inter-H-L (h 5-CL 126) 223-213' 223"-213"

Inter-H-H (h 11, h 14) 229-229" 232-232"

No N-glycosylation sites / pas de sites de N-glycosylation / nenhum posição de N-glicosilació
H CH2 N84.4>C: 300, 300"

C-terminal lysine clipping / Coupeure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 450, 450"

susitabartum ponetansinum #
susitabart ponetansine

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TM4SF1 (transmembrane 4 L6 family member 1)], humanized monoclonal antibody; conjugated with the tubulin inhibitor *N*⁶-deacetylmaytansine, via a linker, at the two engineered cysteine sites 300 and 300"; gamma1 heavy chain humanized (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-18*01 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14, 6-G1v14-1 CH2 A1.3, A1.2, A1, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18, 16-G1v116 C84.4 (CH1 R120>K (217) (121-218), hinge 1-15 (219-233), CH2 L1.3>A (237), L1.2>A (238), G1>A (240), M15.1>Y (255), S16>T (257), T18>E (259), N84.4>C (300) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-213')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*02 (85.3%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (27'-31'.49'-51'.88'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213')]; dimer (229-229":232-232")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DG44, non-glycosylated; substituted at the sulfur atoms of the two cysteinyl residues 300 and 300" with (20S)-21-{{{(1⁴S, 1⁶S, 2^R, 3²S, 3³S, 4S, 10E, 12E, 14R)-8⁶-chloro-1⁴-hydroxy-8⁵, 14-dimethoxy-2, 3³, 7, 10-tetramethyl-1², 6-dioxo-7-aza-1(6,4)-[1,3]oxazinana-3(2,3)-oxirana-8(1,3)-benzenacyclotetradecaphane-10, 12-dien-4-yl]oxy}-19, 20-dimethyl-2, 18, 21-trioxo-6, 9, 12, 15-tetraoxa-3, 19-diazahenicosan-1-yl (*ponetansine*) groups
antineoplastic

susitabart ponétansine

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TM4SF1 (membre 1 de la famille transmembranaire 4 L6)], anticorps monoclonal humanisé; conjugué à l'inhibiteur de tubuline *N*⁶-désacétylmaytansine, via un coupleur, dans des deux sites artificiels de cystéine 300 et 300"; chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-18*01 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14, 6-G1v14-1 CH2 A1.3, A1.2, A1, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18, 16-G1v116 C84.4 (CH1 R120>K (217) (121-218), charnière 1-15 (219-233), CH2 L1.3>A (237), L1.2>A (238), G1>A (240), M15.1>Y (255), S16>T (257), T18>E (259), N84.4>C (300) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-213')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*02 (85.3%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (27'-31'.49'-51'.88'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens*

susitabart ponetansina

IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213'); dimère (229-229":232-232")-bisdisulfure; produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DG44, non-glycosylé; substitué aux atomes de soufre des deux résidus cystéinyle 300 et 300" avec des groupes (20S)-21-
 {{{(14S,16S,2R,32S,33S,4S,10E,12E,14R)-86-chloro-14-hydroxy-85,14-diméthoxy-2,33,7,10-tétraméthyl-12,6-dioxo-7-aza-1(6,4)-[1,3]oxazinana-3(2,3)-oxirana-8(1,3)-benzénacyclotétradécaphane-10,12-diène-4-yl]oxy}-19,20-diméthyl-2,18,21-trioxo-6,9,12,15-tétraoxa-3,19-diazahénicosan-1-yle (*ponétansine*)
antineoplasique

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TM4SF1 (miembro 1 de la familia transmembranaria 4 L6)], anticuerpo monoclonal humanizado; conjugado con el inhibidor de tubulina *N*²-desacetilmaitansina, a través de un conector, en los dos sitios diseñados de cisteína 300 y 300";
 cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-450) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-18*01 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens*IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14, 6-G1v14-1 CH2 A1.3, A1.2, A1, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18, 16-G1v116 C84.4 (CH1 R120>K (217) (121-218), bisagra 1-15 (219-233), CH2 L1.3>A (237), L1.2>A (238), G1>A (240), M15.1>Y (255), S16>T (257), T18>E (259), N84.4>C (300) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-213')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3-11*02 (85.3%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (27'-31'.49'-51'.88'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213'); dímero (229-229":232-232")-bisdisulfuro; producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DG44, forma no glicosilado; sustituido en los átomos de azufre de los dos residuos de cisteinilo 300 y 300" con grupos (20S)-21-
 {{{(14S,16S,2R,32S,33S,4S,10E,12E,14R)-86-cloro-14-hidroxi-2,33,7,10-tetrametil-85,14-dimetoxi-12,6-dioxi-7-aza-1(6,4)-[1,3]oxazinana-3(2,3)-oxirana-8(1,3)-bencenaciclótetradecafano-10,12-diene-4-il]oxi}-19,20-dimetil-2,18,21-trioxi-6,9,12,15-tetraoxa-3,19-diazahénicosan-1-ilo (*ponetansina*)
antineoplásico

3095642-30-8

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H⁺)
EVQLVQSGAE VKKPGASVKV SKASGYTFT NYGVKWRQA PGQGLEWMGW 50
INTYTGNIPIY AADFKGRVTM TTDSTSTAY MELRSLRSD TAVYICVRFQ 100
YGDYRYFDVW QGGLVTVSS ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAAAGCLVK 150
DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT 200
YICNVNHKPS NTKVDKKVEP KSCDKTHTCP PCPAPEAAGA PSVFLFPPKP 250
KDTLYITREP EVTCVVVDVS HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYC 300
STYRVVSVLT VHQDWLNGK EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ 350
VYTLPPSREE MTKNQVSLTC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTPPV 400
LDSGDSFFLY SKLTVDKSRW QQGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPGK 450

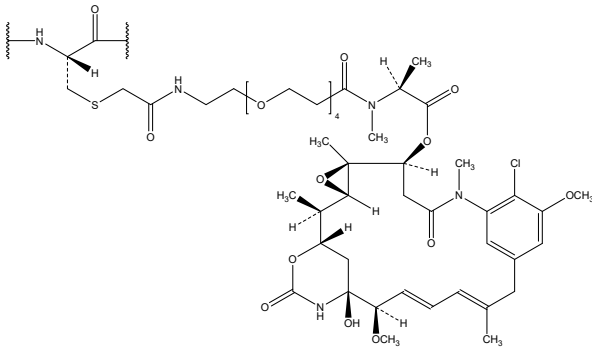
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L⁺)
EIVLTQSPAT LSLSPGERAT LSCRAQSGIS FINWYQQKPG QAPRLLIYGT 50
ANLASGIPAR FSGSGSRDF TLTISSLEPE DFAVYYCQQW SSNPLTFGGG 100
TKVEIKRTVA APSVFIFPPS DEQLKSGTAS VVCLLNNFYF REAKVQWKVD 150
NALQSGNSQE SVTEQDSKDS TYSLSSSTLT SKADYEKKHV YACEVTHQGL 200
SSPVTKSFNR GEC 213

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 147-203 264-324 370-428
22"-96" 147"-203" 264"-324" 370"-428"
Intra-L (C23-C104) 23'-87' 133'-193'
23'''-87''' 133'''-193'''
Inter-H-L (h 5-CL 126) 223-213' 223"-213"
Inter-H-H (h 11, h 14) 229-229" 232-232"

No N-glycosylation sites / pas de sites de N-glycosylation / ningún posición de N-glicosilación
H CH2 N84.4>C: 300, 300"

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 450, 450"

Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados*
C (300, 300")
*(ponetansine/mAb ~ 2/1)



suvomipicum
suvomipic

(2*E*)-3-(1-([3,5-bis(trifluoromethyl)phenyl]methyl))-1*H*-pyrrolo[2,3-*b*]pyridin-3-yl)-2-cyanoprop-2-enoic acid
mitochondrial pyruvate carrier (MPC) inhibitor

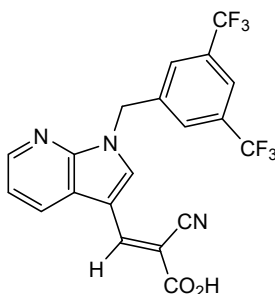
suvomipic

acide (2*E*)-3-(1-([3,5-bis(trifluorométhyl)phényl]méthyl))-1*H*-pyrrolo[2,3-*b*]pyridin-3-yl)-2-cyanoprop-2-énoïque
inhibiteur du transporteur mitochondrial du pyruvate (MPC)

suvomipic

ácido (2*E*)-3-(1-([3,5-bis(trifluorometil)fenil]metil))-1*H*-pirrolo[2,3-*b*]piridin-3-il)-2-cianoprop-2-enoico
inhibidor del transportador mitocondrial de piruvato (MPC)

C₂₀H₁₁F₆N₃O₂ 2260696-63-5



tapimrutidum
tapimrutide

L-histidyl-2-methylalanyl-L-histidylglycyl-L-threonyl-L-phenylalanyl-L-threonyl-L-seryl-L- α -aspartyl-L-tyrosyl-L-seryl-L-isoleucyl-2-methyl-L-leucyl-L-leucyl-L- α -glutamyl-N⁶-[(22S)-22,42-dicarboxy-10,19,24-trioxo-3,6,12,15-tetraoxa-9,18,23-triazadotetracontan-1-oyl]-L-lysyl-L-lysyl-L-alanyl-L-alanyl-L-glutaminy-L- α -glutamyl-L-phenylalanyl-L-valyl-L-glutamyl-L-tryptophyl-L-leucyl-L-leucyl-L-alanylglycylglycyl-L-prolyl-L-seryl-L-serylglycyl-L-alanyl-L-prolyl-L-prolyl-L-prolyl-L-serinamide
glucagon, gastric inhibitory polypeptide (GIP) and glucagon-like peptide 1 (GLP-1) receptor agonist, metabolic diseases

tapimrutide

L-histidyl-2-méthylalanyl-L-histidylglycyl-L-thréonyl-L-phénylalanyl-L-thréonyl-L-séryl-L- α -aspartyl-L-tyrosyl-L-séryl-L-isoleucyl-2-méthyl-L-leucyl-L-leucyl-L- α -glutamyl-N⁶-[(22S)-22,42-dicarboxy-10,19,24-trioxo-3,6,12,15-tétraoxa-9,18,23-triazadotétracontan-1-oyl]-L-lysyl-L-lysyl-L-alanyl-L-alanyl-L-glutaminy-L- α -glutamyl-L-phénylalanyl-L-valyl-L-glutamyl-L-tryptophyl-L-leucyl-L-leucyl-L-alanylglycylglycyl-L-prolyl-L-séryl-L-sérylglycyl-L-alanyl-L-prolyl-L-prolyl-L-prolyl-L-sérinamide
agoniste du glucagon, des récepteurs du peptide 1 similaire au glucagon (GLP-1) et du polypeptidique insulinothéropé dépendant du glucose (GIP), maladies métaboliques

tapimrutida

L-histidil-2-metilalanil-L-histidilglicil-L-treonil-L-fenilalanil-L-treonil-L-seril-L- α -aspartil-L-tirosil-L-seril-L-isoleucil-2-metil-L-leucil-L-leucil-L- α -glutamil-N⁶-[(22S)-22,42-dicarboxi-10,19,24-trioxo-3,6,12,15-tetraoxa-9,18,23-triazadotetracontan-1-oyl]-L-lisil-L-lisil-L-alanil-L-alanil-L-glutaminil-L- α -glutamil-L-fenilalanil-L-valil-L-glutamil-L-triptofil-L-leucil-L-leucil-L-alanilglicilglicil-L-prolil-L-seril-L-serilglicil-L-alanil-L-prolil-L-prolil-L-prolil-L-serinamida
agonista del glucagón, de los receptores del péptido 1 similar al glucagón (GLP-1) y del polipéptido inhibidor gástrico (GIP), enfermedades metabólicas

C₂₂₆H₃₄₉N₅₁O₆₈

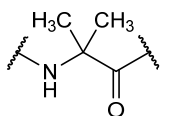
3080063-21-1

Sequence / Séquence / Secuencia

HAHGTFTSDY SILLEKKAAQ EFVEWLLAGG PSSGAPPPS—NH₂ 39

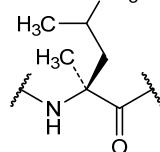
Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados

A(2) :



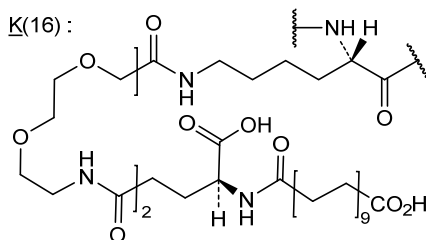
2-methyl-Ala, Aib

L(13) :



2-methyl-L-Leu

K(16) :

**tasafustobartum #**
tasafustobart

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* SIGLEC10 (sialic acid binding Ig-like lectin 10)], humanized monoclonal antibody; H-gamma4 heavy chain humanized (1-447) [VH (*Homo sapiens*IGHV2-5*08 (94.8%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (92.9%) M123>T (115), CDR-IMGT [10.7.12] (26-35.53-59.98-109)) (1-120) -*Homo sapiens*IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10 (CH1 (121-218), hinge 1-12 S10>P (228) (219-230), CH2 L92 (309) (231-340), CH3 (341-445), CHS (446-447)) (121-447)], (134-214')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3-15*01 (84.2%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191'')) (108'-214'')]; dimer (226-226'':229-229'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
immunostimulant

tasafustobart

immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* SIGLEC10 (Ig-like lectine 10 liant l'acide sialique)], anticorps monoclonal humanisé;
chaîne lourde H-gamma4 humanisée (1-447) [VH (*Homo sapiens*IGHV2-5*08 (94.8%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (92.9%) M123>T (115), CDR-IMGT [10.7.12] (26-35.53-59.98-109)) (1-120) -*Homo sapiens*IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10 (CH1 (121-218), charnière 1-12 S10>P (228) (219-230), CH2 L92 (309) (231-340), CH3 (341-445), CHS (446-447)) (121-447)], (134-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3-15*01 (84.2%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191'')) (108'-214'')]; dimère (226-226'':229-229'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
immunostimulant

tasafustobart

immunoglobulina G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* SIGLEC10 (Ig-like lectina 10 que se une al ácido siálico)], anticuerpo monoclonal humanizado;
cadena pesada H-gamma4 humanizada (1-447) [VH (*Homo sapiens*IGHV2-5*08 (94.8%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (92.9%) M123>T (115), CDR-IMGT [10.7.12] (26-35.53-59.98-109)) (1-120) -*Homo sapiens*IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10 (CH1 (121-

218), bisagra 1-12 S10>P (228) (219-230), CH2 L92 (309) (231-340), CH3 (341-445), CHS (446-447)) (121-447)], (134-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (84.2%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dímero (226-226":229-229")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa
inmunoestimulante

3082356-05-3

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H")
QVTLKESGPA LVKPTQTLTL TCTFSGFSL S TSGMGLSWIR QPPGKALEWL 50
AHIYWDHDKR YNPSLKSRLT ISKDTSKNQV VLTMTNMDPV DTATYYCVRG 100
LYGNWFFDWW GQGTTVTVSS ASTKGPSVFP LAPCSRSTSE STAALGCLVK 150
DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTKT 200
YTCNVDDHKPS NTKVDKRVES KYGPPCPPCP APEFLGGPSV FLFPKPDKT 250
LMISRTPEVT CVVVDVSQED PEVQFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQFNSTY 300
RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKGLPS SIEKTISKAK GQPREPQVYT 350
LPSPQEEMTK NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTTTPVLD S 400
DGSFFLYSRL TVDKSRWQEG NVFSCSVMHE ALHNHYTQKS LSLSLGK 447

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L', L'")
DIVMTQSPAT LSVSPGERAT LSCKASQNVG TAVAWYQQKP GQAPRLLIYS 50
ASNRYTGVPA RFSGSGSGTE FTLTISSLQS EDFAVYFCQQ YSSYPLTFGG 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSSLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-97 147-203 261-321 367-425
22"-97" 147"-203" 261"-321" 367"-425"
Intra-L (C23-C104) 23'-88' 134'-194'
23"'-88"" 134"'-194""
Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 134-214' 134"-214"
Inter-H-H (h 8, h 11) 226-226" 229-229"

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal
Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl) / pyroglutamide (pE, 5-oxopropyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)
H VH Q1: 1, 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 297, 297"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 447, 447"

tazbentetolum
tazbentetol

2-[2-(2-[2-(1,3-benzothiazol-2-yl)phenoxy]ethoxy)ethoxy]ethanol
neuroprotectant

tazbentétol

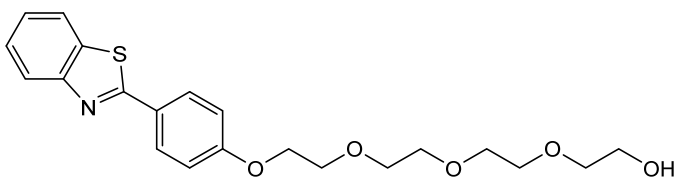
2-[2-(2-[2-(1,3-benzothiazol-2-yl)phénoxy]éthoxy)éthoxy]éthanol
neuroprotecteur

tazbentetol

2-[2-(2-[2-(1,3-benzotiazol-2-yl)fenoxi]etoxi)etoxi]etanol
neuroprotector

C₂₁H₂₅NO₅S

2274723-90-7

**technetium (^{99m}Tc) rectegatidum pecixetanum**technetium (^{99m}Tc) rectegatide pecixetan

{ $N^{6.5}, N^{6.5'}$ -[(N -{1-[6-(diazen-2-id-1-yl- κN^2)pyridin-3-yl]-1-oxo-5,8,11,14-tetraoxa-2-azaheptadecan-17-oyl]-L-glutamoyl}bis(1-amino-3,6,9,12-tetraoxapentadecan-15-oyl)]bis[1,5-anhydro(L-arginylglycyl-L- α -aspartyl-D-phenylalanyl-L-lysine)]}{ N -[1-hydroxy- κO -2-(hydroxymethyl)-3-oxido- κO -propan-2-yl]glycinato- $\kappa N, \kappa O$ }[3,3',3''-phosphanetriyl- κP -tri(benzene-1-sulfonic acid)](^{99m}Tc)technetium
integrin-binding peptide, radiodiagnostic agent

technétium (^{99m}Tc) rectégatide péci-xétan

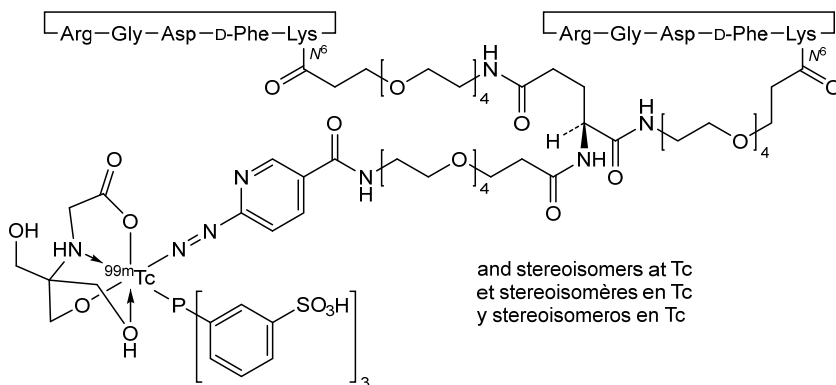
{ $N^{6.5}, N^{6.5'}$ -[(N -{1-[6-(diazén-2-id-1-yl- κN^2)pyridin-3-yl]-1-oxo-5,8,11,14-tétraoxa-2-azaheptadécan-17-oyl]-L-glutamoyl}bis(1-amino-3,6,9,12-tétraoxapentadécan-15-oyl)]bis[1,5-anhydro(L-arginylglycyl-L- α -aspartyl-D-phénylalanyl-L-lysine)]}{ N -[1-hydroxy- κO -2-(hydroxyméthyl)-3-oxido- κO -propan-2-yl]glycinato- $\kappa N, \kappa O$ }[acide 3,3',3''-phosphanetriyl- κP -tri(benzène-1-sulfonique)](^{99m}Tc)technétium
peptide se liant aux intégrines, agent radiodiagnostique

tecnecio (^{99m}Tc) rectegatida pecixetán

{ $N^{6.5}, N^{6.5'}$ -[(N -{1-[6-(diazén-2-id-1-il- κN^2)piridin-3-il]-1-oxo-5,8,11,14-tetraoxa-2-azaheptadecan-17-oil]-L-glutamoi]bis(1-amino-3,6,9,12-tetraoxapentadecan-15-oil)]bis[1,5-anhidro(L-arginilglicil-L- α -aspartil-D-fenilalanil-L-lisina)]}{ N -[1-hidroxi- κO -2-(hidroximetil)-3-oxido- κO -propan-2-il]glicinato- $\kappa N, \kappa O$ }[ácido 3,3',3''-fosfanotriil- κP -tri(benceno-1-sulfónico)](^{99m}Tc)tecnecio
péptido de unión a integrina, agente de radiodiagnóstico

 $\text{C}_{122}\text{H}_{178}\text{N}_{26}\text{O}_{46}\text{PS}_3\text{Tc}$

1622444-06-7



tecoretgenum parvecum #
tecoretgene parvec

recombinant non-replicating adeno-associated virus serotype 5 (rAAV5) vector encoding human retinal guanylate cyclase 2D (GUCY2D; LCA1, retinal guanylyl cyclase 1, RETGC-1), preceded by a Simian virus 40 donor/splice acceptor element plus Kozak sequence, with expression under control of a human rhodopsin kinase 1 (hGRK1) promoter and a bovine growth hormone (bGH) polyadenylation signal (polyA); flanked by AAV2 inverted terminal repeats (ITRs)
gene therapy (Leber congenital amaurosis type 1)

técoretgène parvec

vecteur de virus adéno-associé de sérotype 5 recombinant (rAAV5), non réplcatif, codant la guanylate cyclase rétinienne 2D humaine (GUCY2D; LCA1, guanylyl cyclase rétinienne 1, RETGC-1), précédée d'un élément donneur/accepteur d'épissage du virus simien 40 et d'une séquence de Kozak, dont l'expression est sous le contrôle d'un promoteur de la rhodopsine kinase 1 humaine (hGRK1) et d'un signal de polyadénylation (polyA) de l'hormone de croissance bovine (bGH); flanqué de répétitions terminales inversées (ITRs) d'AAV2
thérapie génique (amaurose congénitale de Leber type 1)

tecoretgén parvec

vector de virus adenoasociado del serotipo 5 recombinante (rAAV5), no replicativo, que codifica la guanilato ciclase retinal 2D (GUCY2D; LCA1; guanilil ciclase retinal 1, RETGC-1) humana, precedido por un elemento donante/aceptor del procesamiento del virus simio 40 más una secuencia Kozak, con expresión bajo el control de un promotor de la rodopsina quinasa 1 humana (hGRK1) y una señal de poliadenilación (poliA) de la hormona de crecimiento bovina (bGH); flanqueado por repeticiones terminales invertidas (ITRs) del AAV2
terapia génica (amaurosis congénita de tipo 1 de Leber)

3085533-26-9

tesrakitugum #
tesrakitug

immunoglobulin G2-kappa, anti-[*Homo sapiens* L1R1 (interleukin1 receptor type 1, IL-1R1, p80, CD121a)],
Homo sapiens monoclonal antibody;

	H-gamma2 heavy chain <i>Homo sapiens</i> (1-444) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV5-51*01 (87.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -<i>Homo sapiens</i> IGHG2*01 (100%) G2m.. CH2 V45.1 (CH1 (119-216), hinge 1-12 (217-228), CH2 V45.1 (279) (229-337), CH3 (338-442), CHS (443-444)) (119-444)], (132-214')-disulfide with L-kappa light chain <i>Homo sapiens</i> (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV6-21*01 (98.9%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimer (220-220":221-221":224-224":227-227")-tetrakisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DG44, glycoform alfa <i>immunomodulator</i>
tesrakitug	immunoglobuline G2-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> IL1R1 (récepteur de type 1 de l'interleukine1, IL-1R1, p80, CD121a)], anticorps monoclonal <i>Homo sapiens</i> chaîne lourde H-gamma2 <i>Homo sapiens</i> (1-444) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV5-51*01 (87.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -<i>Homo sapiens</i> IGHG2*01 (100%) G2m.. CH2 V45.1 (CH1 (119-216), charnière 1-12 (217-228), CH2 V45.1 (279) (229-337), CH3 (338-442), CHS (443-444)) (119-444)], (132-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa <i>Homo sapiens</i> (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV6-21*01 (98.9%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214') dimère (220-220":221-221":224-224":227-227")-tétrakisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DG44, glycoforme alfa <i>immunomodulateur</i>
tesrakitug	immunoglobulina G2-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> IL1R1 (receptor de tipo 1 de la interleukina1, IL-1R1, p80, CD121a)], anticuerpo monoclonal <i>Homo sapiens</i> cadena pesada H-gamma2 <i>Homo sapiens</i> (1-444) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV5-51*01 (87.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -<i>Homo sapiens</i> IGHG2*01 (100%) G2m.. CH2 V45.1 (CH1 (119-216), bisagra 1-12 (217-228), CH2 V45.1 (279) (229-337), CH3 (338-442), CHS (443-444)) (119-444)], (132-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa <i>Homo sapiens</i> (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV6-21*01 (98.9%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214') dímero (>220-220":221-221":224-224":227-227")-tetrakisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DG44, forma glicosilada alfa <i>immunomodulador</i>

3078753-82-6

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H")
EVQLMQSGAE VKKPGESLKI SCKGSGYSFS FHWIAWVRQM PGKGLEWMGI 50
IHPGASDTRY SPSFQGVVTI SADNSNSATY LQWSSLKASD TAMYFCARQR 100
ELDYFDYWQQ GTLVTVSSAS TKGPSVFPLA PCSRSTSEST AALGCLVKDY 150
FPEPVTVSWN SGALTSKVHT FFAVLQSSGL YSLSSVVTVP SSNFGTQTYT 200
CNVDHKPSNT KVDKTVERKC CVECPCPPAP PVAGPSVFLF PPKPKDTLMI 250
SRTPEVTCVV VDVSHEDPEV QFNWYVDGVE VHNAKTKPRE EQFNSTFRVV 300
SVLTVVHQDW LNGKEYKCKV SNKGLPAPIE KTISKTKGQP REPQVYTLPP 350
SREEMTKNQV SLTCLVKGFY PSDIAVEWES NGQPENNYKT TPPMLDSDGS 400
FFLYSKLTVD KSRWQQGNVF SCSVMHEALH NHYTQKLSL SPKG 444

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L', L'")
EIVLTQSPDF QSVTPKEKVT ITCRASQSIG SSLHWYQQKP DQSPKLLIKY 50
ASQSFSGVPS RFSGSGSGTD FTLTINSLEA EDAAAYYCHQ SSSLPLTFGG 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEC 214

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 145-201 258-318 364-422
22"-96" 145"-201" 258"-318" 364"-422"
Intra-L (C23-C104) 23'-88' 134'-194'
23'"-88'" 134'"-194'"
Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 132-214' 132"-214"
Inter-H-H (h 4, h 5, h 8, h11) 220-220" 221-221" 224-224" 227-227"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 294, 294"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 444, 444"

tifimomeranum
tifimomeran

messenger RNA (mRNA), 5' capped, containing a concatemeric sequence encoding two antigenic peptides, one derived from the immunogenic indoleamine 2,3-dioxygenase 1 (IDO1) and the other one from the programmed death ligand-1 (PD-L1, PDL1, CD274) protein, repeated four times.
The coding region is flanked by an artificial 5' untranslated region (UTR) and by a 3' UTR derived from the human haemoglobin subunit alpha (*HBA1*) gene and is terminated at the 3' end with a polyadenylation (poly A) tail; contains *N*¹-methylpseudouridine instead of uridine (*all-U>m1Ψ*)
antineoplastic

tifimoméran

ARN messenger (ARNm), coiffé en 5', contenant une séquence concatémérique codant pour deux peptides antigéniques, l'un dérivé de l'indoléamine 2,3-dioxygénase 1 (IDO1) immunogène, et l'autre, de la protéine ligand de mort programmée 1 (PD-L1, PDL1, CD274), répété quatre fois.
La région codante est flanquée d'une région non traduite (UTR) artificielle en 5' et d'une UTR dérivée du gène de la sous-unité alpha de l'hémoglobine humaine (*HBA1*) en 3' et se termine à son extrémité 3' par une queue de polyadénylation (polyA); contient de la *N*¹-méthylpseudouridine à la place de l'uridine (*tout-U>m1Ψ*)
antineoplasique

tifimomerán

ARN mensajero (ARNm), protegido con caperuza en 5', que contiene una secuencia concatamérica que codifica dos péptidos antigénicos, uno derivado de la indolamina 2,3-dioxigenasa 1 (IDO1) inmunogénica y el otro del ligando de muerte programada 1 (PD-L1, PDL1, CD274), repetidos cuatro veces.

La región codificante está flanqueada por una región sin traducir (UTR) artificial en 5' y por una UTR derivada del gen de la subunidad alfa de la hemoglobina humana (*HBA1*) en 3' y está terminada en el final 3' con una cola de poliadenilación (poliA); contiene *N*¹-metilpseudouridina en lugar de uridina (*todo-U>m¹Ψ*)

antineoplásico

3086620-86-9

tigitamigum

tigitamig

immunoglobulin (H-gamma1_L-kappa)_scFv_hk-G1(h-CH2-CH3), anti-[*Homo sapiens* MS4A1 (membrane-spanning 4-domains subfamily A member 1, CD20)] and anti-[*Homo sapiens* CD28 (T cell specific surface glycoprotein CD28, TP44)], humanized and *Homo sapiens* monoclonal antibody, bispecific;

H-gamma1 heavy chain anti-MS4A1 humanized hole (H) (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*01 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ6*05 (92.3%) A127>S (121), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, 6-G1v14-67 CH2 A1.3, A1.2, S27, 14-G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole), 10-G1v83 CH3 R115, F116 (CH1 R120>K (219) (123-220), hinge 1-15 (221-235), CH2 L1.3>A (239), L1.2>A (240), D27>S (270) (236-345), CH3 E12 (361), M14 (363), T22>S (371), L24>A (373), Y86>V (412), H115>R (440), Y116>F (441) (346-450), CHS (451-452)) (123-452)], (225-213')-disulfide with L-kappa light chain anti-MS4A1 humanized (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*01 (91.1%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (27'-31'-49'-51'-88'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213')];

fused scFv_hk-G1(h-CH2-CH3) heavy chain anti-CD28 *Homo sapiens* knob (H") (1"-478") [scFv_hk anti-CD28 *Homo sapiens* (1"-246") [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.14] (26"-33".51"-58".97"-110") K48>C (43")) (1"-121") -18-mer (triglycyl-seryl-diglycyl-seryl-diglycyl-cysteiny C10 (131")-diprollyl-cysteiny C13 (134")-diglycyl-seryl-diglycyl) linker (122"-139") -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (98.9%) -IGKJ2*02 (90.9%) Q120>C (239"), CDR-IMGT [6.3.9] (166"-171".189"-191".228"-236")) (140"-246")] -*Homo sapiens* IGHG1*03v h-CH2-CH3-CHS, nG1m1 CH3 E12, M14, 15-G1v37 h S5, 6-G1v14-67 CH2 A1.3, A1.2, S27, 14-G1v32 CH3 W22 (knob) (hinge 1-15 C5>S (251") (247"-261"), CH2 L1.3>A (265), L1.2>A (266), D27>S (296) (262"-371"), CH3 E12 (387"), M14 (389"), T22>W (397") (372"-476"), CHS (477"-478")) (247"-478")]; dimer (231-257":234-260")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa

antineoplastic

tigitamig

immunoglobuline (H-gamma1_L-kappa)_scFv_hk-G1(h-CH2-CH3), anti-[*Homo sapiens* MS4A1 (membre 1 de la sous-famille A à 4 domaines transmembranaires, CD20)] et anti-[*Homo sapiens* CD28 (glycoprotéine de surface CD28 spécifique des cellules T, TP44)], anticorps monoclonal humanisé et *Homo sapiens*, bispécifique;

chaîne lourde H-gamma1 anti-MS4A1 humanisée hole (H) (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*01 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ6*05 (92.3%) A127>S (121), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, 6-G1v14-67 CH2 A1.3, A1.2, S27, 14-G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole), 10-G1v83 CH3 R115, F116 (CH1 R120>K (219) (123-220), charnière 1-15 (221-235), CH2 L1.3>A (239), L1.2>A (240), D27>S (270) (236-345), CH3 E12 (361),

- M14 (363), T22>S (371), L24>A (373), Y86>V (412), H115>R (440), Y116>F (441) (346-450), CHS (451-452)) (123-452)], (225-213')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa anti-MS4A1 humanisée (H') (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*01 (91.1%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (27'-31'.49'-51'.88'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213')]; chaîne lourde fusionnée scFv_hk-G1(h-CH2-CH3) anti-CD28 *Homo sapiens* knob (H'') (1''-478'') [scFv_hk anti-CD28 *Homo sapiens* (1''-246'') [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.14] (26''-33''.51''-58''.97''-110'') K48>C (43'')] (1''-121'')]-18-mer (triglycyl-séryl-diglycyl-séryl-diglycyl-cystéinyl C10 (131'')-dipropyl-cystéinyl C13 (134'')-diglycyl-séryl-diglycyl) coupleur (122''-139'') -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (98.9%) -IGKJ2*02 (90.9%) Q120>C (239''), CDR-IMGT [6.3.9] (166''-171''.189''-191''.228''-236'')) (140''-246'')] -*Homo sapiens* IGHG1*03v h-CH2-CH3-CHS, nG1m1 CH3 E12, M14, 15-G1v37 h S5, 6-G1v14-67 CH2 A1.3, A1.2, S27, 14-G1v32 CH3 W22 (knob) (charnière 1-15 C5>S (251'') (247''-261''), CH2 L1.3>A (265), L1.2>A (266), D27>S (296) (262''-371''), CH3 E12 (387''), M14 (389''), T22>W (397'') (372''-476''), CHS (477''-478'')) (247''-478'')]; dimère (231-257'':234-260'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa *antineoplasique*
- tigritamig immunoglobulina (H-gamma1_L-kappa), scFv_hk-G1(h-CH2-CH3), anti-[*Homo sapiens* MS4A1 (miembro 1 de la subfamilia A con 4 dominio transmembranarios, CD20)] y anti-[*Homo sapiens* CD28 (glicoproteína de superficie CD28 específica de las células T, TP44)], anticuerpo monoclonal humanizado y *Homo sapiens*, biespecífico; cadena pesada H-gamma1 anti-MS4A1 humanizada hole (H) (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*01 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ6*05 (92.3%) A127>S (121), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, 6-G1v14-67 CH2 A1.3, A1.2, S27, 14-G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole), 10-G1v83 CH3 R115, F116 (CH1 R120>K (219) (123-220), bisagra 1-15 (221-235), CH2 L1.3>A (239), L1.2>A (240), D27>S (270) (236-345), CH3 E12 (361), M14 (363), T22>S (371), L24>A (373), Y86>V (412), H115>R (440), Y116>F (441) (346-450), CHS (451-452)) (123-452)], (225-213')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa anti-MS4A1 humanizada (H') (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*01 (91.1%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (27'-31'.49'-51'.88'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213')]; cadena pesada fusionada scFv_hk-G1(h-CH2-CH3) anti-CD28 *Homo sapiens* knob (H'') (1''-478'') [scFv_hk anti-CD28 *Homo sapiens* (1''-246'') [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.14] (26''-33''.51''-58''.97''-110'') K48>C (43'')] (1''-121'')]-18-mer (triglicil-seril-diglicil-seril-diglicil-cisteinil C10 (131'')-dipropil-cisteinil C13 (134'')-diglicil-seril-diglicil) enlace (122''-139'') -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (98.9%) -IGKJ2*02 (90.9%) Q120>C (239''), CDR-IMGT [6.3.9] (166''-171''.189''-191''.228''-236'')) (140''-246'')] -*Homo sapiens* IGHG1*03v h-CH2-CH3-CHS, nG1m1 CH3 E12, M14, 15-G1v37 h S5, 6-G1v14-67 CH2 A1.3, A1.2, S27, 14-G1v32 CH3 W22 (knob) (bisagra 1-15 C5>S (251'') (247''-261''), CH2 L1.3>A (265), L1.2>A (266), D27>S (296) (262''-371''), CH3 E12 (387''), M14 (389''), T22>W (397'') (372''-476''), CHS (477''-478'')) (247''-478'')]; dímero (231-257'':234-260'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa *antineoplásico*

3060438-41-4

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: H-gamma1 anti-MS4A1 (hole) (H)		
QVQLVQSGAE	VKKPGSSVKV	SCKASGYTFS
IYPGAGDTSY	AQKFQGRVTI	TADESTSTAY
YYGSSGWYFD	VWGKGTTVTV	SSASTKGPSV
VKDYFPEPVT	VSWSNGALTS	GVHTFPAVLQ
QTYICNVNHK	PSNTKVDKKV	EPKSCDKTHT
KPKDTLMISR	TPEVTCVVVS	VSHEDPEVKF
YNSTYRVVSV	LTVLHQDWLN	GKEYKCKVSN
PQVYTLPPSR	EEMTKNQVSL	SCAVKGFYPS
PVLDSGGSFF	LVSKLTVDKS	RWQQGNVFSC
GK		
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: L-kappa anti-MS4A1 (L')		
EIVLTQSPAT	LSLSPGERAT	LSCRASLSVS
SNLASGIPAR	FSGSGSGTDF	TLTISSLEPE
TKVETIKRTVA	APSVFIFPPS	DEQLKSGTAS
NALQSGNSQE	SVTEQDSKDS	TYSLSTLTTL
SSPVTKSFNR	GEC	

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: scFvhk-G1(h-CH2-CH3) anti-CD28 (knob) (H')		
EVQLLESGGG	LVQPGGSLRL	SCAASGYTFS
ISGSGDSTYY	ADSVKGRFTI	SRDNSKNTLY
PGLRQVGFDY	WGQGLTVTVS	SGGGSGSGGG
SASVGRDRTI	TCRASQSISS	YLNWYQQKPG
FSGSGSGTDF	TLTISSLQPE	DFATYYCQQV
SDKTHTCPPC	PAPEAAGGPS	VFLFPPKPKD
DPEVKFNWYV	DGVEVHNAKT	KPREEQYNST
KCKVSNKALP	APIEKTISKA	KGQPREPQVY
KGFYPDIAV	EWESNGQPEN	NYKTTTPPVL
GNVFSCVMH	EALHNHYTQK	SLSLSPGK

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22"-96" 149-205 266-326 372-430
Intra-H" (C23-C104) 22"-96" 162"-227" 292"-352" 398"-456"
Intra-L' (C23-C104) 23'-87' 133'-193'
Intra-H" (VH C48-linker C10)* 43"-131"
Intra-H" (linker C13-VL C120)* 134"-239"
Inter-H-L' (h 5-CL 126) 225-213'
Inter-H-H" (h 11, h 14) 231-257" 234-260"
*Engineered additional disulfide bonds to stabilize the scFv (variant 11-scFv-v4).

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal
Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl) / pyroglutamide (pE, 5-oxopropyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)
H VH Q1: 1

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 302, 328"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenaríos complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 452, 478"

tisbesiranum
tisbesiran

*all-P-ambo-O-(1,4:3,6-dianhydro-2-deoxy-D-mannitol-2-yl) hydrogen 5'-O-
-[(5-O-[[[1-(1-[(2-acetamido-2-deoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]-9,13-bis[2-
-[(2-[(2-acetamido-2-deoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]ethoxy)ethyl)amino]-2-oxoethyl]-7,14-dioxo-3-oxa-
6,9,13-triazaoctadecan-18-oyl)piperidin-4-yl]oxy](hydroxy)phosphorothioyl]-1,4:3,6-dianhydro-D-mannitol-2-O-
yl](hydroxy)phosphorothioyl]-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-
methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-
(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-
methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-
fluorouridylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-*

fluoroguananylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-
fluoroguananylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-
(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-
methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methyl-*P*-
thioadenylyl-(3'→5')-2'-O-methyl-*P*-thio-3'-adenylate,
duplex with all-*P*-ambo-2'-O-methyl-*P*-thiocytidylyl-(5'→3')-2'-O-methyl-*P*-
thiouridylyl-(5'→3')-2'-O-methylcytidylyl-(5'→3')-2'-O-methyluridylyl-(5'→3')-
2'-O-methylcytidylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(5'→3')-2'-O-
methyladenylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluorouridylyl-(5'→3')-2'-O-
methyladenylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroguananylyl-(5'→3')-2'-O-
methylcytidylyl-(5'→3')-2'-O-methyluridylyl-(5'→3')-2'-O-methylcytidylyl-
(5'→3')-2'-O-methylcytidylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroguananylyl-(5'→3')-2'-
O-methyluridylyl-(5'→3')-2'-O-methylguanylyl-(5'→3')-2'-O-methyluridylyl-
(5'→3')-2'-O-methyl-*P*-thioadenylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoro-*P*-thiouridylyl-
(5'→3')-2'-O-methyluridine
apolipoprotein(a) synthesis inhibitor

tisbésiran

tout-P-ambo-O-(1,4;3,6-dianhydro-2-désoxy-D-mannitol-2-yl) hydrogène 5'-O-[[5-O-[[[1-(1-[(2-acétamido-2-désoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]-9,13-bis[2-[[[2-(2-[(2-acétamido-2-désoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]éthoxy)éthyl)amino]-2-oxoéthyl]-7,14-dioxo-3-oxa-6,9,13-triazaoctadécane-18-oyl]pipéridine-4-yl]oxy](hydroxy)phosphorothioyl]-1,4;3,6-dianhydro-D-mannitol-2-O-yl](hydroxy)phosphorothioyl]-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluorouridylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroguanilyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroguanilyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthyl-P-thioadénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyl-P-thio-3'-adénylate, duplex avec *tout-P-ambo-2'-O-méthyl-P-thiocytidylyl*-(5'→3')-2'-O-méthyl-P-thiouridylyl-(5'→3')-2'-O-méthylcytidylyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridylyl-(5'→3')-2'-O-méthylcytidylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoroadénylyl-(5'→3')-2'-O-méthyladénylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluorouridylyl-(5'→3')-2'-O-méthyladénylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoroguanilyl-(5'→3')-2'-O-méthylcytidylyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridylyl-(5'→3')-2'-O-méthylcytidylyl-(5'→3')-2'-O-méthylcytidylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoroguanilyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridylyl-(5'→3')-2'-O-méthylguanylyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridylyl-(5'→3')-2'-O-méthyl-P-thioadénylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoro-P-thiouridylyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridine

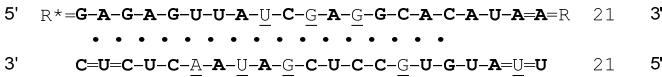
inhibiteur de la synthèse de l'apolipoprotéine(a)

tisbesirán

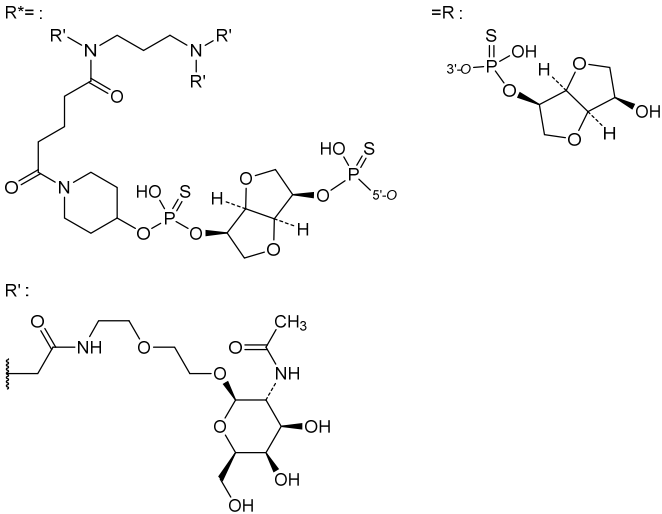
todo-P-ambo-O-(1,4:3,6-dianhidro-2-desoxi-D-manitol-2-il) hidrógeno 5'-O-[[5-O-[[[1-(-1)-[2-acetamido-2-desoxi-β-D-galactopiranosil)oxi]-9,13-bis[2-[[2-(2-[[2-acetamido-2-desoxi-β-D-galactopiranosil)oxi]etoxi]etil)amino]-2-oxoetil]-7,14-dioxo-3-oxa-6,9,13-triazaoctadecan-18-ol]piperidin-4-il]oxi](hidroxil)fosforotioil]-1,4:3,6-dianhidro-D-manitol-2-O-il](hidroxil)fosforotioil]-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorouridilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroguanilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroguanilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metil-*P*-tioadenilil-(3'→5')-2'-O-metil-*P*-tio-3'-adenilato, dúplex con *todo-P-ambo-2'-O-metil-P-tiocitidilil*-(5'→3')-2'-O-metil-*P*-tiouridilil-(5'→3')-2'-O-metilcitidilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-2'-O-

metilcitidilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluoroadenilil-(5'→3')-2'-O-metiladenilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluorouridilil-(5'→3')-2'-O-metiladenilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluoroguanilil-(5'→3')-2'-O-metilcitidilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-2'-O-metilcitidilil-(5'→3')-2'-O-metilcitidilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluoroguanilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-2'-O-metilguanilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-2'-O-metil-*P*-tioadenilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluoro-*P*-tiouridilil-(5'→3')-2'-O-metiluridina
inhibidor de la síntesis de apolipoproteína(a)

C₅₀₀H₆₆₈F₈N₁₆₅O₃₁₅P₄₃S₈ 2959546-45-1



N : nucleoside / nucléoside / nucleósido
N : 2'-deoxy-2'-fluoro-N / 2'-désoxy-2'-fluoro-N / 2'-desoxi-2'-fluoro-N
N : 2'-O-methyl-N / 2'-O-méthyl-N / 2'-O-metil-N
 - : -PO(OH)-
 = : -PS(OH)-



tivunatamigum #
 tivunatamig

immunoglobulin [VH-G4(CH1)(L-kappa)-15mer-H-gamma4_L-kappa]dimer, anti-[*Homo sapiens* PDCD1 (programmed cell death 1, PD-1, PD1, CD279)] and anti-[*Homo sapiens* VEGFA (vascular endothelial growth factor A, VEGF-A, VEGF)], humanized monoclonal antibody, bispecific, tetravalent; heavy chain VH-G4(CH1) humanized anti-PDCD1 -15mer-H-gamma4 humanized anti-VEGFA (H) (1-681) [VH-G4(CH1) humanized anti-PDCD1 (1-216) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (88.7%) -IGHD -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG4*01 (CH1 (119-216))] -15-mer tris(tetraglycyl-seryl) linker (217-231) -H-gamma4 humanized anti-VEGFA (232-681) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*02 (75.8%) -IGHD -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.9.16] (257-264.282-290.328-343)) (232-354) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10 (CH1 (355-452), hinge 1-12 S10>P (462) (453-464), CH2 L92 (543) (465-574), CH3 (575-679), CHS (680-681)) (355-681)]; (132-214')-disulfide with light chain

	common L-kappa humanized (L') (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-33*01 (88.4%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'- 214'))]; (368-214''')-disulfide with light chain common L-kappa humanized (L''') (1'''-214''') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-33*01 (88.4%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'''-32'''-52'''-52'''-89'''-97''')) (1'''-107''') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'''), V101 (191''')) (108'''- 214''')]; dimer (460-460":463-463")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from CHO-K1 cell line, lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, glycoform alfa <i>antineoplastic</i>
tivunatamig	immunoglobuline [VH-G4(CH1)(L-kappa)-15mer-H-gamma4_L-kappa]dimère, anti-[<i>Homo sapiens</i> PDCD1 (protéine 1 de mort cellulaire programmée, PD-1, PD1, CD279)] et anti-[<i>Homo sapiens</i> VEGFA facteur de croissance A de l'endothélium vasculaire, VEGF-A, VEGF)], anticorps monoclonal humanisé bispécifique, tétravalent; chaîne lourde VH-G4(CH1) humanisé anti-PDCD1 -15mer -H-gamma4 humanisée anti-VEGFA (H) (1-681) [VH-G4(CH1) humanisé anti-PDCD1 (1-216) [VH (<i>Homo sapiens</i>IGHV3-23*04 (88.7%) -IGHD -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -<i>Homo sapiens</i> IGHG4*01 (CH1 R120 (215')) (119-216)]] -15-mer tris(tétraglycyl-séryl) linker (217-231) -H-gamma4 humanisée anti-VEGFA (232-681) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-30*02 (75.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.9.16] (257-264.282-290.328-343)) (232-354) -<i>Homo sapiens</i> IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10 (CH1 (355-452), charnière 1-12 S10>P (462) (453-464), CH2 L92 (543) (465-574), CH3 (575-679), CHS (680-681)) (355-681)]]]; (132-214')-disulfure avec la chaîne légère commune L-kappa humanisée (L') (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-33*01 (88.4%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'- 214'))]; (368-214''')-disulfure avec la chaîne légère commune L-kappa humanisée (L''') (1'''-214''') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-33*01 (88.4%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'''-32'''-50'''-52'''-89'''-97''')) (1'''-107''') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'''), V101 (191''')) (108'''-214''')]; dimère (460-460":463-463")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, ne présentant pas le gène de la glutamine synthétase (GS-KO), glycoforme alfa <i>antinéoplasique</i>
tivunatamig	immunoglobulina [VH-G4(CH1)(L-kappa)-15mer-H-gamma4_L-kappa]dímero, anti-[<i>Homo sapiens</i> PDCD1 (proteína 1 de muerte celular programada, PD-1, PD1, CD279)] y anti-[<i>Homo sapiens</i> VEGFA factor de crecimiento A del endotelio vascular, VEGF-A, VEGF)], anticuerpo monoclonal humanizado biespecífico, tetravalente; cadena pesada VH-G4(CH1) humanizada anti-PDCD1 -15mer -H-gamma4 humanizada anti-VEGFA (H) (1-681) [VH-G4(CH1) humanizado anti-PDCD1 (1-216) [VH (<i>Homo sapiens</i>IGHV3-23*04 (88.7%) -IGHD -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -<i>Homo sapiens</i> IGHG4*01 (CH1 R120 (215')) (119-216)]] -15-mer tris(tetraglicil-seril) enlace (217-231) -H-

gamma4 humanizada anti-VEGFA (232-681) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-30*02 (75.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.9.16] (257-264.282-290.328-343)) (232-354) -*Homo sapiens*IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10 (CH1 (355-452), bisagra 1-12 S10>P (462) (453-464), CH2 L92 (543) (465-574), CH3 (575-679), CHS (680-681)) (355-681)]]; (132-214')-disulfuro con la cadena ligera común L-kappa humanizada (L') (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-33*01 (88.4%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; (368-214''')-disulfuro con la cadena ligera común L-kappa humanizada (L'') (1'''-214''') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-33*01 (88.4%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'''-32''' .50'''-52''' .89'''-97''')) (1'''-107''') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'''), V101 (191''')) (108'''-214''')]; dímero (460-460''':463-463'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, en ausencia del gen de la glutamina sintetasa (GS-KO), forma glicosilada alfa *antineoplásico*

3077182-88-5

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: VH-G4(CH1) anti-PDCD1 -15mer
-H-gamma4 anti-VEGFA (H, H'')

```
EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFVFS NYDMSWVRQA PGKRLWVAT 50
ISGGGGYTY YSDSVKGRFTI SRDNAKNSLY LQMNSLRAED TAVYYCASPY 100
GHYGFYEWGQ GTLTVSSAS TKGPSVFPLA PCSRSTSEST AALGCLVKDY 150
FPEPVTYSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL YSLSSVTVTP SSSLGKTITY 200
CNVDHKPSNT KVDKRVGGGG SGGGGSGGGG SEVQLVESGG GLVQPGGSLR 250
LSCAASGYDF THYGMNWVRQ APGKGLEWVG WINTYTGEP YAADFKRRFT 300
FSLDTSKSTA YLQMNSLRAE DTAIVYCAKY PYYTGTSHWY FDVWGQGLTV 350
TVSSASTKGP SVFPLAPCSR STSESTAALG CLVKDYFPEP VTVSWNSGAL 400
TSGVHTFPFV LQSSGLYSLS SVVTVPSSSL GTKTYTCNVD HKPSNTKVDK 450
RVESKYGPCC PPCPAPEFLG GPSVFLFPPK PKDTLMISRT PEVTCVVVDV 500
SQEDPEVQFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQF NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG 550
KEYKCKVSNK GLPSSIEKTI SKAKGQPREP QVYTLPPSQE EMTKNQVSLT 600
CLVKGFFPSD IAVEWESNGQ PENNYKTPP VLDSDGSFFL YSRLTVDKSR 650
WQEGNVFSCS VMHEALHNHY TQKSLSLSLG K 681
```

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: common L-kappa (L', L'', L''', L''''')

```
DIQMTQSPSS LSASVGDRTV ITCSASQDIS NYLWYQQKP GKAPKVLIIYF 50
TSSLHSGVPS RFGSGSGGTD FTLTISSLQP EDFATYYCQQ YSTLPWTFGQ 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150
DNALQSNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEK 214
```

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104)	22-96	145-201	253-327	381-437	495-555	601-659
Intra-H' (C23-C104)	22"-96"	145"-201"	253"-327"	381"-437"	495"-555"	601"-659"
Intra-L' (C23-C104)	23'-88'	134'-194'				
Intra-L'' (C23-C104)	23'''-88'''	134'''-194'''				
Intra-L''' (C23-C104)	23''''-88''''	134''''-194''''				
Intra-L'''' (C23-C104)	23'''''-88'''''	134'''''-194'''''				
Inter-H-L, inter-H-L'', inter-H-L''', inter-H-L''''		132-214'	368-214''	132"-214'''	368"-214''''	
inter-H"-L'''' (CH1 10-CL 126)						
Inter-H-H' (h 8, h 11)	460-460"	463-463"				

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

HCH2 N84.4: 531, 531"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados.

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
HCHS K2: 681, 681"

tonvaneprocelum

tonvaneprocel

allogenic dopaminergic neural progenitor cells derived from the human embryonic stem cell line (hESC) SNUhES32. The cells were initially cultured in medium supplemented with a Rho-associated protein kinase (ROCK) inhibitor to establish a master cell bank (MCB). The MCB cells were then thawed, expanded and initially cultured in media containing AMP-activated protein kinase (AMPK) and activin/bone morphogenetic protein (BMP)/transforming growth factor beta (TGF-beta) inhibitors for neuroectodermal differentiation and 3D cell aggregate formation. During the late stage of neuroectodermal differentiation, ventral mesencephalic regional specification was induced by further addition of a Hedgehog pathway activator, and GSK-3 inhibitor. Finally, the 3D cell aggregates were placed on dishes coated with laminin in a serum-free media supplemented with basic fibroblast growth factor (bFGF), insulin, hedgehog pathway activator and a GSK-3 inhibitor for neural rosette formation and to reinforce maintenance of ventral midbrain dopaminergic (mDA) identity. Cells were then frozen to serve as working cell bank (WCB).

The major cell population consists of ventral mDA progenitor cells (FOXA2 >95%; LMX1A/B >95%) and minimal other cell populations such as forebrain-associated neural precursor cells (PAX6 < 5%). The cells secrete Sonic hedgehog into the culture medium as assessed via an ELISA-based assay. As the cells undergo maturation, they also exhibit definitive expression of key mDA markers, including pituitary homeobox 3 (PITX3; Cq 26.03), forkhead box A2 (FOXA2; Cq 21.31), LIM homeobox transcription factor 1 alpha (LMX1A; Cq 22.22), and engrailed-1 (EN1; Cq 19.57). The dopaminergic neural progenitor cells have either undetectable or strongly suppressed levels of pluripotent stem cells markers (NANOG, teratocarcinoma derived growth factor 1 (TDGF1), and reduced expression protein 1 (REX1))

cell therapy substance (Parkinson's disease)

tonvanéprocel

cellules progénitrices neuronales dopaminergiques allogéniques dérivées de la lignée de cellules souches embryonnaires humaines (hESC) SNUhES32. Les cellules ont d'abord été cultivées dans un milieu supplémenté avec un inhibiteur de la protéine kinase associée à Rho (ROCK) jusqu'à l'établissement de la banque de cellules maîtresses (MCB). Les cellules de la MCB ont ensuite été décongelées, amplifiées et cultivées initialement dans un milieu contenant une protéine kinase activée par l'AMP (AMPK) et des inhibiteurs de l'activine/protéine morphogénétique osseuse (BMP)/facteur de croissance transformant bêta (TGF-β) pour l'induction de la différenciation neuroectodermique et la formation d'agrégats cellulaires 3D.

Au cours de la dernière étape de la différenciation neuroectodermique, la spécification régionale mésencéphalique ventrale a été induite par l'ajout d'un activateur de la voie hedgehog et d'un inhibiteur de

GSK-3. Enfin, les agrégats cellulaires 3D ont été transférés sur des plaques recouvertes de laminine dans un milieu sans sérum supplémenté avec le facteur de croissance des fibroblastes basique (bFGF), de l'insuline, un activateur de la voie hedgehog et un inhibiteur de GSK-3 afin de permettre la formation de rosettes neurales et de renforcer le maintien de l'identité dopaminergique mésencéphalique ventrale (mDA). Les cellules ont ensuite été congelées afin de constituer une banque de cellules de travail (WCB). La population cellulaire principale est constituée de cellules progénitrices mDA ventrales (FOXA2 >95%; LMX1A/B >95%) et de sous-populations mineures, telles que des cellules progénitrices neurales associées au prosencéphale (PAX6 < 5%). Les cellules sécrètent la protéine hedgehog Sonic dans le milieu de culture, mesurable par un test ELISA. Au cours de la maturation, les cellules expriment également des marqueurs mDA clés, notamment le facteur de transcription 3 à homéodomaine de la pituitaire (PITX3; Cq 26,03), la boîte forkhead A2 (FOXA2; Cq 21,31), le facteur de transcription LIM homeobox 1 alpha (LMX1A; Cq 22,22) et engrailed-1 (EN1; Cq 19,57). Les cellules progénitrices neuronales dopaminergiques présentent des niveaux indétectables ou fortement réprimés de marqueurs de cellules souches pluripotentes (NANOG, facteur de croissance dérivé du tératocarcinome 1 [TDGF1] et protéine 1 à expression réduite [REX1]).

substance de thérapie cellulaire (maladie de Parkinson)

tonvaneprocel

células progenitoras neurales dopaminérgicas alogénicas derivadas de la línea de células madre embrionarias (hESC) SNUhES32. Las células se cultivaron inicialmente en medio suplementado con inhibidor de proteína quinasa asociada a Rho (ROCK) hasta establecer el banco de células maestro (MCB). Las células del MCB se descongelaron después, se expandieron y cultivaron inicialmente en medio que contiene proteína quinasa activada por AMP (AMPK) e inhibidores de activina/proteína morfogenética ósea (BMP)/factor transformador del crecimiento beta (TGF-β) para la diferenciación neuroectodérmica y la formación de agregados celulares en 3D. Durante la última etapa de la diferenciación neuroectodérmica, se indujo la especificación regional mesencefálica ventral mediante la adición de activador de la vía hedgehog e inhibidor de GSK-3. Finalmente, los agregados celulares en 3D se colocaron en placas forradas con laminina en un medio libre de suero suplementado con factor de crecimiento de fibroblastos básico (bFGF), insulina, activador de la vía hedgehog y un inhibidor de GSK-3 para la formación de la roseta neural y reforzar el mantenimiento de la identidad dopaminérgica del cerebro medio (mDA) ventral. Las células se congelaron después para servir como banco de células de trabajo (WCB). La población celular principal consiste en células progenitoras mDA ventrales (FOXA2 >95%; LMX1A/B >95%) y otras poblaciones celulares menores como

las células precursoras neurales asociadas al cerebro anterior (PAX6 < 5%). Las células secretan Sonic hedgehog al medio de cultivo, medible en un ensayo basado en ELISA. A medida que las células experimentan maduración, también muestran la expresión definitiva de marcadores mDA claves, incluyendo homeobox 3 de pituitaria (PITX3; Cq 26.03), caja forkhead A2 (FOXA2; Cq 21.31), factor de transcripción 1 alfa de homeobox LIM (LMX1A; Cq 22.22), y engrailed-1 (EN1; Cq 19.57). Las células progenitoras neurales dopaminérgicas tienen niveles indetectables o fuertemente suprimidos de marcadores de células madre pluripotentes (NANOG, factor de crecimiento derivado de teratocarcinoma 1 (TDGF1), y proteína 1 de expresión reducida (REX1)) *sustancia para terapia celular (enfermedad de Parkinson)*

toviblidegum

toviblideg

(1³RS,4³R,4⁴R)-5⁵-chloro-2¹,4³,7¹-trimethyl-7¹,7³-dihydro-2¹H,7²H-3,6-diaza-2(3,6)-indazola-7(5)-indola-5(2,4)-pyrimidina-1(3),4(4,1)-dipiperidinaheptaphane-1²,1⁶,7²-trione
B-cell lymphoma 6 (BCL6) protein degrader, antineoplastic

toviblideg

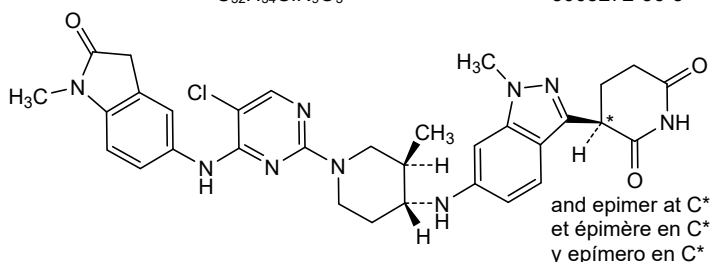
(1³RS,4³R,4⁴R)-5⁵-chloro-2¹,4³,7¹-triméthyl-7¹,7³-dihydro-2¹H,7²H-3,6-diaza-2(3,6)-indazola-7(5)-indola-5(2,4)-pyrimidina-1(3),4(4,1)-dipipéridinaheptaphane-1²,1⁶,7²-trione
agent dégradant de la protéine BCL6 (lymphome à cellules B 6), antinéoplasique

toviblideg

(1³RS,4³R,4⁴R)-5⁵-cloro-2¹,4³,7¹-trimetil-7¹,7³-dihidro-2¹H,7²H-3,6-diaza-2(3,6)-indazola-7(5)-indola-5(2,4)-pirimidina-1(3),4(4,1)-dipiperidinaheptafano-1²,1⁶,7²-triona
degradador de la proteína del linfoma de células B 6 (BCL6), antineoplásico

C₃₂H₃₄ClN₉O₃

3005272-36-3



trabzanoflastum

trabzanoflast

2-(2-cyclopropyl-7-methyl-4-oxofuro[2,3-*d*]pyridazin-5(4*H*)-yl)-*N*-(pyrimidin-2-yl)acetamide
NLRP3 inflammasome inhibitor, non-steroidal anti-inflammatory

trabzanoflast

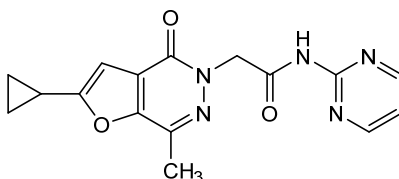
2-(2-cyclopropyl-7-méthyl-4-oxofuro[2,3-*d*]pyridazin-5(4*H*)-yl)-*N*-(pyrimidin-2-yle)acétamide
inhibiteur de l'inflammasome NLRP3, anti-inflammatoire non stéroïdien

trabzanoflast

2-(2-ciclopropil-7-metil-4-oxofuro[2,3-*d*]piridazin-5(4*H*)-il)-*N*-(pirimidin-2-ilo)acetamida
inhibidor del inflammasoma NLRP3, antiinflamatorio no esteroide

C₁₆H₁₅N₅O₃

2953675-40-4

**tudociclibum**

tudociclib

8-ethoxy-*N*-[(3*R*,4*S*)-1-(methanesulfonyl)-3-methylpiperidin-4-yl]-7-(1*H*-pyrazol-4-yl)[1,2,4]triazolo[1,5-*a*]pyridin-2-amine
cyclin dependent kinase inhibitor, antineoplastic

tudociclib

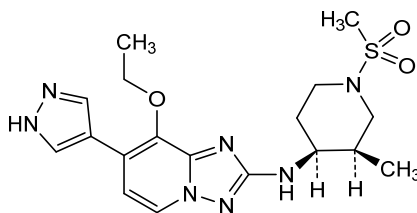
8-éthoxy-*N*-[(3*R*,4*S*)-1-(méthanesulfonyl)-3-méthylpipéridin-4-yl]-7-(1*H*-pyrazol-4-yl)[1,2,4]triazolo[1,5-*a*]pyridin-2-amine
inhibiteur des kinases dépendantes des cyclines, antinéoplasique

tudociclib

8-etoxi-*N*-[(3*R*,4*S*)-1-(metanosulfonyl)-3-metilpiperidin-4-il]-7-(1*H*-pirazol-4-il)[1,2,4]triazolo[1,5-*a*]piridin-2-amina
inhibidor de las kinasas dependientes de las ciclinas, antineoplásico

C₁₈H₂₅N₇O₃S

2640038-22-6



tuledirsenum delvopertidum

tuledirsen delyopertide

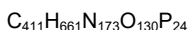
all-P-ambo-N²25-[1-({1-acetyl-L-prolyl-L-lysyl-L-lysyl-L-lysyl-L-arginyl-L-lysyl-L-valyl[2-(2-aminoethoxy)ethoxy]acetyl-N⁶-[1,8-anhydro(L-phenylalanyl)glycyl-L-phenylalanyl]glycyl-L-arginylglycyl-L-arginyl-L-γ-glutamyl]}-L-lysyl)amino)-3,6,9,12,15,18,21,24,27,30,33,36-dodecaoxaonatriacantan-39-oyl][2',3'-azanediy-L-P,2',3'-trideoxy-P-(dimethylamino)-2',3'-seco](N²→5')A-A-A-C-G-C-C-G-C-C-A-m⁵U-m⁵U-m⁵U-C-m⁵U-C-A-A-C-A-G-A-m⁵U-C)
promotion of functional dystrophin synthesis (Duchenne muscular dystrophy)

tulédirsen delvopertide

tout-P-ambo-N^e.²⁵ [1-({1-acétyl-L-prolyl-L-lysyl-L-lysyl-L-lysyl-L-arginyl-L-lysyl-L-valyl[2-(2-aminoéthoxy)éthoxy]acétyl-N⁶-[1,8-anhydro(L-phénylalaninylglycyl-L-phénylalaninylglycyl-L-arginylglycyl-L-arginyl-L-γ-glutamyl)]-L-lysyl}amino)-3,6,9,12,15,18,21,24,27,30,33,36-dodécaoxanatriacontan-39-oyl][2',3'-azanediyli-P,2',3'-tridésoxy-P-(diméthylamino)-2',3'-séco](N²→5')A-A-A-C-G-C-C-G-C-C-A-m⁵-U-m⁵-U-C-m⁵-U-C-A-A-C-A-G-A-m⁵-U-C)
promotion de la synthèse de dystrophine fonctionnelle, myopathie de Duchenne

tuledirsén delvopertida

todo-P-ambo-N²⁻²⁵-[1-{1-acetil-L-prolin-L-lisil-L-lisil-L-lisil-L-arginil-L-lisil-L-valil[2-(2-aminoetoxi)etoxi]acetil-N⁶-[1,8-anhidro(L-fenilalanilglicil-L-fenilalanilglicil-L-arginilglicil-L-arginil-L-γ-glutamil)]-L-lisil]amino)-3,6,9,12,15,18,21,24,27,30,33,36-dodecaoxanonatriacatano-39-ol]}[2',3'-azanediil-P,2',3'-tridesoxi-P-(dimetilamino)-2',3'-seco](N²→5')A-A-A-C-G-C-C-G-C-C-A-m³U-m³U-m³U-C-m³U-C-A-A-C-A-G-A-m⁵U-C)
estimulación de la síntesis de distrofina funcional (distrofia muscular de Duchenne)



2848572-30-3

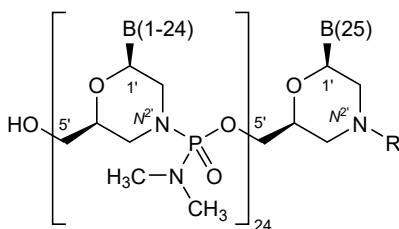
Sequence / Séquence / Secuencia

5' AAACGCCGCC A**UUUC**UCAAC AGA**UC** 3' (1-25)

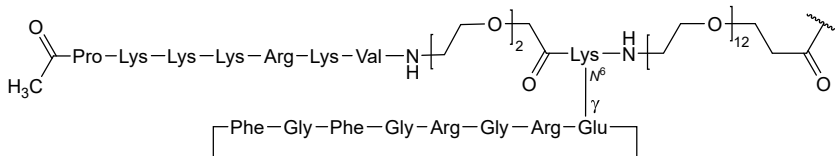
N : nucleoside / nucléoside / nucleósido

B : nucleobase / nucléobase / nucleobase

N : 5-methyl-N / 5-méthyl-N / 5-metil-N



R:



tuvicabgenum autoleucelum #

tuvicabgene autoleucel

autologous CD4+/CD8+ enriched T lymphocytes obtained by leukapheresis transduced with a replication-incompetent, self-inactivating (SIN) lentiviral bicistronic vector encoding two chimeric antigen receptors (CARs) targeting CD19 and CD20. The anti-CD19 CAR consists of a colony-stimulating factor 2 receptor alpha (CSF2RA) signal peptide, an anti-CD19 (FMC63) single chain variable fragment (scFv) with Whitlow linker, CD28 hinge and transmembrane domains, a cytoplasmic CD28 co-stimulatory domain and a CD3ζ signaling domain. The anti-CD20 CAR consists of a CD8α signal peptide, a fully human anti-CD20 scFv with Whitlow linker, CD8 hinge and transmembrane domains, a 4-1BB co-stimulatory domain and a CD3ζ signaling domain. The two transgenes are separated by a furin-GSG-T2A self-cleaving peptide and are under transcriptional control of a murine stem cell virus (MSCV) promoter. The construct is flanked by 5' and 3' long terminal repeats (LTRs) and also contains a Psi (ψ) packaging signal, a truncated *gag*, a partial *env* sequence, a Rev response element (RRE), a central polypurine tract and a Woodchuck hepatitis virus post-transcriptional regulatory element (WPRE). The vector is pseudotyped with vesicular stomatitis virus (VSV) envelope glycoprotein (G).

The leukapheresis material is enriched for CD4+/CD8+ T lymphocytes by positive immunoselection, activated by CD3 and CD28 agonists and transduced with the lentiviral vector. The cells are then expanded in media with serum replacement and interleukin 2 (IL-2). Following limited *ex vivo* cell propagation (3–4 days), the genetically modified T lymphocytes are harvested and cryopreserved. The T lymphocytes (≥80% CD3+) are positive for the transgene (≥10% CAR positive), have a high percentage of naive and central memory T lymphocytes, and secrete interferon gamma in response to co-culture with tumour cell lines expressing both CD19 and CD20

cell-based gene therapy (antineoplastic)

tuvicabgène autoleucel

lymphocytes T autologues enrichis en CD4+/CD8+, obtenus par leucaphérèse, transduits par un vecteur lentiviral bicistronique auto-inactifant (SIN) incapable de se répliquer, codant deux récepteurs antigéniques chimériques (RAC) ciblant CD19 et CD20. Le RAC anti-CD19 est composé d'un peptide signal du récepteur alpha du facteur de stimulation des colonies 2 (CSF2RA), d'un fragment variable à chaîne unique (scFv) anti-CD19 (FMC63) avec un coupleur Whitlow, des domaines charnière et transmembranaire CD28, un domaine de costimulation CD28 cytoplasmique, et un domaine de signalisation CD3ζ. Le RAC anti-CD20 est composé d'un peptide signal CD8α, d'un scFv anti-CD20 entièrement humain avec un coupleur Whitlow, des domaines charnière et transmembranaire CD8, un domaine de costimulation 4-1BB et un domaine de signalisation CD3ζ. Les deux transgènes sont séparés par un peptide autocroisant furine-GSG-T2A, et sont sous le contrôle transcriptionnel d'un promoteur du virus des cellules souches murines (MSCV). La construction est flanquée de séquences répétées terminales longues (LTR) 5' et 3', et contient également un signal d'encapsulation psi (ψ), un gène *gag* tronqué, une séquence *env* partielle, un élément de réponse

Rev (RRE), une séquence tractus central de polypurine, et un élément régulateur post-transcriptionnel du virus de l'hépatite de la marmotte (WPRe). Le vecteur est pseudotypé avec la glycoprotéine d'enveloppe (G) du virus de la stomatite vésiculeuse (VSV).

Le matériel de leucaphérèse est enrichi en lymphocytes T CD4+/CD8+ par immunosélection positive, activé par des agonistes de CD3 et CD28, et transduit avec le vecteur lentiviral. Les cellules sont ensuite amplifiées dans un milieu de culture supplémenté en sérum et en interleukine 2 (IL-2). Après une culture cellulaire *ex vivo* de courte durée (3 à 4 jours), les lymphocytes T génétiquement modifiés sont récoltés puis cryoconservés. Les lymphocytes T ($\geq 80\%$ CD3+) sont positifs pour le transgène ($\geq 10\%$ RAC positifs), ont un pourcentage élevé de lymphocytes T naïfs, et à mémoire centrale, et sécrètent de l'interféron gamma en réponse à la co-culture avec des lignées cellulaires tumorales exprimant CD19 et CD20

thérapie génique à base de cellules (antineoplasique)

tuvicabgén autoleucel

linfocitos T autólogos enriquecidos en CD4+/CD8+, obtenidos por leucoaféresis, transducidos con un vector lentiviral bicistónico, auto inactivante (SIN), incompetente para la replicativo, que codifica dos receptores de antígenos quiméricos (CARs) dirigidos a CD19 y CD20. El CAR anti-CD19 consta de un péptido señal del receptor alfa del factor estimulador de colonias 2 (CSF2RA), un fragmento variable de cadena sencilla (scFv) anti-CD19 (FMC63) con un enlazador Whitlow, unos dominios bisagra y transmembrana de CD28, un dominio citoplásmico de CD28 y un dominio de señalización de CD3 ζ . El CAR anti-CD20 consta de un péptido señal de CD8 α , un scFv anti-CD20 completamente humano con un enlazador Whitlow, dominios bisagra y transmembrana de CD8, un dominio coestimulador de 4-1BB y un dominio de señalización de CD3 ζ .

Los dos transgenes están separados por un péptido de auto escisión de furina-GSG-T2A y están bajo el control transcripcional de un promotor del virus de células madre murino (MSCV). El constructo está flanqueado por repeticiones terminales largas (LTRs) en 5' y 3' y también contiene una señal de empaquetamiento ψ , un *gag* truncado, una secuencia *env* parcial, un elemento de respuesta Rev (RRE), un tracto de polipurina central y un elemento regulador post-transcripcional del virus de la hepatitis de la marmota (WPRe). El vector está pseudotipado con la glicoproteína de la envuelta (G) del virus de la estomatitis vesicular (VSV).

El material de leucoaféresis se enriquece en linfocitos T CD4+/CD8+ mediante inmunoselección positiva, se activa por agonistas de CD3 y CD28 y se transduce con el vector lentiviral. Las células se expanden después en medio con remplazo de suero e interleuquina 2 (IL-2). Tras un cultivo celular *ex vivo* de corta duración (de 3 a 4 días), los linfocitos T modificados genéticamente se recogen y se crioconservan. Los linfocitos T ($\geq 80\%$ CD3+) son positivos para el transgén ($\geq 10\%$ CAR positivos), tienen un alto porcentaje de linfocitos T naïve y de memoria central y secretan interferón gamma en respuesta al cocultivo con líneas celulares tumorales que expresan CD19 y CD20

terapia génica basada en células (antineoplásico)

tuvutromstatum

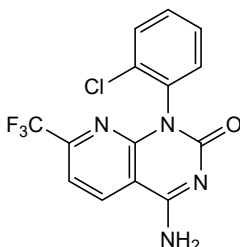
tuvutromstat 4-amino-1-(2-chlorophenyl)-7-(trifluoromethyl)pyrido[2,3-*d*]pyrimidin-2(1*H*)-one
methionine adenosyltransferase 2 alpha (MAT2A) inhibitor, antineoplastic

tuvutromstat 4-amino-1-(2-chlorophényl)-7-(trifluorométhyl)pyrido[2,3-*d*]pyrimidin-2(1*H*)-one
inhibiteur de la méthionine adénosyltransférase 2 alpha (MAT2A), antinéoplasique

tuvutromstat 4-amino-1-(2-clorofenil)-7-(trifluorometil)pirido[2,3-*d*]pirimidin-2(1*H*)-ona
inhibidor de la metionina adenosiltransferasa 2 alfa (MAT2A), antineoplásico

C₁₄H₈ClF₃N₄O

2439277-80-0

**ubivertatugum #**

ubivertatug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudin 18, claudin-18, surfactant associated protein J, SFTPJ) isoform 2)], monoclonal antibody;
 gamma1 heavy chain (1-450) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV5-9*01 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (86.7%) V124>I (116)/*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (87.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (78.6%) L123>S (115), V124>I (116), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) - *Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (217) (121-218), hinge 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-220')-disulfide with L-kappa light chain (1'-220') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV8-28*01 (83.2%) -IGKJ5*01 (91.7%) L126>I (112')/*Homo sapiens* IGKV2-28*01 (79.2%) -IGKJ2*01 (90.9%) Q120>A (106'), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103'') (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220'')]; dimer (229-229'':232-232'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
antineoplastic

ubivertatug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudine 18, claudine-18, protéine J associée au surfactant, SFTPJ) isoforme 2)], anticorps monoclonal;
 chaîne lourde H-gamma1 (1-450) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV5-9*01 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (86.7%) V124>I (116)/*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (87.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (78.6%) L123>S (115), V124>I (116), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) - *Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (217) (121-218), charnière 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-220')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa (1'-220') [V-KAPPA

Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV8-28*01 (83.2%) -IGKJ5*01 (91.7%) L126>I (112')/*Homo sapiens* IGKV2-28*01 (79.2%) -IGKJ2*01 (90.9%) Q120>A (106'), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220'))]; dimère (229-229":232-232")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa antinéoplasique

ubivertatug

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudina 18, claudina-18, proteína J asociada al surfactante, SFTPJ) isoforma 2)], anticuerpo monoclonal; cadena pesada H-gamma1 (1-450) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV5-9*01 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (86.7%) V124>I (116')/*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (87.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (78.6%) L123>S (115), V124>I (116), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (217) (121-218), bisagra 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-220')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa (1'-220') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV8-28*01 (83.2%) -IGKJ5*01 (91.7%) L126>I (112')/*Homo sapiens* IGKV2-28*01 (79.2%) -IGKJ2*01 (90.9%) Q120>A (106'), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220'))]; dímero (229-229":232-232")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hamster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa antineoplásico

3081662-54-3

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H')

```
EVMLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS TYTMSWVRQT PGKRLEWVAT 50
IVGGGGYTYI LDSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARMG 100
LTQRNALDIYW QGQTSITVSS ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGLCLVK 150
DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT 200
YICNVNHHKPS NTKVDKKVEP KSCDKHTTCE PCPAPELLGG PSVFLFPPKP 250
KDTLMISRTP EVTCVVVDVS HEDPEVKFNV YVDGVEVHNA KTKPREEQYN 300
STYRVVSVLT VLHQDWLNGK EYCKCVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ 350
VYTLPPSDEE LTKNQVSLTLC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV 400
LDSGDSFFLY SKLTVDKSRW QQGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSLSPGK 450
```

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L')

```
DIVMTQSPLS LPVTPGEPAS ISCKSSQSLF NSGNQKNYLA WYLQKPGQPP 50
KLLIYGASTR ESGVPDRFTG SGFGTDFTLK ISRVEAEDVG VYYCQNDHTY 100
PLTFGAGTKL EIKRTVAAPS VFIFPPSDEQ LKSGTASVVC LLNNFYPREA 150
KVQWKVDNAL QSGNSQESVT EQDSKSTYS LSSTLTLSKA DYEEKHKVYAC 200
EVTHQGLSSP VTKSFNRGEC
```

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22-96 147-203 264-324 370-428
 22"-96" 147"-203" 264"-324" 370"-428"
 Intra-L (C23-C104) 23'-94' 140'-200'
 23'''-94''' 140'''-200'''

Inter-H-L (h 5-CL 126) 223-220' 223"-220"

Inter-H-H (h 11, h 14) 229-229" 232-232"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 300, 300"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenaricos complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: 450, 450"

ubivertatugum vedotinum #

ubivertatug vedotin

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudin 18, claudin-18, surfactant associated protein J, SFTPJ) isoform 2]], monoclonal antibody; conjugated on an average of four cysteinyl residues to *vedotin*, comprising a cleavable linker and monomethylauristatin E (MMAE); gamma1 heavy chain (1-450) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV5-9*01 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (86.7%) V124>I (116)/*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (87.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (78.6%) L123>S (115), V124>I (116), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (217) (121-218), hinge 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-220')-disulfide with L-kappa light chain (1'-220') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV8-28*01 (83.2%) -IGKJ5*01 (91.7%) L126>I (112')/*Homo sapiens* IGKV2-28*01 (79.2%) -IGKJ2*01 (90.9%) Q120>A (106'), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103'') (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220'')]; dimer (229-229'':232-232'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa; substituted at the sulfur atoms of four L-cysteinyl residues on an average among 223, 229, 232, 220', 223'', 229'', 232'' and 220''' with (3R*S*)-1-(6-(((2*S*)-1-(((2*S*)-5-(carbamoylamino)-1-{4-(((2*S*)-1-(((2*S*)-1-(((3R,4*S*,5*S*)-1-((2*S*)-2-(((1R,2R)-3-(((1*S*,2R)-1-hydroxy-1-phenylpropan-2-yl)amino)-1-methoxy-2-methyl-3-oxopropyl)pyrrolidin-1-yl)-3-methoxy-5-methyl-1-oxoheptan-4-yl)(methyl)amino)-3-methyl-1-oxobutan-2-yl)amino)-3-methyl-1-oxobutan-2-yl)(methyl)carbamoyl)oxy)methyl)anilino)-1-oxopentan-2-yl)amino)-3-methyl-1-oxobutan-2-yl)amino)-6-oxohexyl)-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (*vedotin*) groups *antineoplastic*

ubivertatug védotine

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudine 18, claudine-18, protéine J associée au surfactant, SFTPJ) isoforme 2]], anticorps monoclonal; conjugué par quatre résidus cystéinyles en moyenne à la *védotine*, comprenant un coupleur clivable et monométhylauristatine E (MMAE); chaîne lourde H-gamma1 (1-450) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV5-9*01 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (86.7%) V124>I (116)/*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (87.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (78.6%) L123>S (115), V124>I (116), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (217) (121-218), charnière 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-220')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa (1'-220') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV8-28*01 (83.2%) -IGKJ5*01 (91.7%) L126>I (112')/*Homo sapiens* IGKV2-28*01 (79.2%) -IGKJ2*01 (90.9%) Q120>A (106'), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-

ubivertatug vedotina

103')) (1'-113') *-Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')); dimère (229-229":232-232")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa; substitué, sur les atomes de soufre de quatre résidus L-cystéinyle en moyenne parmi 223, 229, 232, 220', 223", 229", 232" et 220"', avec des groupes (3RS)-1-(6-(((2S)-1-(((2S)-5-(carbamoylamino)-1-{4-[[(((2S)-1-(((2S)-1-(((3R,4S,5S)-1-{(2S)-2-[(1R,2R)-3-[[[(1S,2R)-1-hydroxy-1-phénylpropan-2-yl]amino]-1-méthoxy-2-méthyl-3-oxopropyl]pyrrolidin-1-yl]-3-méthoxy-5-méthyl-1-oxoheptan-4-yl)](méthyl)amino)-3-méthyl-1-oxobutan-2-yl]amino)-3-méthyl-1-oxobutan-2-yl)](méthyl)carbamoyl]oxy)méthyl]anilino)-1-oxopentan-2-yl]amino)-3-méthyl-1-oxobutan-32-yl]amino)-6-oxohexyl)-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (*védotine*) *antineoplasique*

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudina 18, claudina-18, proteína J asociada al surfactante, SFTPJ) isoforma 2]], anticuerpo monoclonal; conjugado por cuatro residuos de cisteinilo por término medio a la *vedotina*, que comprende un conector escindible y monometilauristatina E (MMAE); cadena pesada H-gamma1 (1-450) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV5-9*01 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (86.7%) V124>I (116')/*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (87.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (78.6%) L123>S (115), V124>I (116), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) *-Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (217) (121-218), bisagra 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-220')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa (1'-220') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV8-28*01 (83.2%) -IGKJ5*01 (91.7%) L126>I (112')/*Homo sapiens* IGKV2-28*01 (79.2%) -IGKJ2*01 (90.9%) Q120>A (106'), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') *-Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')); dímero (229-229":232-232")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa; sustituido, en los átomos de azufre de cuatro residuos de L-cisteinilo en promedio de 223, 229, 232, 220', 223", 229", 232" y 220"', con grupos (3RS)-1-(6-(((2S)-1-(((2S)-5-(carbamoylamino)-1-{4-[[(((2S)-1-(((2S)-1-(((3R,4S,5S)-1-{(2S)-2-[(1R,2R)-3-[[[(1S,2R)-1-fenil-1-hidroxiopropan-2-il]amino]-2-metil-1-metoxi-3-oxopropil]pirrolidin-1-il]-5-metil-3-metoxi-1-oxoheptan-4-il)](metil)amino)-3-metil-1-oxobutan-2-il]amino)-3-metil-1-oxobutan-2-il)](metil)carbamoyl]oxi)metil]anilino)-1-oxopentan-2-il]amino)-3-metil-1-oxobutan-32-il]amino)-6-oxohexil)-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo (*vedotina*) *antineoplásico*

3081662-55-4

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H')

EVMLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS TYTMSWVRQT PGKRLEWVAT 50
 IVGGGGYTYTY LDSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVVYCARMG 100
 LTQRNALDYW GQGTSTIVSS ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK 150
 DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT 200
 YICNVNHKPS NTKVDKKVEP KSCDKTHTCP PCPAPPELLGG PSVFLFPPKP 250
 KDTLMISRTF ETVCSVVVDVS HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN 300
 STYRVVSVLT VHLQDWLNGK EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ 350
 VYTLPPSRDE LTKNQVSLTC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV 400
 LDSDGSFFLY SKLTVDKSRW QQGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPGK 450

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L')

DIVMTQSPPLS LPVTPGEPAS ISCKSSQSLF NSGNQKNYLA WYLQKPGQPP 50
 KLLIYGASTR ESGVPDRFTG SGFGTDFTLK ISRVEAEDVG VYYCQNDHTY 100
 PLTFGAGTKL EIKRTVAAPS VFIFPPSDEQ LKSGTASVVC LLNNFYPREA 150
 KVQWKVDNAL QSGNSQESVT EQDSKDYSTY LSSTLTLSKA DYEKHKVYAC 200
 EVTHQGLSSP VTKSFNRGEC 220

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22-96 147-203 264-324 370-428

22"-96" 147"-203" 264"-324" 370"-428"

Intra-L (C23-C104) 23'-94' 140'-200'

23'"-94'" 140'"-200'"

Inter-H-L (h 5-CL 126)* 223-220' 223"-220"

Inter-H-H (h 11, h 14)* 229-229" 232-232"

*Three or four inter-chain disulfide bridges are not present, an average of four cysteinyl are conjugated, each via a thioether bond, to a drug linker.

*Trois ou quatre ponts disulfures inter-chaînes ne sont pas présents, en moyenne quatre cystéinyl sont conjugués, chacun via une liaison thioéther, à un coupleur-principe actif.

*Tres o cuatro puentes disulfuro inter-catenarios no están presentes, un promedio de cuatro cisteinilo están conjugados, cada uno a través de un enlace tioéter, a un conector de fármaco.

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 300, 300"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenaríos complejos fucosilados

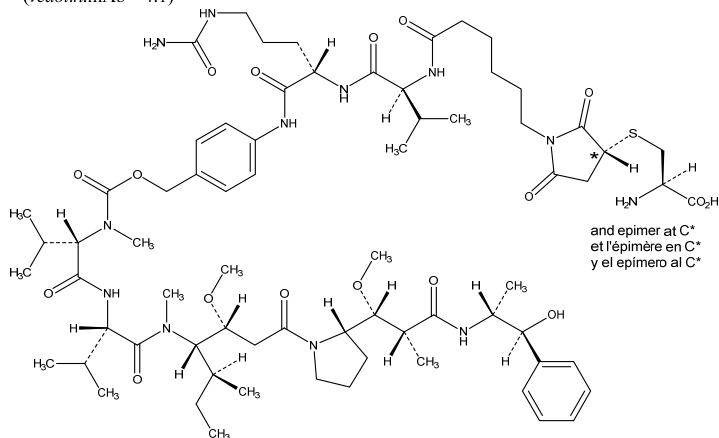
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: 450, 450"

Potential modified residues / résidus modifiés potentiels / restos modificados potenciales*

C (223, 229, 232, 220', 223", 229", 232", 220")

*(vedotin:mAb ~ 4:1)



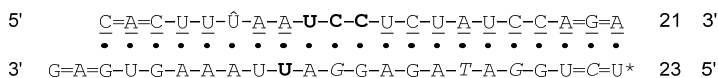
méthyluridylyl-(5'→3')-2'-O-méthylguanylyl-(5'→3')-2'-O-méthyladénylyl-(5'→3')-2'-O-méthyladénylyl-(5'→3')-2'-O-méthyladénylyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluorouridylyl-(5'→3')-2'-O-méthyladénylyl-(5'→3')-2'-désoxyguanylyl-(5'→3')-2'-O-méthylguanylyl-(5'→3')-2'-O-méthyladénylyl-(5'→3')-thymidylyl-(5'→3')-2'-O-méthyladénylyl-(5'→3')-2'-désoxyguanylyl-(5'→3')-2'-O-méthylguanylyl-(5'→3')-2'-O-méthyl-*P*-thiouridylyl-(5'→3')-2'-désoxy-*P*-thiocytidylyl-(5'→3')-(5'*E*)-2'-O-méthyl-C^{5'},5'-dihydro-5'-O-carba-5'-uridylique
réducteur de la synthèse de la superoxyde dismutase 1

ulenusrán

*todo-P-ambo-2'-O-metil-P-tiocitidilil-(3'→5')-2'-O-metil-P-tioadenilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-hexadeciluridilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorouridilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorocitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorocitidilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metil-P-tioadenilil-(3'→5')-2'-O-metil-P-tioguanilil-(3'→5')-2'-O-metiladenosina, dúplex con ácido *todo-P-ambo-2'-O-metil-P-tioguanilil-(5'→3')-2'-O-metil-P-tioadenilil-(5'→3')-2'-O-metilguanilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-2'-O-metilguanilil-(5'→3')-2'-O-metiladenilil-(5'→3')-2'-O-metiladenilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluorouridilil-(5'→3')-2'-O-metiladenilil-(5'→3')-2'-desoxiguanilil-(5'→3')-2'-O-metilguanilil-(5'→3')-2'-O-metiladenilil-(5'→3')-2'-O-metilguanilil-(5'→3')-2'-O-metiladenilil-(5'→3')-timidilil-(5'→3')-2'-O-metiladenilil-(5'→3')-2'-desoxiguanilil-(5'→3')-2'-O-metilguanilil-(5'→3')-2'-O-metil-P-tiouridilil-(5'→3')-2'-desoxi-P-tiocitidilil-(5'→3')-(5'*E*)-2'-O-metil-C^{5'},5'-dihydro-5'-O-carba-5'-uridílico*
*reductor de la síntesis de superóxido dismutasa 1**

C₄₇₂H₆₁₈F₄N₁₆₅O₂₈₉P₄₃S₈

3060048-39-4



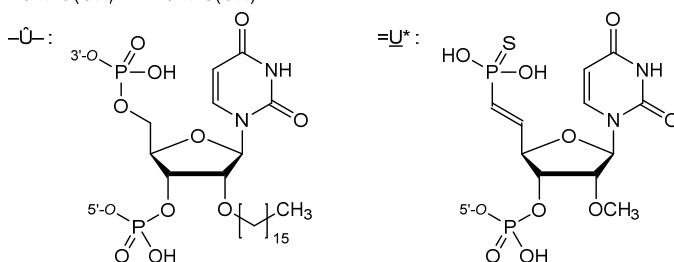
N : nucleoside / nucléoside / nucleósido

N : 2'-deoxy-N / 2'-désoxy-N / 2'-desoxi-N

N : 2'-O-methyl-N / 2'-O-méthyl-N / 2'-O-metil-N

N : 2'-deoxy-2'-fluoro-N / 2'-désoxy-2'-fluoro-N / 2'-desoxi-2'-fluoro-N

- : -PO(OH)- = : -PS(OH)-



vadenersenum

vadenersen

all-P-ambo-2'-O-(2-methoxyethyl)-P-thioguanilyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)-5-methylcytidilyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)adenilyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)adenilyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)-5-methylcytidilyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenilyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-5-methyl-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenilyl-

(3'→5')-2'-deoxy-*P*-thioguananylyl-(3'→5')-*P*-thiothymidylyl-(3'→5')-*P*-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-*O*-(2-methoxyethyl)-5-methyluridylyl-(3'→5')-2'-*O*-(2-methoxyethyl)-5-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-*O*-(2-methoxyethyl)-*P*-thioadenylyl-(3'→5')-2'-*O*-(2-methoxyethyl)-*P*-thioguananylyl-(3'→5')-2'-*O*-(2-methoxyethyl)-5-methylcytidine
MECP2 protein expression reducer

vadénersen

tout-P-ambo-2'-*O*-(2-méthoxyéthyl)-*P*-thioguananylyl-(3'→5')-2'-*O*-(2-méthoxyéthyl)-5-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-*O*-(2-méthoxyéthyl)adénylyl-(3'→5')-2'-*O*-(2-méthoxyéthyl)-5-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-*P*-thioadénylyl-(3'→5')-*P*-thiothymidylyl-(3'→5')-*P*-thiothymidylyl-(3'→5')-*P*-thiothymidylyl-(3'→5')-*P*-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-*P*-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-*P*-thioadénylyl-(3'→5')-2'-désoxy-*P*-thioguananylyl-(3'→5')-*P*-thiothymidylyl-(3'→5')-*P*-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-*O*-(2-méthoxyéthyl)-5-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-*O*-(2-méthoxyéthyl)-5-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-*O*-(2-méthoxyéthyl)-*P*-thioadénylyl-(3'→5')-2'-*O*-(2-méthoxyéthyl)-*P*-thioguananylyl-(3'→5')-2'-*O*-(2-méthoxyéthyl)-5-méthylcytidine
réducteur de l'expression de la protéine MECP2

vadenersén

todo-P-ambo-2'-*O*-(2-metoxietil)-*P*-tioguanilil-(3'→5')-5-metil-2'-*O*-(2-metoxietil)citidilil-(3'→5')-2'-*O*-(2-metoxietil)adenilil-(3'→5')-2'-*O*-(2-metoxietil)adenilil-(3'→5')-5-metil-2'-*O*-(2-metoxietil)citidilil-(3'→5')-2'-desoxi-*P*-tioadenilil-(3'→5')-*P*-tiotimidilil-(3'→5')-*P*-tiotimidilil-(3'→5')-*P*-tiotimidilil-(3'→5')-2'-desoxi-5-metil-*P*-tiocitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-*P*-tioadenilil-(3'→5')-2'-desoxi-*P*-tioguanilil-(3'→5')-*P*-tiotimidilil-(3'→5')-*P*-tiotimidilil-(3'→5')-5-metil-2'-*O*-(2-metoxietil)uridilil-(3'→5')-5-metil-2'-*O*-(2-metoxietil)citidilil-(3'→5')-2'-*O*-(2-metoxietil)-*P*-tioadenilil-(3'→5')-2'-*O*-(2-metoxietil)-*P*-tioguanilil-(3'→5')-5-metil-2'-*O*-(2-metoxietil)citidina
reductor de la expresión de la proteína MECP2

C₂₃₀H₃₁₈N₆₉O₁₂₇P₁₃S₁₃

3027256-85-2

5' G-C-A-A-C-A=T=T=T=C=A=G=T=T=U-C-A-G-C 3' (1-20)

N : nucleoside / nucléoside / nucleósido

N : 2'-deoxy-N / 2'-désoxy-N / 2'-desoxi-N

N : 2'-*O*-(2-methoxyethyl)-N / 2'-*O*-(2-méthoxyéthyl)-N / 2'-*O*-(2-metoxietil)-N**N** : 5-methyl-N / 5-méthyl-N / 5-metil-N

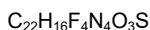
- : -PO(OH)- = : -PS(OH)-

valistrocelum

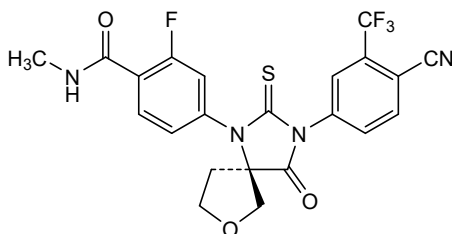
valistrocel

allogeneic mesenchymal stromal cells (MSC) derived from Wharton's jelly. The tissue is enzymatically digested, and the cells cultured in serum-free medium supplemented with basic fibroblast growth factor (bFGF), transforming growth factor-beta 3 (TGF-β3), albumin and platelet-derived growth factor-BB (PDGF-BB) and then cryopreserved as a master cell bank (MCB). From there, the cells are then further expanded to obtain the final substance. The cells are positive (≥95%) for the mesenchymal stromal cell surface markers CD73, CD90, and CD105, and are negative (≤2%) for CD31, CD34, CD45 and HLA class II histocompatibility antigen (HLA-DR) gamma chain markers. The cells can be induced to differentiate into adipogenic, osteogenic and chondrogenic lineages *in vitro*. The cells secrete interleukin 6 (IL-6), interleukin 8 (IL-8), transforming growth factor alpha (TGF-α) and thrombospondin-2 (TSP-2), induce M2 macrophages polarization and demonstrate inhibitory effects in an *in vitro* T lymphocyte proliferation assay
cell therapy substance (tissue regeneration)

valistrocel	cellules stromales mésenchymateuses (CSM) allogéniques issues de la gélatine de Wharton. Le tissu est digéré par voie enzymatique et les cellules sont cultivées dans un milieu sans sérum, enrichi en facteur de croissance basique des fibroblastes (bFGF), en facteur de croissance transformant bêta 3 (TGF-β3), en albumine et en facteur de croissance dérivé des plaquettes BB (PDGF-BB), puis cryoconservées sous forme de banque de cellules souches (MCB). À partir de là, les cellules sont multipliées pour obtenir la substance finale. Les cellules sont positives (≥95%) pour les marqueurs de surface des cellules mésenchymateuses stromales CD73, CD90 et CD105, et négatives (≤2 %) pour les marqueurs CD31, CD34, CD45 et la chaîne gamma de l'antigène d'histocompatibilité HLA de classe II (HLA-DR). Les cellules peuvent être induites à se différencier en lignées adipogéniques, ostéogéniques et chondrogéniques <i>in vitro</i> . Les cellules sécrètent l'interleukine 6 (IL-6), l'interleukine 8 (IL-8), le facteur de croissance transformant alpha (TGF-α) et la thrombospondine 2 (TSP-2), induisent la polarisation des macrophages vers le type M2 et présentent des effets inhibiteurs dans un test de prolifération des lymphocytes T <i>in vitro</i> <i>substance de thérapie cellulaire (régénération tissulaire)</i>
valistrocel	células estromales mesenquimales (MSC) alogénicas derivadas de la gelatina de Wharton. El tejido se digiere enzimáticamente y las células se cultivan en medio libre de suero suplementado con factor de crecimiento de fibroblastos básico (bFGF), factor transformador del crecimiento beta 3 (TGF-β3), albúmina y factor de crecimiento derivado de plaquetas BB (PDGF-BB) y después se criopreservan en forma de banco de células maestro (MCB). A partir de ahí, las células se expanden más para obtener la substancia final. Las células son positivas (≥95%) para los marcadores de superficie de células estromales mesenquimales CD73, CD90, y CD105, y son negativas (≤2%) para los marcadores CD31, CD34, CD45 y la cadena gamma del antígeno de histocompatibilidad HLA de clase II (HLA-DR). Las células se pueden inducir a diferenciarse en los linajes adipogénico, osteogénico y condrogénico <i>in vitro</i> . Las células secretan interleuquina 6 (IL-6), interleuquina 8 (IL-8), factor transformador del crecimiento alfa (TGF-α) y trombospodina 2 (TSP-2), inducen la polarización de macrófagos a M2 y demuestran efectos inhibidores en un ensayo de proliferación de linfocitos T <i>in vitro</i> <i>substancia para terapia celular (regeneración de tejidos)</i>
varilutamidum	
varilutamide	4-[(5 <i>R</i>)-3-[4-cyano-3-(trifluoromethyl)phenyl]-4-oxo-2-sulfanylidene-7-oxa-1,3-diazaspiro[4.4]nonan-1-yl]-2-fluoro- <i>N</i> -methylbenzamide <i>antiandrogen, antineoplastic</i>
varilutamide	4-[(5 <i>R</i>)-3-[4-cyano-3-(trifluorométhyl)phényl]-4-oxo-2-sulfanylidène-7-oxa-1,3-diazaspiro[4.4]nonan-1-yl]-2-fluoro- <i>N</i> -méthylbenzamide <i>antiandrogène, antinéoplasique</i>
varilutamida	4-[(5 <i>R</i>)-3-[4-ciano-3-(trifluorometil)fenil]-4-oxo-2-sulfanilideno-7-oxa-1,3-diazaspiro[4.4]nonan-1-il]-2-fluoro- <i>N</i> -metilbenzamida <i>antiandrógeno, antineoplásico</i>



1351185-54-0



verpicabgenum autoleucelum #
verpicabgene autoleucel

autologous CD3⁺ enriched T lymphocytes derived by leukapheresis, transduced with a self-inactivating, non-replicating lentiviral vector encoding a chimeric antigen receptor (CAR) targeting Claudin 18.2 (CLDN18.2). The transgene comprises a GM-CSF receptor alpha (GM-CSFRA) signal peptide, a humanized camelid variable heavy chain only antibody (VHH) targeting claudin 18.2 (CLDN18.2), a CD28 hinge and transmembrane domain, a CD28 cytoplasmic co-stimulatory domain and a CD3-zeta (CD3ζ) signalling domain, under control of the elongation factor 1 alpha (EF-1α) promoter.

The construct is flanked by 5' and 3' long terminal repeats (LTRs) and also contains a Ψ packaging signal, a Rev response element (RRE), a central polypurine tract (cPPT) sequence /central termination sequence (CTS) and a truncated Woodchuck hepatitis virus posttranscriptional regulatory element (WPPE). The vector is pseudotyped with vesicular stomatitis virus (VSV) G glycoprotein.

The leukapheresis material is enriched for CD3⁺ T lymphocytes by positive immunoselection, activated by CD3 and CD28 agonists and transduced with the lentiviral vector. The cells are then expanded in media containing a defined xeno-free serum replacement and interleukin 2 (IL-2). The T lymphocytes (≥90%) are positive for the transgene (≥20% CD3⁺CAR⁺), are mainly central memory, effector memory and effector T lymphocyte subsets, and demonstrate cytotoxicity and secrete interferon gamma (IFN-γ) following co-culture with claudin 18.2-expressing target cells
cell-based gene therapy (antineoplastic)

verpicabgène autoleucel

lymphocytes T autologues enrichis en CD3⁺, obtenus par leucaphérèse, transduits par un vecteur lentiviral auto-inactivant et non réplcatif codant un récepteur antigénique chimérique (RAC) ciblant la claudine 18.2 (CLDN18.2). Le transgène comprend un peptide signal du récepteur alpha du GM-CSF (GM-CSFRA), un anticorps humanisé de type chaîne lourde variable (VHH) de camélidé ciblant la claudine 18.2 (CLDN18.2), un domaine charnière et transmembranaire de CD28, un domaine co-stimulateur cytoplasmique de CD28 et un domaine de signalisation CD3-zêta (CD3ζ), sous le contrôle du promoteur du facteur d'élongation 1 alpha (EF-1α). Le vecteur est flanqué de séquences répétées terminales longues (LTR) 5' et 3' et contient également

un signal d'encapsidation Ψ , un élément de réponse Rev (RRE), une séquence de tractus central de polypurine (cPPT)/séquence de terminaison centrale (CTS), et une version tronquée de l'élément régulateur post-transcriptionnel du virus de l'hépatite de la marmotte (WPRE). Le vecteur est pseudotypé avec la glycoprotéine G du virus de la stomatite vésiculeuse (VSV).

Le matériel de leucaphérèse est enrichi en lymphocytes T CD3+ par immunosélection positive, activé par des agonistes de CD3 et CD28 et transduit avec le vecteur lentiviral. Les cellules sont ensuite amplifiées dans un milieu contenant un substitut de sérum défini sans substances xénogéniques, et de l'interleukine 2 (IL-2). Les lymphocytes T ($\geq 90\%$) sont positifs pour le transgène ($\geq 20\%$ CD3+RAC+), sont principalement des sous-types de lymphocytes T mémoire centrale, mémoire effectrice et des lymphocytes T effecteurs, et démontrent une cytotoxicité et sécrètent de l'interféron gamma (IFN- γ) après co-culture avec des cellules cibles exprimant la claudine 18.2

thérapie génique à base de cellules (antinéoplasique)

verpicabgén autoleucel

linfocitos T autólogos enriquecidos en CD3+, obtenidos por leucoaféresis, transducidos con un vector lentiviral auto inactivante, no replicativo, que codifica un receptor de antígenos quimérico (CAR) dirigido a claudina 18.2 (CLDN18.2). El transgén consta de un péptido señal del receptor alfa de GM-CSF (GM-CSFRA), una cadena pesada variable (VHH) humanizada de un anticuerpo de camélidos dirigida a la claudina 18.2 (CLDN18.2), un dominio bisagra y transmembrana de CD28, un dominio citoplásmico coestimulador de CD28 y un dominio de señalización de CD3-zeta (CD3 ζ), bajo el control del promotor del factor de elongación 1 alfa (EF-1 α). El constructo está flanqueado por repeticiones terminales largas (LTRs) en 5' y 3' y también contiene una señal de empaquetamiento Ψ , un elemento de respuesta Rev (RRE), una secuencia de tracto central de polipurina (cPPT)/secuencia de terminación central (CTS) y una versión truncada del elemento regulador post-transcripcional del virus de la hepatitis de la marmota (WPRE). El vector está pseudotipado con la glicoproteína G del virus de la estomatitis vesicular (VSV).

El material de leucoaféresis se enriquece en linfocitos T CD3+ mediante inmunoselección positiva, se activa con agonistas de CD3 y CD28 y se transduce con el vector lentiviral. Las células se expanden después en medio que contiene un sustituto de suero definido sin sustancia xenogénicas e interleuquina 2 (IL-2). Los linfocitos T ($\geq 90\%$) son positivos para el transgén ($\geq 20\%$ CD3+CAR+), son principalmente subtipos de memoria central, memoria efectora y linfocitos T efectores, y demuestran citotoxicidad y secretan interferón gamma (IFN- γ) tras el cocultivo con células diana que expresan claudina 18.2

terapia génica basada en células (antineoplásico)

vibilsertibum

vibilsertib

oxan-4-yl 7-[2-(cyclopropanecarboxamido)imidazo[1,2-*a*]pyridin-6-yl]-2,3-dihydro-1*H*-pyrido[2,3-*b*][1,4]oxazine-1-carboxylate
serine/threonine kinase inhibitor

vibilsertib

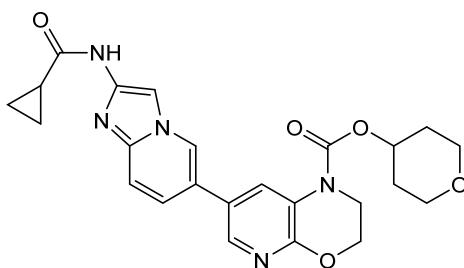
7-[2-(cyclopropanecarboxamido)imidazo[1,2-*a*]pyridin-6-yl]-2,3-dihydro-1*H*-pyrido[2,3-*b*][1,4]oxazine-1-carboxylate d'oxan-4-yle
inhibiteur de kinases sérine/thréonine

vibilsertib

7-[2-(ciclopropanecarboxamido)imidazo[1,2-*a*]piridin-6-il]-2,3-dihidro-1*H*-pirido[2,3-*b*][1,4]oxazina-1-carboxilato de oxan-4-ilo
inhibidor de la kinasa de serina/treonina

C₂₄H₂₅N₅O₅

2258671-03-1

**vimziprubartum #**

vimziprubart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TNFSF4 (TNF superfamily member 4, tumor necrosis factor superfamily member 4, OX40 ligand, OX40L, TAX transcriptionally-activated glycoprotein 1, TXGP1, gp34, CD252)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;

H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (90.9%) L123>Q (113), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17.1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 K120 (215) (119-216), hinge 1-15 (217-231), CH2 L1.3>A (235), L1.2>A (236), M15.1>Y (253), S16>T (255), T18>E (257) (232-341), CH3 D12 (357), L14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-214')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-17*01 (95.8%) -IGKJ3*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimer (227-227":230-230")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
immunosuppressant

vimziprubart

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TNFSF4 (membre 4 de la superfamille du TNF membre 4 de la superfamille du facteur de nécrose tumorale, OX40 ligand, OX40L, glycoprotéine 1 activée transcriptionnellement par TAX, TXGP1, gp34, CD252)]; anticorps monoclonal *Homo sapiens*;
chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens* (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (90.9%) L123>Q (113), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17.1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 K120 (215) (119-216), charnière 1-15 (217-231), CH2 L1.3>A (235), L1.2>A (236), M15.1>Y (253), S16>T (255), T18>E (257) (232-341), CH3 D12 (357), L14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-17*01 (95.8%) -

	IGKJ3*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'') (1'-107') - <i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191'')) (108'-214''); dimère (227-227'':230-230'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa <i>immunosupprimeur</i>
vimziprubart	immunoglobulina G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> TNFSF4 (miembro 4 de la superfamilia del TNF miembro 4 de la superfamilia del factor de necrosis tumoral, OX40 ligando, OX40L, glicoproteína 1 activada transcripcionalmente por TAX, TXGP1, gp34, CD252)]; anticuerpo monoclonal <i>Homo sapiens</i> ; cadena pesada H-gamma1 <i>Homo sapiens</i> (1-448) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-23*04 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (90.9%) L123>Q (113), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) - <i>Homo sapiens</i> IGHG1*01, G1m17.1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 K120 (215) (119-216), bisagra 1-15 (217-231), CH2 L1.3>A (235), L1.2>A (236), M15.1>Y (253), S16>T (255), T18>E (257) (232-341), CH3 D12 (357), L14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa <i>Homo sapiens</i> (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-17*01 (95.8%) -IGKJ3*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'') (1'-107') - <i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191'')) (108'-214''); dímero (227-227'':230-230'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa <i>inmunosupresor</i>

3084196-24-4

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H")	
EVQVVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS NYAMTWVRQS PGKLEWVSL	50
ISGSGGLTKY ADSVKGRFTI SRDNSKKTLE LQMNSLRAED TAAYYCVKDE	100
GLTTGEYWGQ GTQVTVSSAS TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY	150
FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL YSLSSVVTVP SSSLGTQYI	200
CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGVS VFLFPKPKD	250
TLYITREPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST	300
YRVVSVLTIVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPVY	350
TLPPSRDELIT KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTPPVLD	400
SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK	448
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L', L'")	
DIQMTQSPSS LSASVGRVT ITCRASQDIR NDLAWYQQKP GKAPKRLIYA	50
SSSLQSGVPS RFSGSGSGTE FTLTISLQP EDFATYYCLQ HNNYPFTFGP	100
GTKVDIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV	150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG	200
LSSPVTKSFN RGE	214

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro	
Intra-H (C23-C104)	22-96 145-201 262-322 368-426
	22"-96" 145"-201" 262"-322" 368"-426"
Intra-L (C23-C104)	23'-88' 134'-194'
	23'''-88''' 134'''-194'''
Inter-H-L (h 5-CL 126)	221-214' 221"-214"
Inter-H-H (h 11, h 14)	227-227" 230-230"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación	
H CH2 N84.4:	298, 298"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenaricos complejos fucosilados	
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal	
H CHS K2:	448, 448"

vofimeranum #

vofimeran

messenger RNA (mRNA), 5' capped, encoding an adenine base editor (ABE) comprising an engineered adenosine deaminase (TadA) protomer (a single subunit of the dimeric TadA protein), which is responsible for modifying adenosine to inosine fused to a codon-optimized modified *Streptococcus pyogenes* clustered regularly interspaced short palindromic repeats (CRISPR)-associated protein 9 (SpCas9) domain that has been catalytically inactivated [10-alanine] to nick DNA without making double-strand breaks. The two domains are separated by a synthetic 32 amino acid linker and are followed by a simian virus 40 (SV40) nuclear localization signal peptide separated from the Cas9 domain by a four amino acid (EGAD) peptide linker. The transgene is flanked by 5' and 3' untranslated regions (UTR) derived from human complement component 3 (C3) and human apolipoprotein A-II (APOA2), respectively, followed by a 3' polyadenylation (polyA) tail. All uridine residues are replaced with *N*¹-methylpseudouridine (*N*¹-Me-ΨMP) *gene editing, adenine base editor (ABE)*

vofiméran

ARN messenger (ARNm), coiffé en 5', codant pour un éditeur de bases d'adénine (ABE) comprenant un protomère d'adénosine désaminase (TadA) modifié (une seule sous-unité de la protéine dimérique TadA), qui est responsable de la modification de l'adénosine en inosine, fusionné à un domaine SpCas9 (protéine 9 associée au système CRISPR de *Streptococcus pyogenes*), modifié avec des codons optimisés, dont l'activité catalytique a été inactivée par [10-alanine], afin de cliver l'ADN sans induire de cassures double brin. Les deux domaines sont séparés par un coupleur synthétique de 32 acides aminés, et suivis d'un peptide signal de localisation nucléaire du virus simien 40 (SV40), séparé du domaine Cas9 par un coupleur peptidique de quatre acides aminés (EGAD). Le transgène est flanqué de régions non traduites (UTR) en 5' et 3', dérivées respectivement du composant 3 du complément humain (C3) et de l'apolipoprotéine A-II humaine (APOA2), suivies d'une queue polyadénylée (polyA) en 3'. Tous les résidus d'uridine sont remplacés par de la *N*¹-méthylpseudouridine (*N*¹-Me-ΨMP) *édition génétique par éditeur de base adénine (ABE)*

vofimerán

ARN mensajero (ARNm) protegido con caperuza en 5', que codifica un editor de bases de adenina (ABE) que consta de un protómero diseñado de adenosina desaminasa (TadA) (una única subunidad de la proteína dimérica TadA) que es responsable de modificar la adenosina a inosina, fusionado a un dominio de SpCas9 (proteína 9 asociada al sistema CRISPR de *Streptococcus pyogenes*), modificado con codones optimizados, que ha sido inactivada catalíticamente [10-alanina] para cortar el ADN sin hacer roturas de doble cadena. Los dos dominios están separados por un enlazador sintético de 32 aminoácidos y se continúan por un péptido señal de localización nuclear del virus simio 40 (SV40) separado del dominio Cas9 por un péptido enlazador de cuatro aminoácidos (EGAD). El transgén está flanqueado por regiones sin traducir (UTR) en 5' y 3' derivadas respectivamente del componente 3 del complemento humano (C3) y de la apolipoproteína A-II humana (APOA2), seguido por una cola de poliadenilación (poliA) en 3'. Todos los residuos de uridina se han reemplazado con *N*¹-metilpseudouridina (*N*¹-Me-ΨMP) *edición genética, editor de bases de adenina (ABE)*

3082627-67-3

volufralinum

volufralin

(1*R*,3*aS*,3*a*¹*R*,5*S*,6*aR*,8*R*,9*S*,9*aS*,9*bR*,12*aR*,13*S*,14*R*)
 -1-(furan-3-carbonyl)-9*a*-hydroxy-13-(2-methoxy-2-oxoethyl)-1,5,8,14-tetramethyl-11-oxododecahydro-5*H*-3*a*,6*a*,8-(epiethane[1,1,2]triyil)-3*a*¹,5-epoxycyclopenta[*d*]pyrano[2,3,4-*fg*][1,3]benzodioxocin-9-yl 2-methylpropanoate
indirect melanocortin MC4 receptor (MC4R) potentiator, erectile dysfunction

volufraline

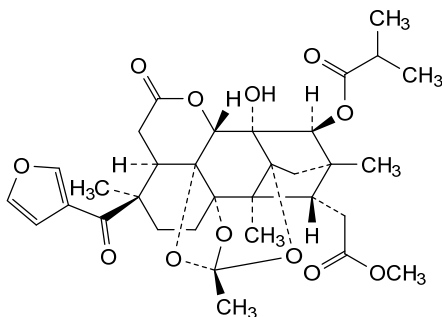
2-méthylpropanoate de
 (1*R*,3*aS*,3*a*¹*R*,5*S*,6*aR*,8*R*,9*S*,9*aS*,9*bR*,12*aR*,13*S*,14*R*)
 -1-(furane-3-carbonyl)-9*a*-hydroxy-13-(2-méthoxy-2-oxoéthyl)-1,5,8,14-tétraméthyl-11-oxodécacahydro-5*H*-3*a*,6*a*,8-(épiéthane[1,1,2]triyil)-3*a*¹,5-époxyccyclopenta[*d*]pyrano[2,3,4-*fg*][1,3]benzodioxocin-9-yle
potentialisateur indirect du récepteur de la mélanocortine de type 4 (MC4R), dysfonction érectile

volufralina

2-metilpropanoato de
 (1*R*,3*aS*,3*a*¹*R*,5*S*,6*aR*,8*R*,9*S*,9*aS*,9*bR*,12*aR*,13*S*,14*R*)
 -1-(furano-3-carbonil)-9*a*-hidroxi-1,5,8,14-tetrametil-13-(2-metoxi-2-oxoetil)-11-oxododecahidro-5*H*-3*a*,6*a*,8-(epietano[1,1,2]triil)-3*a*¹,5-epoxiciclopenta[*d*]pirano[2,3,4-*fg*][1,3]benzodioxocin-9-ilo
potenciador indirecto del receptor de melanocortina 4 (MC4R), disfunción eréctil

C₃₃H₄₀O₁₂

1088920-71-1

**vopenfasinibum**

vopenfasinib

2-methyl-*N*-(1-([4-(trifluoromethyl)phenyl]methyl)-1*H*-indazol-3-yl)furan-3-carboxamide
fascin inhibitor, antineoplastic

vopenfasinib

2-méthyl-*N*-(1-([4-(trifluorométhyl)phényl]méthyl)-1*H*-indazol-3-yl)furan-3-carboxamide
inhibiteur de la fascin, antinéoplasique

Proposed INN: List 135

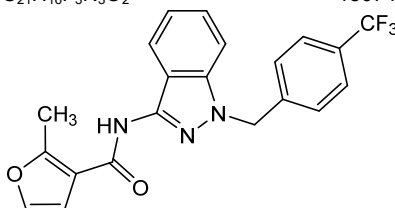
vopenfasinib

WHO Drug Information, Vol. 40, No. 2, 2026

2-metil-*N*-(1-[[4-(trifluorometil)fenil]metil]-1*H*-indazol-3-il)furan-3-carboxamida
inhibidor de la fascina, antineoplásico

C₂₁H₁₆F₃N₃O₂

1807454-59-6



zabaglurantum

zabaglurant

3-chloro-5-[6-(5-fluoropyridin-2-yl)pyrimidin-4-yl]benzonitrile
metabotropic glutamate receptor negative allosteric modulator

zabaglurant

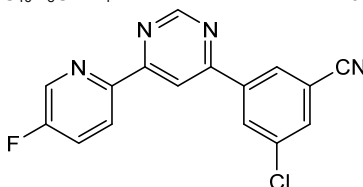
3-chloro-5-[6-(5-fluoropyridin-2-yl)pyrimidin-4-yl]benzonitrile
modulateur allostérique négatif des récepteurs métabotropiques du glutamate

zabaglurant

3-cloro-5-[6-(5-fluoropiridin-2-il)pirimidin-4-il]benzonitrilo
modulador alostérico negativo del receptor metabotrópico de glutamato

C₁₆H₈ClFN₄

1644645-32-8



zalbintamigum #

zalbintamig

immunoglobulin (H-gamma1-scFvhk_L-kappa) dimer, anti-[*Homo sapiens* TPBG (trophoblast glycoprotein, 5T4, Wnt-activated inhibitory factor 1, WAI1) epitopes 1 and 2], humanized and chimeric monoclonal antibody, biparatopic, tetravalent; heavy chain H-gamma1 humanized anti-TPBG epitope 1 -15mer -scFvhk *Mus musculus* anti-TPBG epitope 2 (H) (1-717) [H-gamma1 humanized anti-TPBG epitope 1 (1-450) [VH *Homo sapiens* IGHV1-2*06 (86.7%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 6-G1v41-1 CH2 F1.3, 16-G1v27 CH2 C3, 9-G1v78-2 CH3 A114 (CH1 R120 (217) (121-218), hinge 1-15 (219-233), CH2 L1.3>F (237), S3>C (242) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361), N114>A (437) (344-448), CHS (449-

zalbintamig

450)) (121-450)] -15-mer tris (tetraglycyl-seryl) linker (451-465) -scFv_h *Mus musculus* anti-TPBG epitope 2, 11-scFv-v1 C49 (VH)-C120 (VL) (466-717) [VH C49 (*Mus musculus*IGHV4-1*02 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (86.7%) L124>V (582)/*Homo sapiens*IGHV3-74*01 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (86.7%) G>C (509), L123>T (581), CDR-IMGT [8.8.14] (491-498.516-523.562-575)) (466-586) -20-mer tetrakis(tetraglycyl-seryl) linker (587-606) -V-KAPPA C120 (*Mus musculus*IGKV3-7*01 (92.9 %) -IGKJ2*03 (90.9%) S120>C (710)/*Homo sapiens*IGKV4-1*01 (73.3%) -IGKJ2*01 (90.9%) Q120>C (710), CDR-IMGT [10.3.9] (633-642.660-662.699-707)) (607-717)]; (223-214')-disulfide with light chain L-kappa chimeric anti-TPBG epitope 1 (L') (1'-214') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus*IGKV6-32*01 (85.1%) -IGKJ1*02 (100%)/*Homo sapiens*IGKV1-39*01 (76.8%) -IGKJ4*01 (90.9%) V124>L (104'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-107')) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimer (229-229":232-232")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, glycoform alfa
antineoplastic

immunoglobuline (H-gamma1-scFv_h_L-kappa) dimère, anti-[*Homo sapiens* TPBG (glycoprotéine trophoblastique, 5T4, facteur inhibiteur activé par Wnt 1, WAIF1) épitopes 1 et 2], anticorps monoclonal humanisé et chimérique, biparatopique, tétravalent; chaîne lourde H-gamma1 humanisée anti-TPBG épitope 1 -15mer -scFv_h *Mus musculus* anti-TPBG épitope 2 (H) (1-717) [H-gamma1 humanisée anti-TPBG épitope 1 (1-450) [VH *Homo sapiens*IGHV1-2*06 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens*IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 6-G1v41-1 CH2 F1.3, 16-G1v27 CH2 C3, 9-G1v78-2 CH3 A114 (CH1 R120 (217) (121-218), charnière 1-15 (219-233), CH2 L1.3>F (237), S3>C (242) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361), N114>A (437) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)] -15-mer tris (tétraglycyl-séryl) linker (451-465) -scFv_h *Mus musculus* anti-TPBG épitope 2 11-scFv-v1 C49 (VH)-C120 (VL) (466-717) [VH C49 (*Mus musculus*IGHV4-1*02 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (86.7%) L124>V (582)/*Homo sapiens*IGHV3-74*01 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (86.7%) G>C (509) L123>T (581), CDR-IMGT [8.8.14] (491-498.516-523.562-575)) (466-586) -20-mer tétrakis(tétraglycyl-séryl) linker (587-606) -V-KAPPA C120 (*Mus musculus*IGKV3-7*01 (92.9 %) -IGKJ2*03 (90.9%) S120>C (710)/*Homo sapiens*IGKV4-1*01 (73.3%) -IGKJ2*01 (90.9%) Q120>C (710), CDR-IMGT [10.3.9] (633-642.660-662.699-707)) (607-717)]; (223-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa chimérique anti-TPBG épitope 1 (L') (1'-214') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus*IGKV6-32*01 (85.1%) -IGKJ1*02 (100%)/*Homo sapiens*IGKV1-39*01 (76.8%) -IGKJ4*01 (90.9%) V124>L

zalbintamig

(104'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-107')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214'); dimère (229-229":232-232")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, ne présentant pas le gène de la glutamine synthétase (GS-KO), glycoforme alfa
antineoplasique

inmunoglobulina (H-gamma1-scFv_{hk}_L-kappa) dímero, anti-[*Homo sapiens* TPBG (glicoproteína trofoblástica, 5T4, factor inhibidor activado por Wnt 1, WAIF1) epitopos 1 y 2], anticuerpo monoclonal humanizado y quimérico, biparatópico, tetravalente; cadena pesada H-gamma1 humanizada anti-TPBG epítipo 1 -15mer -scFv_{hk} *Mus musculus* anti-TPBG epítipo 2 (H) (1-717) [H-gamma1 humanizada anti-TPBG epítipo 1 (1-450) [VH *Homo sapiens* IGHV1-2*06 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 6-G1v41-1 CH2 F1.3, 16-G1v27 CH2 C3, 9-G1v78-2 CH3 A114 (CH1 R120 (217) (121-218), bisagra 1-15 (219-233), CH2 L1.3>F (237), S3>C (242) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361), N114>A (437) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)] -15-mer tris (tetraglicil-seril) enlace (451-465) -scFv_{hk} *Mus musculus* anti-TPBG epítipo 2 11-scFv-v1 C49 (VH)-C120 (VL) (466-717) [VH C49 (*Mus musculus* IGHV4-1*02 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (86.7%) L124>V (582)/*Homo sapiens* IGHV3-74*01 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (86.7%) G>C (509) L123>T (581), CDR-IMGT [8.8.14] (491-498.516-523.562-575)) (466-586) -20-mer tetrakis(tetraglicil-seril) enlace (587-606) -V-KAPPA C120 (*Mus musculus* IGKV3-7*01 (92.9 %) -IGKJ2*03 (90.9%) S120>C (710)/*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (73.3%) -IGKJ2*01 (90.9%) Q120>C (710), CDR-IMGT [10.3.9] (633-642.660-662.699-707)) (607-717)]; (223-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa quimérica anti-TPBG epítipo 1 (L') (1'-214') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV6-32*01 (85.1%) -IGKJ1*02 (100%)/*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (76.8%) -IGKJ4*01 (90.9%) V124>L (104'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-107')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214'); dímero (229-229":232-232")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, en ausencia del gen de la glutamina sintetasa (GS-KO), forma glicosilada alfa
antineoplásico

3084952-68-8

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: H-gamma1 anti-TPBG epitope 1 -15mer -scFv_{hk} anti-TPBG epitope 2 (H, H¹)

QVQLVQSGAE	VKKPGASVKV	SCKASGYSFT	DYYMHVWRQA	PGQGLEWMGR	50
VSPNNGATNT	NQKFKDRVTM	TRDTSISTAY	MELRSLRSED	TAVYYCARST	100
MITSYYPDYW	QGQTLVTVSS	ASTKGPSVFP	LAPSSKSTSG	GTAALGCLVK	150
DYFPEPVTVS	WNSGALTSGV	HTFPAVLQSS	GLYSLSSVVT	VPSSSLGTQT	200
YICNVNHKPS	NTKVDKRVEP	KSCDKTHTCP	PCPAPEFLGG	PCVFLFPPKP	250
KDTLMISRTF	EVTCTVVVDVS	HEDPEVKFNW	YVDGVEVHNA	KTKPREEQYN	300
STYRVVSVLT	VLHQDWLNGK	EYKCKVSNKA	LPAPIEKTIIS	KAKGQPREPQ	350
VYTLPPSREE	MTKNQVSLTC	LVKGFYPSDI	AVEWESNGQP	ENNYKTTFPV	400
LDSGSGFFLY	SKLTVDKSRW	QQGNVFCSV	MHEALHAHYT	QKSLSLSPGK	450
GGGSGGGGS	GGGGSEVQLL	ESGGGLVQPG	GSLRLSCAAS	GFDFSRYYMT	500
WVRQAPGKCL	EWVSEINPDS	RTINYPSTLK	DRFTISRDNA	KNTLYLQMNS	550
LRAEDTAVYY	CARPDHDYNP	YFNYWGQGT	TVTVSSGGGG	SGGGSGGGGG	600
SGGGGSDIVL	TQSPASLAVS	LGQRATISCR	PSQSVSTSSN	SYIHWWYQKP	650
GQPPKLLIKY	ASNLESGVPA	RFSGSGSGTD	FTLTISPEVA	EDTATYYCQQ	700
SWEIPLTFGC	GTKLEIK				717

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: L-kappa anti-TPBG (L, L¹)

DIVMTQSPSF	LSVSVGDRVT	ITCKASQSVS	TDVAWYQKP	GQAPKLLIYF	50
ASDRYTGVPD	RFSGSGSGTD	FTFTISLQA	EDVAVYYCQ	DYSSPPTFGG	100
GTKLEIKRTV	AAPSVFIFPP	SDEQLKSGTA	SVVCLLNIFY	PREAKVQWKV	150
DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD	STYSLSSLT	LSKADYEKKH	VYACEVTHQG	200
LSSPVTKSFN	RGEC				214

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22'-96 147'-203 264'-324 370'-428 487'-561 629'-698
Intra-H¹ (C23-C104) 22''-96'' 147''-203'' 264''-324'' 370''-428'' 487''-561'' 629''-698''
Intra-H scFv C49 (VH)-C120 (VL)* 509-710
Intra-H¹ scFv C49 (VH)-C120 (VL)* 509''-710''
Intra-L¹ (C23-C104) 23'-88' 134'-194'
Intra-L¹ (C23-C104) 23'''-88''' 134'''-194'''
Inter-H-L¹, Inter-H¹-L¹ (h 5-CL 126) 223-214' 223''-214''
Inter-H-H¹ (h 11, h 14) 229-229'' 232-232''
*engineered additional disulfide bond C49 (VH)-C120 (VL) to stabilize the scFv (variant 11-scFv-v1).

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal
Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl) / pyroglutamide (pE, 5-oxoprolyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)
H VH Q1: 1, I¹

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 300, 300''
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados.

zalbintamigum vedotinum #
zalbintamig vedotin

immunoglobulin (H-gamma1-scFv_{hk} L-kappa) dimer, anti-[*Homo sapiens* TPBG (trophoblast glycoprotein, 5T4, Wnt-activated inhibitory factor 1, WAI1) epitopes 1 and 2], humanized, *Mus musculus* and chimeric monoclonal antibody, biparatopic, tetravalent; conjugated at the engineered cysteinyl C3 of the two heavy chain CH2 domains to *vedotin*, comprising a cleavable linker and monomethylauristatin E (MMAE);
heavy chain H-gamma1 humanized anti-TPBG epitope 1 -15mer -scFv_{hk} *Mus musculus* anti-TPBG epitope 2 (H) (1-717) [H-gamma1 humanized anti-TPBG epitope 1 (1-450) [VH *Homo sapiens* IGHV1-2*06 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 6-G1v41-1 CH2 F1.3,16-G1v27 CH2 C3, 9-G1v78-2 CH3 A114 (CH1 R120 (217) (121-218), hinge 1-15 (219-233), CH2 L1.3>F (237), S3>C (242) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361), N114>A (437) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)] -15-mer tris (tetraglycyl-eryl) linker (451-465) -scFv_{hk} *Mus musculus* anti-TPBG epitope 2, 11-scFv-v1 C49 (VH)-C120 (VL) (466-717) [VH *Musmus/Homsap* C49 (*Mus musculus* IGHV4-1*02 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (86.7%)

L124>V (582)/*Homo sapiens* IGHV3-74*01 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (86.7%) G>C (509), L123>T (581), CDR-IMGT [8.8.14] (491-498.516-523.562-575)) (466-586) -20-mer tetrakis(tétraglycyl-séryl) linker (587-606) -V-KAPPA Musmus/Homsap C120 (*Mus musculus* IGKV3-7*01 (92.9%) -IGKJ2*03 (90.9%) S120>C (710)/*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (73.3%) -IGKJ2*01 (90.9%) Q120>C (710), CDR-IMGT [10.3.9] (633-642.660-662.699-707)) (607-717)]; (223-214')-disulfide with light chain L-kappa chimeric anti-TPBG epitope 1 (L') (1'-214') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV6-32*01 (85.1%) -IGKJ1*02 (100%)/*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (76.8%) -IGKJ4*01 (90.9%) V124>L (104'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-107')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimer (229-229":232-232")-bisdisulfide; produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, glycoform alfa; substituted at the sulfur atoms of the engineered L-cysteinyl C3 of the CH2 domain (242, 242") with (3RS)-1-(6-(((2S)-1-(((2S)-5-(carbamoylamino)-1-(4-(((2S)-1-(((2S)-1-(((3R,4S,5S)-1-((2S)-2-(((1R,2R)-3-(((1S,2R)-1-hydroxy-1-phenylpropan-2-yl)amino)-1-methoxy-2-methyl-3-oxopropyl)pyrrolidin-1-yl)-3-methoxy-5-methyl-1-oxoheptan-4-yl)(methyl)amino)-3-methyl-1-oxobutan-2-yl)amino)-3-methyl-1-oxobutan-2-yl)(methyl)carbamoyl)oxy)methyl)anilino)-1-oxopentan-2-yl)amino)-3-methyl-1-oxobutan-2-yl)amino)-6-oxohexyl)-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (vedotin) groups
antineoplastic

zalbintamig védotine

immunoglobuline (H-gamma1-scFv_{hk} L-kappa) dimère, anti-[*Homo sapiens* TPBG (glycoprotéine trophoblastique, 5T4, facteur inhibiteur activé par Wnt 1, WAIF1) épitopes 1 et 2], anticorps monoclonal humanisé et chimérique, biparatopique, tétravalent; conjugué au cystéinyl génétiquement modifié C3 du domaine CH2 des deux chaînes lourdes à la védotine, comprenant un coupleur clivable et monométhylauristatine E (MMAE); chaîne lourde H-gamma1 humanisée anti-TPBG épitope 1 -15mer -scFv_{hk} *Mus musculus* anti-TPBG épitope 2 (H) (1-717) [H-gamma1 humanisée anti-TPBG épitope 1 (1-450) [VH *Homo sapiens* IGHV1-2*06 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 6-G1v41-1 CH2 F1.3, 16-G1v27 CH2 C3, 9-G1v78-2 CH3 A114 (CH1 R120 (217) (121-218), charnière 1-15 (219-233), CH2 L1.3>F (237), S3>C (242) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361), N114>A (437) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)] -15-mer tris (tétraglycyl-séryl) linker (451-465) -scFv_{hk} *Mus musculus* anti-TPBG épitope 2, 11-scFv-v1 C49 (VH)-C120 (VL) (466-717) [VH Musmus/Homsap C49 (*Mus musculus* IGHV4-1*02 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (86.7%) L124>V (582)/*Homo sapiens* IGHV3-74*01 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (86.7%) G>C (509), L123>T (581), CDR-IMGT [8.8.14] (491-498.516-523.562-575)) (466-586) -20-mer tétrakis(tétraglycyl-séryl) linker (587-606) -V-KAPPA Musmus/Homsap C120 (*Mus musculus* IGKV3-7*01 (92.9%) -IGKJ2*03 (90.9%) S120>C (710)/*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (73.3%) -IGKJ2*01 (90.9%) Q120>C (710), CDR-IMGT [10.3.9] (633-642.660-662.699-707)) (607-717)]; (223-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa chimérique anti-TPBG épitope 1 (L') (1'-214') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV6-32*01 (85.1%) -IGKJ1*02 (100%)/*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (76.8%) -IGKJ4*01 (90.9%) V124>L (104'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-107')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3

A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214''); dimère (229-229":232-232")-bisdisulfure; produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, ne présentant pas le gène de la glutamine synthétase (GS-KO), glycoforme alfa; substitué sur les atomes de soufre du L-cystéinyl génétiquement modifié C3 du domaine CH2 (242, 242"), avec des groupes (3RS)-1-(6-[[[(2S)-1-[[[(2S)-5-(carbamoylamino)-1-{4-[[[(2S)-1-[[[(2S)-1-[[[(3R,4S,5S)-1-{(2S)-2-[[[(1R,2R)-3-[[[(1S,2R)-1-hydroxy-1-phénylpropan-2-yl]amino]-1-méthoxy-2-méthyl-3-oxopropyl]pyrrolidin-1-yl]-3-méthoxy-5-méthyl-1-oxoheptan-4-yl](méthyl)amino]-3-méthyl-1-oxobutan-2-yl]amino]-3-méthyl-1-oxobutan-2-yl](méthyl)carbamoyl]oxy)méthyl]anilino]-1-oxopentan-2-yl]amino]-3-méthyl-1-oxobutan-32-yl]amino]-6-oxohexyl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (védotine)
antinéoplasique

zalbintamig vedotina

inmunoglobulina (H-gamma1-scFv_{hk}_L-kappa) dímero, anti-[*Homo sapiens* TPBG (glicoproteína trofoblástica, 5T4, factor inhibidor activado por Wnt 1, WIF1) epítomos 1 y 2], anticuerpo monoclonal humanizado y quimérico, biparatópico, tetravalente; conjugado con el cisteinilo genéticamente modificado C3 del dominio CH2 de ambas cadenas pesadas a la *vedotina*, que comprende un conector escindible y monometilauristatina E (MMAE);
cadena pesada H-gamma1 humanizada anti-TPBG epítomo 1 - 15mer -scFv_{hk} *Mus musculus* anti-TPBG épitope 2 (H) (1-717) [H-gamma1 humanizada anti-TPBG epítomo 1 (1-450) [VH *Homo sapiens* IGHV1-2*06 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 6-G1v41-1 CH2 F1.3, 16-G1v27 CH2 C3, 9-G1v78-2 CH3 A114 (CH1 R120 (217) (121-218), bisagra 1-15 (219-233), CH2 L1.3>F (237), S3>C (242) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361), N114>A (437) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)] -15-mer tris (tetraglicil-seril) enlace (451-465) -scFv_{hk} *Mus musculus* anti-TPBG epítomo 2 11-scFv-v1 C49 (VH)-C120 (VL) (466-717) [VH C49 (*Mus musculus* IGHV4-1*02 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (86.7%) L124>V (582)/*Homo sapiens* IGHV3-74*01 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (86.7%) G>C (509) L123>T (581), CDR-IMGT [8.8.14] (491-498.516-523.562-575)) (466-586) -20-mer tetrakis(tetraglicil-seril) enlace (587-606) -V-KAPPA C120 (*Mus musculus* IGKV3-7*01 (92.9 %) -IGKJ2*03 (90.9%) S120>C (710)/*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (73.3%) -IGKJ2*01 (90.9%) Q120>C (710), CDR-IMGT [10.3.9] (633-642.660-662.699-707)) (607-717)]; (223-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa quimérica anti-TPBG epítomo 1 (L') (1'-214') [V-KAPPA *Musmus/Homsap* (*Mus musculus* IGKV6-32*01 (85.1%) -IGKJ1*02 (100%)/*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (76.8%) -IGKJ4*01 (90.9%) V124>L (104'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-107')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214''); dímero (229-229":232-232")-bisdisulfuro; producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, en ausencia del gen de la glutamina sintetasa (GS-KO), forma glicosilada alfa; sustituido en los átomos de azufre de L-cisteinilo genéticamente modificado C3 del dominio CH2 (242, 242"), con grupos (3RS)-1-(6-[[[(2S)-1-[[[(2S)-5-(carbamoylamino)-1-{4-[[[(2S)-1-[[[(2S)-1-[[[(3R,4S,5S)-1-{(2S)-2-[[[(1R,2R)-3-[[[(1S,2R)-1-fenil-1-hidroxipropan-2-il]amino]-2-metil-1-metoxi-3-oxopropil]pirrolidin-1-il]-5-metil-3-metoxi-1-oxoheptan-4-il](metil)amino]-3-metil-1-oxobutan-2-il]amino]-3-metil-1-oxobutan-2-il](metil)carbamoyl]oxi)metil]anilino]-1-oxopentan-2-il]amino]-3-

metil-1-oxobutan-32-il]amino}-6-oxohexil)-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo
(vedotina)
antineoplásico

3084952-66-6

Heavy chain/Chaîne lourde/Cadena pesada: H-gamma1 anti-TPBG epitope 1
-15mer-scFvvhk anti-TPBG epitope 2 (H, H^o)

```

QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYSFT DYYMHVWRQA PGQGLEWMGR 50
VSPNNGATNT NQKFKDRVTM TRDTSISTAY MELRSLRSED TAVVYCARST 100
MITSYYFDYW GQGLTVTVSS ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK 150
DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT 200
YICNVNHKPS NTKVDKRVFP KSCDKTHTCP PCPAPEFLGG PCVFLFPPKP 250
KDTLMISRTPEVTCVVVDVS HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN 300
STYRVVSVLT VLHQDWLNGK EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ 350
VYTLPPSREE MTKNQVSLTC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV 400
LDSDFGFFLY SKLTVDKSRW QQGNVFSCSV MHEALHAHYT QKSLSLSPGK 450
GGGSGGGGGS GGGGSEVQLL ESGGGLVQPG GSLRLSCAAS GFDFSRVWMT 500
WVRQAPGKCL EWWSEINPDS RTINYTPSLK DRFTISRDNK KNTLYLQMNS 550
LRAEDTAVVY CARPDHDYNP YFFNYWGQGT TVTVSSGGGG GGGGSGGGGG 600
SGGGGSDIVL TQSPASLAVS LGQRATISCR PSQSVSTSSN SYIHWYQWKV 650
GQPPKLLIKY ASNLESVPVA RFGSGSGGTD FTLTISPEVA EDTATYYCQ 700
SWEIPLTFCG GTKLEIK

```

Light chain/Chaîne légère/Cadena ligera: L-kappa anti-TPBG (L', L'')

```

DIVMTQSPSF LSVSVGDRVT ITCKASQSVS TDVAWYQKP GQAPKLLIYF 50
ASDRYTGVPD RFGSGSGGTD FTFITISLQA EDVAVYCYQ DYSSPPTFGG 100
GTKLEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEK

```

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22"-96 147"-203 264"-324 370"-428 487"-561 629"-698
 Intra-H" (C23-C104) 22"-96" 147"-203" 264"-324" 370"-428" 487"-561" 629"-698"
 Intra-H scFv C49 (VH)-C120 (VL)* 509"-710
 Intra-H" scFv C49 (VH)-C120 (VL)* 509"-710"
 Intra-L' (C23-C104) 23"-88" 134"-194"
 Intra-L" (C23-C104) 23"-88" 134"-194"
 Inter-H-L', Inter-H"-L" (h 5-CL 126) 223"-214' 223"-214"
 Inter-H-H" (h 11, h 14) 229"-229" 232"-232"

*engineered additional disulfide bond C49 (VH)-C120 (VL) to stabilize the scFv (variant I1-scFv-v1).

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutamino N-terminal

Q > pyrroglutamy (pE, 5-oxopropyl) / pyroglutamyle (pE, 5-oxopropyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)
 H VH Q1: 1, 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

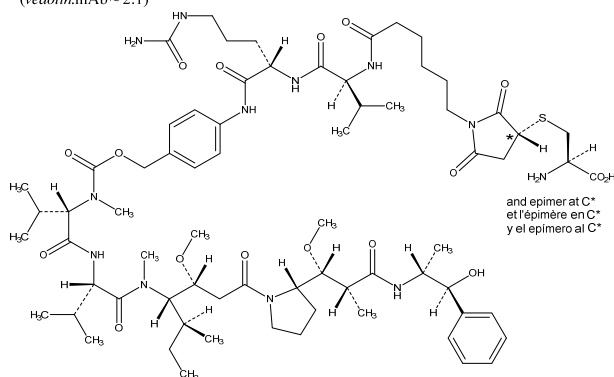
H CH2 N84.4: 300, 300"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenaricos complejos fucosilados.

Potential modified residues / résidus modifiés potentiels / restos modificados potenciales*

H CH2 site-specific engineered cysteinyl C3: 242, 242"

*(vedotin:mAb ~ 2:1)



zamlacomfarum alfa #
zamlacomfar alfa

human complement factor H (CFH, HF, H factor 1, HF1, Uniprot: P08603) (1-1213) variant (V⁴⁴>I), recombinant glycoprotein, produced in a glyco-engineered α -1,3-fucosyl transferase/ β -1,2-xylosyl transferase double-knockout strain of the moss *Physcomitrium patens*, glycoform alfa
complement factor H

zamlacomfar alfa

facteur H du complément humain (CFH, HF, facteur H 1, HF1, Uniprot: P08603) (1-1213) variant (V⁴⁴>I), glycoprotéine recombinante, produite dans une souche de mousse *Physcomitrium patens* génétiquement modifiée pour la double inactivation de l' α -1,3-fucosyltransférase et de la β -1,2-xylosyltransférase, glycoforme alfa
facteur H du complément

zamlacomfar alfa

factor H del complemento humano (CFH, HF, factor H 1, HF1, Uniprot: P08603) (1-1213) variante (V⁴⁴>I), glicoproteína recombinante, producido en una cepa de musgo *Physcomitrium patens*, modificada genéticamente para la doble inactivación de la α -1,3-fucosiltransferasa y la β -1,2-xilosiltransferasa, glicoforma alfa
factor H del complemento

3083724-96-0

Sequence / Séquence / Secuencia		
EDCNELPPRR	NTEILTGSWS	DQTYPEGTQA IYKCRPGYRS LGNIMVCRK 50
GEWVALNPLR	KCQKRPCGHP	GDTPFGTFTL TGNVFEYGV KAVYTCNEGY 100
QLLGEINYRE	CDTDGWTNDI	PICEVVKCLP VTAPENGKIV SSAMEPDREY 150
HFGQAVRFVC	NSGYKIEGDE	EMHCSDDGFW SKEKPKCVEI SCKSPDVING 200
SPISQKIIYK	ENERFQYKCN	MGYEYSERGD AVCTESGWRP LPSCEEKSCD 250
NPYIPNGDYS	PLRIKHRTGD	EITYQCRNGF YPATRGNTAK CTSTGWIPAP 300
RCTLKPCDYP	DIKHGGLYHE	NMRRPYFPVA VGKYYSYCD EHFETPSGSY 350
WDHIHCTQDG	WSPAVPCLRK	CYFPYLENGY NQNYGRKFVQ GKSIDVACHP 400
GYALPKAQTT	VTCEMENGWSP	TPRCIRVKTC SKSSIDIENG FISESQYTYA 450
LKEKAKYQCK	LGYYTADGET	SGSITCGKDG WSAQPTCIKS CDIPVFMNAR 500
TKNDFTWFKL	NDTLDYECHE	GYESNTGSTT GSIVCGYNGW SDLPCYERE 550
CELPKIDVHL	VPDRKKDQYK	VGEVLKFSCK PGFTIVGPNS VQCYHFGLSL 600
DLPICKEQVQ	SCGPPPELLN	GNVKEKTKEE YGHSEVVVEY CNPRFLMKGP 650
NKIQCVDGEW	TTLPVCIVVEE	STCGDIPELE HGWAQLSSPP YYGDSVEFN 700
CSESFTMIGH	RSITCIHGVW	TQLPQCVAID KLKKCKSSNL IILEEHLKKN 750
KEFDHNSNIR	YRCRGKEGWI	HTVCINGRWD PEVNCMAQI QLCPPPPQIP 800
NSHNMTTTLN	YRDGEKVSVL	CQENYLIQEG EEITCKDGRW QSIPLCVEKI 850
PCSQPPQIEH	GTINSSRSSQ	ESYAHGTKLS YTCEGGFRIS EENETTCYMG 900
KWSSPPQCEG	LPCKSPPEIS	HGVVAHMSDS YQYGEVITYK CFEGFGIDGP 950
AIACLGEKW	SHPPSCIKTD	CLSLSPFENA IPMGEKKDVS KAGEQVTTYC 1000
ATYYKMDGAS	NVTCINSRWT	GRPTCRDTSC VNPPTVQNAY IVSRQMSKYP 1050
SGERVRYQCR	SPYEMFGDEE	VMCLNGNWE PPQCKDSTGK CGPPPIDNG 1100
DITSFPLSVY	APASSVEYQC	QNLYLEGNK RITCRNGQWS EPPKCLHPCV 1150
ISREIMENYN	IALRWTAQKQ	LYSRTGESVE FVCKRGYRLS SRSHTLRTC 1200
WDGKLEYPTC	AKR	1213

Mutation / Mutation / Mutación
V⁴⁴>I

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-chain: 3-48, 34-62, 67-111, 96-123, 128-174, 160-187, 192-233, 219-244, 249-291, 276-302, 307-356, 339-367, 371-413, 398-424, 430-476, 459-487, 491-535, 518-546, 551-593, 579-605, 612-655, 641-666, 673-715, 701-726, 735-774, 763-785, 793-835, 821-846, 852-897, 883-908, 913-955, 941-966, 971-1014, 1000-1025, 1030-1073, 1059-1084, 1091-1134, 1120-1145, 1149-1200, 1183-1210

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
N511, N700, N784, N804, N864, N893, N1011, N1077

zecdarasibum

zecdarasib

3-[(7*M*)-1-[(1*R*,4*R*,5*S*)-2-azabicyclo[2.1.1]hexan-5-yl]-2-[(1*R*,3*R*,5*R*)-2-(cyclopropanecarbonyl)-2-azabicyclo[3.1.0]hexan-3-yl]-7-(2,3-dichlorophenyl)-6-fluoro-4-methyl-1*H*-pyrrolo[3,2-*c*]quinolin-8-yl]propanenitrile
Kirsten rat sarcoma viral oncogene homologue (KRAS) inhibitor, antineoplastic

zecdarasib

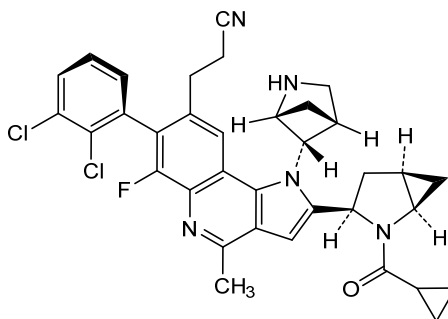
3-[(7*M*)-1-[(1*R*,4*R*,5*S*)-2-azabicyclo[2.1.1]hexan-5-yl]-2-[(1*R*,3*R*,5*R*)-2-(cyclopropanecarbonyl)-2-azabicyclo[3.1.0]hexan-3-yl]-7-(2,3-dichlorophényl)-6-fluoro-4-méthyl-1*H*-pyrrolo[3,2-*c*]quinolin-8-yl]propanenitrile
inhibiteur de l'homologue de l'oncogène viral du sarcome du rat de Kirsten (KRAS), antinéoplasique

zecdarasib

3-[(7*M*)-1-[(1*R*,4*R*,5*S*)-2-azabicyclo[2.1.1]hexan-5-il]-2-[(1*R*,3*R*,5*R*)-2-(ciclopropanocarbonil)-2-azabicyclo[3.1.0]hexan-3-il]-7-(2,3-diclorofenil)-6-fluoro-4-metil-1*H*-pirrolo[3,2-*c*]quinolin-8-il]propanenitrilo
inhibidor homólogo del oncogén viral del sarcoma de rata de Kirsten (KRAS), antineoplásico

C₃₅H₃₂Cl₂FN₅O

3080960-85-3

**zefoscytarabinum**

zefoscytarabine

4-amino-1-{5-O-[(2*R*,4*S*)-2-oxo-4-(pyridin-4-yl)-1,3,2λ⁵-dioxaphosphinan-2-yl]-β-D-arabinofuranosyl}pyrimidin-2(1*H*)-one
antimetabolite, antineoplastic

zéfoscytarabine

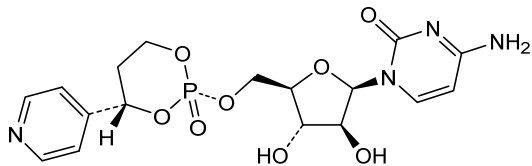
4-amino-1-{5-O-[(2*R*,4*S*)-2-oxo-4-(pyridin-4-yl)-1,3,2λ⁵-dioxaphosphinan-2-yl]-β-D-arabinofuranosyl}pyrimidin-2(1*H*)-one
antimétabolite, antinéoplasique

zefoscitarabina

4-amino-1-{5-O-[(2*R*,4*S*)-2-oxo-4-(piridin-4-il)-1,3,2λ⁵-dioxafosfinan-2-il]-β-D-arabinofuranosil}pirimidin-2(1*H*)-ona
antimetabolito, antineoplásico

C₁₇H₂₁N₄O₈P

685111-92-6



zepatubtidum # zepatubtide	recombinant variant of the <i>Mycobacterium tuberculosis</i> 6kDa early secretory antigenic target (ESAT-6, <i>esxA</i> , <i>Rv3875</i> , Uniprot: P9WNK7), (¹ DTRSM ⁵ >ins) (1-94, 6-99 in the current sequence), fused via peptide linker ¹⁰⁰ RSM ¹⁰² to a second 6kDa early secretory antigenic target (ESAT-6) (1-94, 103-196 in the current sequence), produced in <i>Lactococcus lactis</i> , non-glycosylated <i>diagnostic agent (tuberculosis)</i>
zépatubtide	variante recombinante de la cible antigénique sécrétoire précoce de 6 kDa de <i>Mycobacterium tuberculosis</i> (ESAT-6, <i>esxA</i> , <i>Rv3875</i> , Uniprot: P9WNK7), (¹ DTRSM ⁵ >ins) (1-94, 6-99 dans la séquence actuelle), fusionnée par un coupleur polypeptidique ¹⁰⁰ RSM ¹⁰² à une seconde cible antigénique sécrétoire précoce de 6 kDa (ESAT-6) (1-94, 103-196 dans la séquence actuelle), produite dans <i>Lactococcus lactis</i> , non glycosylé <i>agent diagnostique (tuberculose)</i>
zepatubtida	variante recombinante del antígeno secretor temprano de 6 kDa de <i>Mycobacterium tuberculosis</i> (ESAT-6, <i>esxA</i> , <i>Rv3875</i> , Uniprot: P9WNK7), (¹ DTRSM ⁵ >ins) (1-94, 6-99 en la secuencia actual), fusionada mediante un acoplador polipeptídico ¹⁰⁰ RSM ¹⁰² a un segundo antígeno secretor temprano de 6 kDa (ESAT-6) (1-94, 103-196 en la secuencia actual), producido en <i>Lactococcus lactis</i> , no glicosilado <i>agente de diagnóstico (tuberculosis)</i>

3084143-81-4

Sequence / Séquence / Secuencia	
<u>DTRSM</u> TEQQW NFAGIEAAAS AIQGNVTSIH SLDEGKQSL TKLAAWGGSS	50
GSEAYQGVQQ KWDATATELN NALQNLARTI SEAGQAMAST EGNVTGMFAR	100
<u>SM</u> TEQQWNFA GIEAAASAIQ GNVTSIHSL DEGKQSLTKL AAAGGSGSSE	150
AYQGVQQKWD ATATELNNAL QNLARTISEA GQAMASTEGR VTGMFA	196

Mutation / Mutation / Mutación
¹DTRSM⁵>ins

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión
¹⁰⁰RSM¹⁰²

zeptenstatum

zeptenstat

(7*R*)-7-*tert*-butyl-2-methoxy-3-(3-methoxypropoxy)-11-oxo-6,7-dihydro-11*H*-pyrido[1,2-*d*][1,4]benzoxazepine-10-carboxylic acid
hepatitis B surface antigen (HBsAg) inhibitor, antiviral

zeptenstat

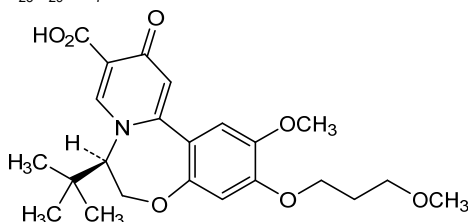
acide (7*R*)-7-*tert*-butyl-2-méthoxy-3-(3-méthoxypropoxy)-11-oxo-6,7-dihydro-11*H*-pyrido[1,2-*d*][1,4]benzoxazépine-10-carboxylique
inhibiteur de l'antigène de surface de l'hépatite B (HBsAg), antiviral

zeptenstat

ácido (7*R*)-7-*tert*-butil-2-metoxi-3-(3-metoxipropoxi)-11-oxo-6,7-dihidro-11*H*-pirido[1,2-*d*][1,4]benzoxazepina-10-carboxílico
inhibidor del antígeno de superficie de la hepatitis B (HBsAg), antiviral

C₂₃H₂₉NO₇

2270215-69-3

**zetrukibartum #**

zetrukibart

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL1RAP (interleukin-1 receptor accessory protein)], humanized monoclonal antibody; H-gamma4 heavy chain humanized (1-446) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (81.4%) -IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.14] (26-33.51-57.96-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 6-G4v4 CH2 A1.3, A1.2, 10-G4v110 delK2 (CH1 (121-218), hinge 1-12 S10>P (228) (219-230), CH2 L92 (309), F1.3>A (234), L1.2>A (235) (231-340), CH3 (341-445), CHS K2>del (446)) (121-446)], (134-215')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (89.1%) -IGKJ1*01 (90.0%) E125>V (106'), CDR-IMGT [6.3.10] (27'-32'.50'-52'.89'-98')) (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (154'), V101 (192')) (109'-215')]; dimer (226-226":229-229")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DXB11, glycoform alfa
immunomodulator

zétrukibart

immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL1RAP (protéine accessoire du récepteur de l'interleukine-1)], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde H-gamma4 humanisée (1-446) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (81.4%) -IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.14] (26-33.51-57.96-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 6-G4v4 CH2 A1.3, A1.2, 10-G4v110 delK2 (CH1 (121-218), charnière 1-12 S10>P (228) (219-230), CH2 L92 (309), F1.3>A (234), L1.2>A (235) (231-340), CH3 (341-445), CHS K2>del (446)) (121-446)], (134-215')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (89.1%) -IGKJ1*01 (90.0%) E125>V (106'), CDR-IMGT [6.3.10] (27'-32'.50'-52'.89'-98')) (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (154'), V101 (192')) (109'-215')]; dimère (226-226":229-229")-bisdisulfure, produit

	dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DXB11, glycoforme alfa <i>immunomodulateur</i>
zetrukibart	inmunoglobulina G4-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> IL1RAP (proteína accesoria del receptor de la interleukina-1)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada H-gamma4 humanizada (1-446) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-66*01 (81.4%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.14] (26-33.51-57.96-109)) (1-120) -<i>Homo sapiens</i> IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 6-G4v4 CH2 A1.3, A1.2, 10-G4v110 delK2 (CH1 (121-218), bisagra 1-12 S10>P (228) (219-230), CH2 L92 (309), F1.3>A (234), L1.2>A (235) (231-340), CH3 (341-445), CHS K2>del (446)) (121-446)], (134-215')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-215') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 (89.1%) -IGKJ1*01 (90.0%) E125>V (106'), CDR-IMGT [6.3.10] (27'-32'.50'-52'.89'-98')) (1'-108') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (154'), V101 (192')) (109'-215')]; dímero (226-226":229-229")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DXB11, forma glicosilada alfa <i>immunomodulador</i>
	3075447-04-7 Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H") EVQLEESGGR LVQPGETSLRL SCAVSGFSL S YDMSWVRQA PGKGLEWVST 50 IYIGGTTAYA SWPKGRFTIS KTNKNTLYL QMNSLRAEDT AVYFCARLQG 100 ANYYNLALW GQGTTLVTSS ASTKGPSVFP LAPCSRSTSE STAALGCLVK 150 DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTKT 200 YTCNVDHKPS NTKVDKRVES KYGPPCPPCP APEAAGGPSV FLFPKPKDPT 250 LMISRTPEVT CVVVDVSQED PEVQFNWYVD GVEVHNAKT PREEQFNSTY 300 RVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKGLPS SIEKTISKAK GQPREPQVYT 350 LPPSQEEMTK NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTTTPPVLD 400 DGSFFLYSRL TVDKSRWQEG NVFSCSVME ALHNHYTQKS LSLSLG 446 Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L") DVQMTQSPSS LSASVGDRTV ITCQASQSIY SFLSWYQQKQ GQAPKLLIYA 50 ASDLESGVPS RFSGSGSGTD FTLTISSLQP EDFATYYCQS NYIIDYGAFG 100 QGTKVVIKRT VAAPSVFIFP PSDEQLKSGT ASVVCLLNNF YPREAKVQWK 150 VDNALQSGNS QESVTEQDSK DSTYLSSTL TLSKADYEK KUYACEVTHQ 200 GLSSPVTKSF NRGEC 215 Post-translational modifications Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro Intra-H (C23-C104) 22-95 147-203 261-321 367-425 22"-95" 147"-203" 261"-321" 367"-425" Intra-L (C23-C104) 23'-88' 135'-195' 23'''-88''' 135'''-195''' Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 134-215' 134"-215'" Inter-H-H (h 8, h 11) 226-226" 229-229" N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación H CH2 N84.4: 297, 297" Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennares complejos fucosilados
zilemaltibum	
zilemaltib	(8<i>R</i>)-<i>N</i>-[5-chloro-6-(2<i>H</i>-1,2,3-triazol-2-yl)pyridin-3-yl]-2-fluoro-8-methyl-8-(trifluoromethyl)-7,8-dihydro-6<i>H</i>-pyrazolo[1,5-<i>a</i>]pyrrolo[2,3-<i>e</i>]pyrimidine-6-carboxamide <i>mucosa-associated lymphoid tissue lymphoma translocation protein 1 (MALT1) inhibitor, antineoplastic</i>

zilémaltib

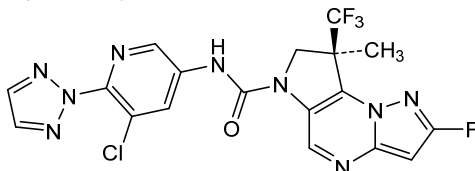
(8*R*)-*N*-[5-chloro-6-(2*H*-1,2,3-triazol-2-yl)pyridin-3-yl]-2-fluoro-8-méthyl-8-(trifluorométhyl)-7,8-dihydro-6*H*-pyrazolo[1,5-*a*]pyrrolo[2,3-*e*]pyrimidine-6-carboxamide
inhibiteur de la protéine 1 de translocation du lymphome du tissu lymphoïde associé aux muqueuses (MALT1), antinéoplasique

zilemaltib

(8*R*)-*N*-[5-cloro-6-(2*H*-1,2,3-triazol-2-il)piridin-3-il]-2-fluoro-8-metil-8-(trifluorometil)-7,8-dihidro-6*H*-pirazolo[1,5-*a*]pirrolo[2,3-*e*]pirimidina-6-carboxamida
inhibidor de la proteína 1 de translocación del linfoma de tejido linfoide asociado a mucosas (MALT1), antineoplásico

C₁₈H₁₂ClF₄N₉O

2661481-41-8

**ziloretgenum parvecum #**

ziloretgene parvec

recombinant non-replicating adeno-associated virus serotype 44.9(E531D) [rAAV44.9 (E531D) variant, also known as AAV.SPR] vector, encoding human retinoschisin (RS1) preceded by a simian virus 40 donor/splice acceptor element and a Kozak sequence, with expression under control of a photoreceptor-specific human rhodopsin kinase 1 (hGRK1) promoter, a Woodchuck hepatitis virus post-transcriptional regulatory element (WPRE) and a bovine growth hormone (bGH) polyadenylation signal (polyA). The vector genome also contains a non-coding stuffer sequence to increase the genome length for optimal packaging and is flanked by AAV2 inverted terminal repeats (ITRs)
gene therapy (X-linked retinoschisis)

ziloretgène parvec

vecteur de virus adéno-associé de sérotype 44.9(E531D) recombinant [variant rAAV44.9 (E531D) également connu sous le nom d'AAV.SPR], non réplcatif, codant la rétinoshisine humaine (RS1), précédée d'un élément donneur/accepteur d'épissage du virus simien 40 et d'une séquence de Kozak dont l'expression est contrôlée par un promoteur de la rhodopsine kinase 1 humaine spécifique des photorécepteurs (hGRK1), un élément régulateur post-transcriptionnel du virus de l'hépatite de la marmotte (WPRE) et un signal de polyadénylation (polyA) de l'hormone de croissance bovine (bGH). Le génome du vecteur contient également une séquence de remplissage non codante, destinée à augmenter la longueur du génome pour un encapsidage optimal, et est flanqué de séquences répétées terminales inversées (ITRs) d'AAV2
thérapie génique (rétinoschisis lié au chromosome X)

ziloretgén parvec

vector de virus adenoasociado del serotipo 44.9(E531D) recombinante [variante rAAV44.9 (E531D), también conocido como AAV.SPR], no replicativo, que codifica la retinosquisina humana (RS1) precedida por un elemento donante/aceptor del procesamiento del virus simio 40 y una secuencia Kozak, con expresión bajo el control de un promotor específico de fotorreceptores de la rodopsina quinasa 1 humana (hGRK1), un

elemento regulador post-transcripcional del virus de la hepatitis de la marmota (WPRE) y una señal de poliadenilación (poliA) de la hormona de crecimiento bovina (bGH). El genoma del vector también contiene una secuencia de relleno no codificadora para incrementar la longitud del genoma para un empaquetamiento óptimo y está flanqueado por repeticiones terminales invertidas (ITRs) del AAV2

terapia génica (retinosquiasis ligada al cromosoma X)

2760253-79-8

zimlekitugum #
zimlekitug

immunoglobulin G1-lambda2, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF1B (tumor necrosis factor receptor (TNFR) superfamily member 1B, TNFR2, TNFR type II, p75, CD120b)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;

H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*03 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.15] (26-33.51-57.96-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (218) (122-219), hinge 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-216')-disulfide with L-lambda2 light chain *Homo sapiens* (1'-217') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-47*02 (91.9%) -IGLJ3*02 (100%), CDR-IMGT [9.3.11] (26-34.52-54.91-101)) (1'-111') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (C-LAMBDA2) (112'-217'')]; dimer (230-230'':233-233'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, glycoform alfa *antineoplastic*

zimlékitug

immunoglobuline G1-lambda2, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF1B (membre 1B de la superfamille des récepteurs des facteurs de nécrose tumorale (TNFR), TNFR2, TNFR type II, p75, CD120b)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;

chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens* (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*03 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.15] (26-33.51-57.96-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (218) (122-219), charnière 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-216')-disulfure avec la chaîne légère L-lambda2 *Homo sapiens* (1'-217') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-47*02 (91.9%) -IGLJ3*02 (100%), CDR-IMGT [9.3.11] (26-34.52-54.91-101)) (1'-111') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (C-LAMBDA2) (112'-217'')]; dimère (230-230'':233-233'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, ne présentant pas le gène de la glutamine synthétase (GS-KO), glycoforme alfa *antinéoplasique*

zimlekitug

inmunoglobulina G1-lambda2, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF1B (miembro 1B de la superfamilia de los receptores de los factores de necrosis tumoral (TNFR), TNFR2, TNFR tipo II, p75, CD120b)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*;

cadena pesada H-gamma1 *Homo sapiens* (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*03 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.15] (26-33.51-57.96-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (218) (122-219), bisagra1-15 (220-234), CH2 (235-344),

CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-216')-disulfuro con la cadena ligera L-lambda2 *Homo sapiens* (1'-217') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-47*02 (91.9%) -IGLJ3*02 (100%), CDR-IMGT [9.3.11] (26-34.52-54.91-101)) (1'-111') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (C-LAMBDA2) (112'-217')]; dímero (230-230":233-233")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, en ausencia del gen de la glutamina sintetasa (GS-KO), forma glicosilada alfa *antineoplásico*

3079497-57-4

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H")
EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFD DYGMSSWVRQA PGKGLEWVSV 50
IYSGGGSTYYA DSVKGRFTIS RDNSKNTLYL QMNSLRAEDT AVYYCARDRS 100
SSWYRDGMDV WQOGTLVTVS SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV 150
KDYFFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS SGLYSLSSVV TTPSSSLGTQ 200
TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSCDKTHTC PPCAPELLG GPSVFLFPPK 250
PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKGQPREP 350
QVYTLPPSRD ELTKNQVSLT CLVKGFYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTPPP 400
VLDSGSGFFL YSKLTVDKSR WQQGNVFSCS VMHEALHNHY TQKSLSLSPG 450
K 451

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L")
QSVLTQPPSA SGTPGQRVTI SCTGSSSNIG AGYDVHWYQQ LPGTAPKLLI 50
YGNNSNRPSGV PDRFSGSKSG TSASLAISGL RSEDEADYYC AAWDDSLSGW 100
VFGGGTKLTV LGQPKAAPSV TLFPPSSEEL QANKATLVCL ISDFYPGAVT 150
VAWKADSSPV KAGVETTPFS KQSNNKYAAS SYLSLTPEQW KSHRSYSCQV 200
THEGSTVEKT VAPTECS 217

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22-95 148-204 265-325 371-429
22"-95" 148"-204" 265"-325" 371"-429"

Intra-L (C23-C104) 22'-90' 139'-198'
22'''-90''' 139'''-198'''

Inter-H-L (h 5-CL 126) 224-216' 224"-216"

Inter-H-H (h 11, h 14) 230-230" 233-233"

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del

glutaminilo N-terminal

Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl) / pyroglutamyne (pE, 5-oxopropyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)

L VL V-LAMBDA Q1: 1', 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 301, 301"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: 451, 451"

zormapatidium
zormapatide

L-tyrosyl-2-methylalanyl-L- α -glutamylglycyl-L-threonyl-L-phenylalanyl-L-isoleucyl-L-seryl-L- α -aspartyl-L-tyrosyl-L-seryl-L-lysyl-L-alanyl-L-leucyl-L- α -aspartyl-L-lysyl-L-isoleucyl-L-histidyl-L-glutaminy-L-glutaminy-L- α -aspartyl-L-phenylalanyl-L-valyl-L-asparaginy-L-tryptophyl-L-leucyl-L-leucyl-L-alanyl-L-glutaminy-L-lysylglycyl-L-lysyl-N⁶-[N-(19-carboxynonadecanoyl)-L- γ -glutamyl-L-lysyl]-L-lysine
gastric inhibitory polypeptide (GIP) receptor agonist, antidiabetic

zormapatide

L-tyrosyl-2-méthylalanyl-L-α-glutamylglycyl-L-thréonil-L-phénylalanyl-L-isoleucyl-L-séryl-L-α-aspartyl-L-tyrosyl-L-séryl-L-lysyl-L-alanyl-L-leucyl-L-α-aspartyl-L-lysyl-L-isoleucyl-L-histidyl-L-glutaminy-L-glutaminy-L-α-aspartyl-L-phénylalanyl-L-valyl-L-asparaginy-L-tryptophyl-L-leucyl-L-leucyl-L-alanyl-L-glutaminy-L-lysylglycyl-L-lysyl-N⁶-[N-(19-carboxynonadécanoil)-L-γ-glutamyl-L-lysyl]-L-lysine
agoniste du récepteur du polypeptide inhibiteur gastrique (GIP), antidiabétique

zormapatida

L-tirosil-2-metilalanil-L-α-glutamilglicil-L-treonil-L-fenilalanil-L-isoleucil-L-seril-L-α-aspartil-L-tirosil-L-seril-L-lisil-L-alanil-L-leucil-L-α-aspartil-L-lisil-L-isoleucil-L-histidil-L-glutaminil-L-glutaminil-L-α-aspartil-L-fenilalanil-L-valil-L-asparaginil-L-triptofil-L-leucil-L-leucil-L-alanil-L-glutaminil-L-lisilglicil-L-lisil-N⁶-[N-(19-carboxinonadecanoil)-L-γ-glutamil-L-lisil]-L-lisina
agonista dual del receptor del polipéptido inhibidor gástrico (GIP), antidiabético

C₂₀₉H₃₂₆N₄₈O₅₈

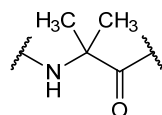
3056608-43-3

Sequence / Séquence / Secuencia

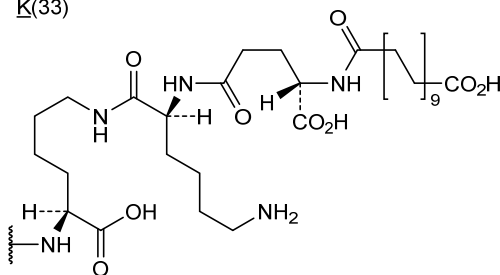
Y A E G T F I S D Y S K A L D K I H Q Q D F V N W L L A Q K G K K 33

Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados

A(2)



K(33)

**zotemtegrastum**

zotemtegrast

(3S)-3-[(2S)-2-{5-[2-(dimethylamino)ethyl]-2-oxo-4-(trifluoromethyl)pyridin-1(2H)-yl]-4-methylpentanamido]-3-(4-fluoro-2',4',5,6'-tetramethyl[1,1'-biphenyl]-3-yl)propanoic acid
integrin antagonist, anti-inflammatory

zotemtégrast

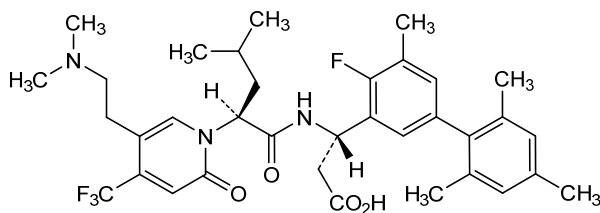
acide (3S)-3-[(2S)-2-{5-[2-(diméthylamino)éthyl]-2-oxo-4-(trifluorométhyl)pyridin-1(2H)-yl]-4-méthylpentanamido]-3-(4-fluoro-2',4',5,6'-tétraméthyl[1,1'-biphényl]-3-yl)propanoïque
antagoniste d'intégrine, anti-inflammatoire

zotemtegrast

ácido (3S)-3-[(2S)-2-{5-[2-(dimetilamino)etil]-2-oxo-4-(trifluorometil)piridin-1(2H)-il]-4-metilpentanamido]-3-(4-fluoro-2',4',5,6'-tetrametil[1,1'-bifenil]-3-il)propanoico
antagonista de integrinas, antiinflamatorio

C₃₅H₄₃F₄N₃O₄

2640360-52-5



zulaporsenum rocopertidum

zulaporsen rocopertide

all-P-ambo-N^{2,23}-(N⁶-acetyl-D-arginyl-D-alanyl-D-seryl-D-alanyl-D-arginyl-D-arginyl-D-alanyl-D-seryl-D-alanyl-D-arginyl-D-arginyl-D-alanyl-D-asparaginy-D-alanyl-D-arginy-D-arginy-D-alanyl-D-asparaginy-D-alanyl-D-arginy-D-arginy-D-serylglycylglycyl-D-arginyglycyl-D-alanyl-D-serylglycylglycyl-D-alanyl-D-serylglycyl)[2',3'-azanediy-P,2',3'-trideoxy-P-(dimethylamino)-2',3'-seco](N²→5')(C-A-A-C-C-A-C-m⁵U-m⁵U-m⁵U-A-C-C-C-m⁵U-m⁵U-m⁵U-A-G-G-C)

promotion of optic atrophy 1 (OPA1) synthesis

zulaporsen rocopertide

tout-P-ambo-N²,23-(N²-acétyl-D-arginyl-D-alanyl-D-séryl-D-alanyl-D-arginyl-D-arginyl-D-alanyl-D-séryl-D-alanyl-D-arginyl-D-arginyl-D-alanyl-D-asparaginy-D-alanyl-D-arginyl-D-arginyl-D-sérylglycylglycyl-D-arginylglycyl-D-alanyl-D-sérylglycylglycyl-D-alanyl-D-sérylglycyl)[2',3'-azanediyl-2',3',P-tridésoxy-P-(diméthylamino)-2',3'-séco](N²→5')-(C-A-A-C-C-A-C-m⁵U-m⁵U-m⁵U-A-C-C-C-m⁵U-m⁵U-m⁵U-G-G-G-C)

augmentation de la synthèse de la protéine OPA1 (atrophie optique 1)

zulaporsén rocopertida

todo-P-ambo-N^{2'}₂₃-(N²-acetil-D-arginil-D-alanil-D-seril-D-alanil-D-arginil-D-arginil-D-alanil-D-seril-D-alanil-D-arginil-D-arginil-D-alanil-D-asparaginil-D-alanil-D-arginil-D-arginil-D-alanil-D-asparaginil-D-alanil-D-arginil-D-arginil-D-serilglicilglicil-D-arginilglicil-D-alanil-D-serilglicilglicil-D-arginil-D-serilglicil)[2',3'-azanodil-2',3',P'-tridesoxi-P'(dimetilamino)-2',3'-seco](N^{9'}-5')(C-A-A-C-C-A-C-m⁵U-m⁵U-m⁵U-A-C-C-C-m⁵U-m⁵U-m⁵U-A-G-G-C)

promoción de la síntesis de atrofia óptica 1 (OPA1)

$$\text{C}_{392}\text{H}_{644}\text{N}_{186}\text{O}_{134}\text{P}_{22}$$

3119104-72-9

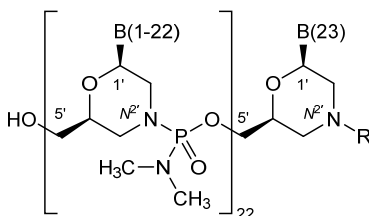
Sequences / Séquences / Secuencias:

5' CAACCACUUU ACCCUUUCUA GGC 3' (1-23)

N : nucleoside / nucléoside / nucleósido

B : nucleobase / nucléobase / nucleobase

N : 5-methyl-N / 5-méthyl-N / 5-metil-N



R:

all-D-CH₃CO-RASARRASAR RANARRANAR RSGGRGASGG ASG—

zumododstatum

zumododstat

(1*S*)-2-[4,6-bis(trifluoromethyl)-1,3,5-triazin-2-yl]-6-chloro-1-[2-(morpholin-4-yl)pyrimidin-5-yl]-2,3,4,9-tetrahydro-1*H*-pyrido[3,4-*b*]indole
dihydroorotate dehydrogenase (DHODH) inhibitor

zumododstat

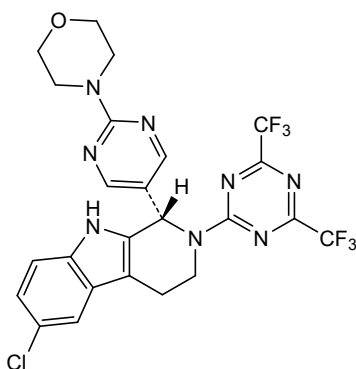
(1*S*)-2-[4,6-bis(trifluorométhyl)-1,3,5-triazin-2-yl]-6-chloro-1-[2-(morpholin-4-yl)pyrimidin-5-yl]-2,3,4,9-tétrahydro-1*H*-pyrido[3,4-*b*]indole
inhibiteur de la dihydroorotate déshydrogénase (DHODH)

zumododstat

(1*S*)-2-[4,6-bis(trifluorometil)-1,3,5-triazin-2-il]-6-cloro-1-[2-(morfolin-4-il)pirimidin-5-il]-2,3,4,9-tetrahidro-1*H*-pirido[3,4-*b*]indol
inhibidor de la dihidroorotato deshidrogenasa (DHODH)

C₂₄H₁₉ClF₆N₈O

2950906-41-7

# Electronic structure available on MedNet: <https://extranet.who.int/soinn/># Structure électronique disponible sur MedNet: <https://extranet.who.int/soinn/># Estructura electrónica disponible en MedNet: <https://extranet.who.int/soinn/>

Proposed International Nonproprietary Names: List 135 –COVID-19 (special edition)

Comments on, or formal objections to, the proposed names may be forwarded by any person to the INN Programme of the World Health Organization within four months of the date of their publication in *WHO Drug Information*, i.e., for **List 135 of Proposed INN not later than 20 November 2026**.

Publication date: 20/07/2026

Dénominations communes internationales proposées: Liste 135 - COVID-19 (édition spéciale)

Des observations ou des objections formelles à l'égard des dénominations proposées peuvent être adressées par toute personne au Programme des Dénominations communes internationales de l'Organisation mondiale de la Santé dans un délai de quatre mois à compter de la date de leur publication dans *WHO Drug Information*, c'est à dire pour la **Liste 135 de DCI Proposées le 20 novembre 2026 au plus tard. Date de publication : 20/07/2026**

Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas: Lista 135 - COVID-19 (edición especial)

Cualquier persona puede dirigir observaciones u objeciones respecto de las denominaciones propuestas, al Programa de Comunes Internacionales de la Organización Mundial de la Salud, en un plazo de cuatro meses, contados desde la fecha de su publicación en *WHO Drug Information*, es decir, para **la Lista 135 de DCI Propuestas el 20 de Noviembre de 2026 a más tardar**.

Fecha de publicación: 20/07/2026

<i>Proposed INN</i> (Latin, English, French, Spanish)	<i>Chemical name or description: Action and use: Molecular formula, Chemical Abstracts Service (CAS) registry number: Graphic formula</i>
<i>DCI Proposée</i>	<i>Nom chimique ou description: Propriétés et indications: Formule brute, Numéro dans le registre du CAS: Formule développée</i>
<i>DCI Propuesta</i>	<i>Nombre químico o descripción: Acción y uso: Fórmula molecular, Número de registro del CAS: Fórmula desarrollada</i>

camrovameranum #

camrovameran

self-amplifying messenger RNA (mRNA), 5'-capped, encoding Venezuelan equine encephalitis virus (VEEV; strain TC-83) RNA-dependent RNA polymerase complex (VEEV non-structural proteins 1-4 (nsP1, nsP2, nsP3 and nsP4)) and a codon-optimised receptor binding domain (RBD) of the SARS-CoV-2 (severe acute respiratory syndrome coronavirus 2) spike (S) glycoprotein (Omicron JN.1 variant derived from GenBank ID: PP298019; amino acids 311-514 of the mature protein), preceded by the SARS-CoV-2 signal peptide and fused to an H1N1 influenza virus hemagglutinin transmembrane domain and a universal (pan) HLA DR-binding epitope (PADRE), flanked by VEEV 5' and 3' untranslated regions (UTRs) and terminated with a 3' polyadenylation (polyA) tail; contains 5-methylcytosine instead of cytosine (*all-C>5mC*). Generation of the SARS-CoV-2 RBD mRNA is under control of the VEEV subgenomic promoter
immunological agent for active immunization (anti-SARS-CoV-2)

camrovaméran

ARN messenger auto-amplifiant (ARNm), avec une coiffe en 5', codant pour le complexe d'ARN polymérase ARN-dépendante (protéines non structurales 1-4 [nsP1, nsP2, nsP3 et nsP4]) du virus de l'encéphalite équine vénézuélienne (VEEV; souche TC-83) et un domaine de liaison au récepteur (RBD), optimisé pour les codons, de la glycoprotéine du spicule (S) (variante Omicron JN.1 dérivée de GenBank ID: PP298019; acides aminés 311 à 514 de la protéine mature), du SRAS-CoV-2 (coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère), précédée du peptide signal du SRAS-CoV-2 et fusionnée à un domaine transmembranaire d'hémagglutinine du virus de la grippe H1N1, et à un épitope universel (pan) de liaison au HLA DR (PADRE), flanqué des régions non traduites de VEEV (UTRs) en 3' et 5' et terminées par une queue de polyadénylation (polyA) en 3'; contient de la 5-méthylcytosine au lieu de la cytosine (*tout-C>5mC*). La génération de l'ARNm du SRAS-CoV-2 RBD est sous le contrôle du promoteur subgénomique du VEEV
agent immunologique pour immunisation active (anti-SRAS-CoV-2)

camrovamerán

ARN mensajero (ARNm) auto amplificante, protegido mediante caperuza en 5', que codifica el complejo de ARN polimerasa dependiente de ARN (proteínas no estructurales 1-4 de VEEV [nsP1, nsP2, nsP3 y nsP4]) del virus de la encefalitis equina venezolana (VEEV; cepa TC-83) y un dominio de unión al receptor con codones optimizados (RBD) de la glicoproteína de la espícula (S) (variante Omicron JN.1 derivada de GenBank ID: PP298019; aminoácidos 311-514 de la proteína madura) del SRAS-CoV-2 (coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo), precedido por el péptido señal del SRAS-CoV-2 y fusionado a un dominio transmembrana de la hemagglutina del virus de la gripe H1N1 y un epítipo universal (pan) de unión a HLA DR (PADRE), flanqueado por regiones no traducidas (UTRs) 5' y 3' de VEEV y terminado con una cola de poliadenilación 3' (poliA); contiene 5-metilcitosina en lugar de citosina (*todos-C>5 mC*). La generación del ARNm de RBD del SRAS-CoV-2 está bajo el control del promotor subgenómico de VEEV
agente inmunológico para inmunización activa (anti-SRAS-CoV-2)

3119105-05-1

losudesivirum

losudesivir

2-C-(4-aminopyrrolo[2,1-f][1,2,4]triazin-7-yl)-2,5-anhydro-D-altrोनonitrile 6-cyclohexanecarboxylate
adenosine analogue, antiviral

losudésivir

6-cyclohexanecarboxylate de 2-C-(4-aminopyrrolo[2,1-f][1,2,4]triazin-7-yl)-2,5-anhydro-D-altrोनonitrile
analogue de l'adénosine, antiviral

Proposed INN: List 135

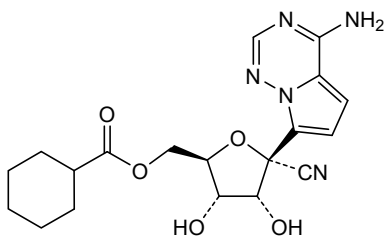
losudesivir

WHO Drug Information, Vol. 40, No. 2, 2026

6-ciclohexanocarboxilato de 2-C-(4-aminopirrolo[2,1-f][1,2,4]triazin-7-il)-2,5-anhidro-D-altronitrilo
análogo de la adenosina, antiviral

$C_{19}H_{23}N_5O_5$

2691076-98-7



Names for chemical modifications of INN (substituent groups, counterions, adduct partners, etc.):

Many pharmaceutical substances for which an International Nonproprietary Name (INN) has been established are used as modified derivatives (salts, esters, protein-drug conjugates, solvates, etc.). The chemical modification (including counterions) involved may be of complex nature and it is then inconvenient to use its systematic chemical name. Consequently, shorter nonproprietary names for such modifications have been devised, and these are recommended for creating modified International Nonproprietary Names (INN).

Dénominations applicables aux modifications chimiques des DCI (groupes substituants, contre-ions, adduits, etc.) :

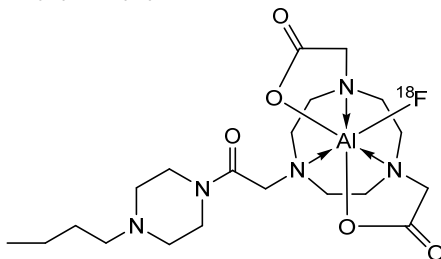
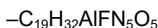
Certaines substances pour lesquelles une dénomination commune internationale proposée a été établie sont parfois utilisées comme dérivés modifiés (sels, esters, médicaments conjugués à des protéines, produits de solvatation, etc.). Les modifications chimiques (incluant les contre-ions) sont alors quelques fois si complexes qu'il est malcommode de les désigner conformément à la nomenclature chimique systématique. Des dénominations communes abrégées ont donc été formées ou choisies pour certaines d'entre elles et il est suggéré de les employer pour créer les dénominations communes internationales modifiées (DCIM).

Denominaciones aplicables a modificaciones químicas de las DCI (grupos sustituyentes, contraiones, aductos, etc.):

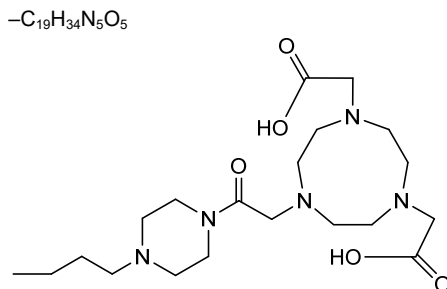
Muchas sustancias farmacéuticas para las cuales hay establecidas una denominación común internacional (DCI) pueden usarse como derivados modificados (sales, ésteres, medicamentos conjugados con proteínas, solvatos, etc.). Las modificaciones químicas (incluidos los contraiones) implicadas pueden ser de naturaleza compleja y por tanto es inapropiado utilizar su nombre químico sistemático. Como consecuencia, se han diseñado denominaciones abreviadas para estas modificaciones y se recomiendan para la creación de Denominaciones Comunes Internacionales modificadas (DCIM).

alulocexetanium (¹⁸F)

alulocexetan (¹⁸ F)	3-(4-[[4,7-bis(carboxylato-κO-methyl)-1,4,7-triazonan-1-yl-κ ³ N ¹ ,N ⁴ ,N ⁷]acetyl]piperazin-1-yl)propyl, chelate with fluoroaluminium(2+)
alulocexétan (¹⁸ F)	3-(4-[[4,7-bis(carboxylato-κO-méthyl)-1,4,7-triazonan-1-yl-κ ³ N ¹ ,N ⁴ ,N ⁷]acétyl]pipérazin-1-yl)propyle, chélate avec fluoroaluminium(2+)
alulocexetán (¹⁸ F)	3-(4-[[4,7-bis(carboxilato-κO-metil)-1,4,7-triazonan-1-il-κ ³ N ¹ ,N ⁴ ,N ⁷]acetil]piperazin-1-il)propilo, quelato con fluoroaluminio(2+)

**locexetanium**

locexetan	3-(4-[[4,7-bis(carboxylato-κO-methyl)-1,4,7-triazonan-1-yl-κ ³ N ¹ ,N ⁴ ,N ⁷]acetyl]piperazin-1-yl)propyle
locexétan	3-(4-[[4,7-bis(carboxylato-κO-méthyl)-1,4,7-triazonan-1-yl-κ ³ N ¹ ,N ⁴ ,N ⁷]acétyl]pipérazin-1-yl)propyle
locexetán	3-(4-[[4,7-bis(carboxilato-κO-metil)-1,4,7-triazonan-1-il-κ ³ N ¹ ,N ⁴ ,N ⁷]acetil]piperazin-1-il)propilo

**bentoxetanum**

bentoxetan

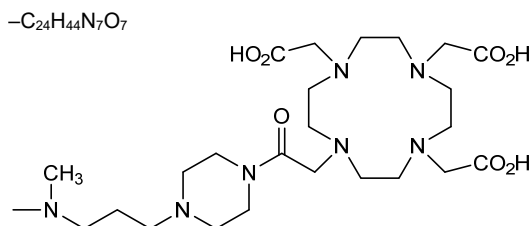
methyl[3-(4-{[4,7,10-tris(carboxymethyl)-1,4,7,10-tetraazacyclododecan-1-yl]acetyl}piperazin-1-yl)propyl]amino

bentoxétan

méthyl[3-(4-{[4,7,10-tris(carboxyméthyl)-1,4,7,10-tétraazacyclododécán-1-yl]acétyl}pipérazin-1-yl)propyl]amino

bentoxetán

metil[3-(4-{[4,7,10-tris(carboximetil)-1,4,7,10-tetraazaciclododecan-1-il]acetil}piperazin-1-il)propil]amino

**birsatecanum**

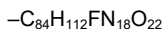
birsatecan

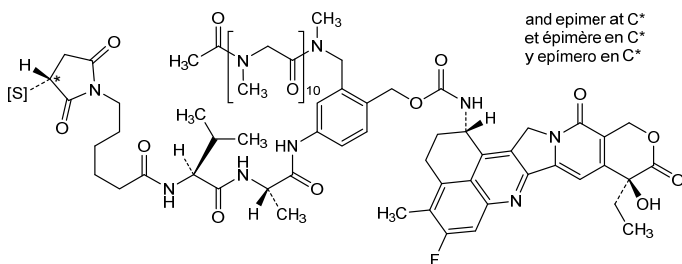
(3*RS*)-1-(6-{[(2*S*)-1-[(2*S*)-1-{4-[[[(1*S*,9*S*)-9-ethyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-methyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1*H*,12*H*-benzo[*de*]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolin-1-yl]carbamoil)oxy)methyl]-3-(3,6,9,12,15,18,21,24,27,30,33-undecamethyl-2,5,8,11,14,17,20,23,26,29,32-undecaoso-3,6,9,12,15,18,21,24,27,30-decaazatetatriacontan-34-yl)anilino}-1-oxopropan-2-yl]amino}-3-methyl-1-oxobutan-2-yl]amino}-6-oxohexyl)-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl

birsatécan

(3*RS*)-1-(6-{[(2*S*)-1-[(2*S*)-1-{4-[[[(1*S*,9*S*)-9-éthyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-méthyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1*H*,12*H*-benzo[*de*]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolin-1-yl]carbamoil)oxy)méthyl]-3-(3,6,9,12,15,18,21,24,27,30,33-undécaméthyl-2,5,8,11,14,17,20,23,26,29,32-undécaoso-3,6,9,12,15,18,21,24,27,30-décazatétratriacontan-34-yl)anilino}-1-oxopropan-2-yl]amino}-3-méthyl-1-oxobutan-2-yl]amino}-6-oxohexyl)-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle

birsatecán

(3*RS*)-1-(6-{[(2*S*)-1-[(2*S*)-1-{4-[[[(1*S*,9*S*)-9-etil-5-fluoro-9-hidroxi-4-metil-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahidro-1*H*,12*H*-benzo[*de*]pirano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolin-1-il]carbamoil)oxi)metil]-3-(3,6,9,12,15,18,21,24,27,30,33-undecametil-2,5,8,11,14,17,20,23,26,29,32-undecaoso-3,6,9,12,15,18,21,24,27,30-decazatettriacontan-34-il)anilino}-1-oxopropan-2-il]amino}-3-metil-1-oxobutan-2-il]amino}-6-oxohexil)-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo

**cilotecanum**

cilotecan

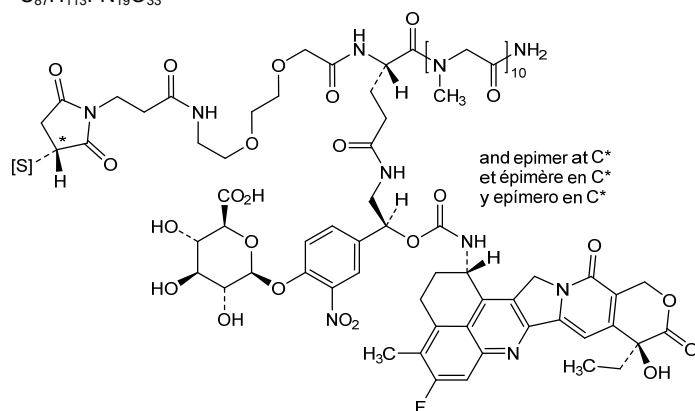
(3*RS*)-1-[3-((2-[2-(2-[[*N*⁶-(2*S*)-2-(((1*S*,9*S*)-9-ethyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-methyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1*H*,12*H*-benzo[*de*]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolin-1-yl]carbamoyl)oxy)-2-[4-(β-D-glucopyranuronosyloxy)-3-nitrophenyl]ethyl)-L-glutaminyldécakis(*N*-methylglycine)-11-amide]-*N*^{2,1}-yl)-2-oxoethoxy)ethoxy]ethyl)amino)-3-oxopropyl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl

cilotécán

(3*RS*)-1-[3-((2-[2-(2-[[*N*⁶-(2*S*)-2-(((1*S*,9*S*)-9-éthyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-méthyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1*H*,12*H*-benzo[*de*]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinoléin-1-yl]carbamoyl)oxy)-2-[4-(β-D-glucopyranuronosyloxy)-3-nitrophényl]éthyl)-L-glutaminyldécakis(*N*-méthylglycine)-11-amide]-*N*^{2,1}-yl)-2-oxoéthoxy)éthoxy]éthyl)amino)-3-oxopropyl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle

cilotecán

(3*RS*)-1-[3-((2-[2-(2-[[*N*⁶-(2*S*)-2-(((1*S*,9*S*)-9-etil-5-fluoro-9-hidroxi-4-metil-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahidro-1*H*,12*H*-benzo[*de*]pirano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolein-1-il]carbamoi)oxi)-2-[4-(β-D-glucopirauronosiloxi)-3-nitrofenil]etil)-L-glutaminildecakis(*N*-metilglicina)-11-amida]-*N*^{2,1}-il)-2-oxoetoxi)etoxi]etil)amino)-3-oxopropil]-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo

-C₈₇H₁₁₃FN₁₉O₃₃**delvopertidum**

delvopertide

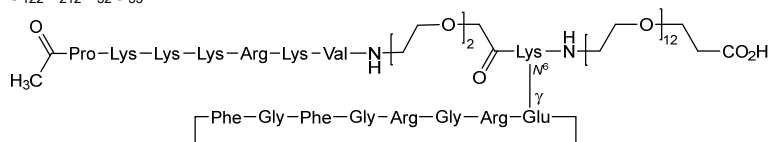
1-((1-acetyl-L-prolyl-L-lysyl-L-lysyl-L-lysyl-L-arginyl-L-lysyl-L-valyl[2-(2-aminoethoxy)ethoxy]acetyl)-*N*⁶-[1,8-anhydro(L-phenylalanylglycyl-L-phenylalanylglycyl-L-arginylglycyl-L-arginyl-L-γ-glutamyl)]-L-lysyl)amino)-3,6,9,12,15,18,21,24,27,30,33,36-dodecaoxanonatriacontan-39-oic acid

delvopertide

acide 1-((1-acétyl-L-prolyl-L-lysyl-L-lysyl-L-lysyl-L-arginyl-L-lysyl-L-valyl[2-(2-aminoéthoxy)éthoxy]acétyl)-*N*⁶-[1,8-anhydro(L-phénylalanylglycyl-L-phénylalanylglycyl-L-arginylglycyl-L-arginyl-L-γ-glutamyl)]-L-lysyl)amino)-3,6,9,12,15,18,21,24,27,30,33,36-dodécaoxanonatriacontan-39-oïque

delvopertida

ácido 1-({1-acetil-L-prolil-L-lisil-L-lisil-L-lisil-L-arginil-L-lisil-L-valil[2-(2-aminoetoxi)etoxi]acetil-*N*⁶-[1,8-anhidro(L-fenilalanilglicil-L-fenilalanilglicil-L-arginilglicil-L-arginil-L-γ-glutamil)]-L-lisil]amino)-3,6,9,12,15,18,21,24,27,30,33,36-dodecaoxanonatriacontan-39-oico

C₁₂₂H₂₁₂N₃₂O₃₅

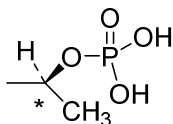
etifosfas

etifosfate

étifosfate

etifosfato

(1*RS*)-1-(phosphonooxy)ethyl
(1*RS*)-1-(phosphonooxy)éthyle
(1*RS*)-1-(fosfonooxi)etilo

-C₂H₆O₄P

*and enantiomer

*et énantiomère

*y enantiómero

mipitecanum

mipitecan

(3*RS*)-1-{3-[(2-{2-[2-({*N*⁶-(2*S*)-2-{4-[(*N*-acetyl-L-valyl-L-alanyl)amino]phenyl}-2-(((1*S*,9*S*)-9-ethyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-methyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1*H*,12*H*-benzo[*de*]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolin-1-yl]carbamoyl)oxy)ethyl]-L-glutaminyldecakis(*N*-methylglycine))-*N*²-1-yl)-2-oxoethoxy]ethoxy)ethyl]amino]-3-oxopropyl}-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl

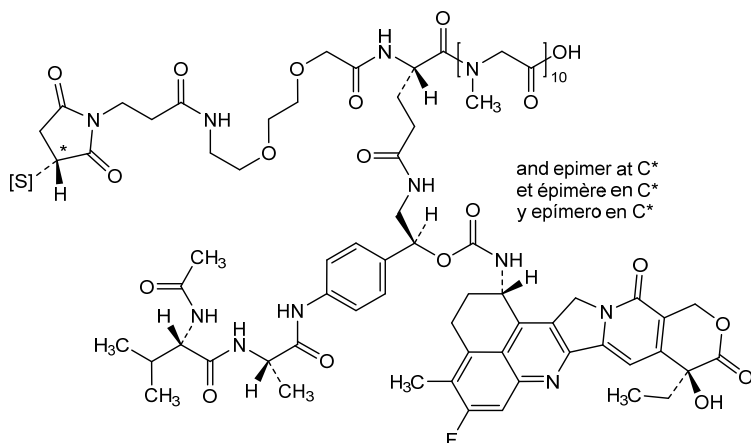
mipitécan

(3*RS*)-1-{3-[(2-{2-[2-({*N*⁶-(2*S*)-2-{4-[(*N*-acétyl-L-valyl-L-alanyl)amino]phényl}-2-(((1*S*,9*S*)-9-éthyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-méthyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1*H*,12*H*-benzo[*de*]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinoléin-1-yl]carbamoyl)oxy)éthyl]-L-glutaminyldécakis(*N*-méthylglycine))-*N*²-1-yl)-2-oxoéthoxy]éthoxy)éthyl]amino]-3-oxopropyl}-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle

mipitecán

(3*RS*)-1-{3-[(2-{2-[2-({*N*⁶-(2*S*)-2-{4-[(*N*-acetil-L-valil-L-alanil)amino]fenil}-2-(((1*S*,9*S*)-9-etil-5-fluoro-9-hidroxi-4-metil-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahidro-1*H*,12*H*-benzo[*de*]pirano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolein-1-il]carbamoiil)oxi)etil]-L-glutaminildecakis(*N*-metilglicina))-*N*²-1-il)-2-oxoetoxi]etoxi)etil]amino]-3-oxopropil}-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo

-C₉₁H₁₂₂FN₂₀O₂₈



ponetansinum
ponetansine

(20S)-21-[[[(1⁴S,1⁶S,2R,3²S,3³S,4S,10E,12E,14R)-8⁶-chloro-1⁴-hydroxy-8⁵,14-dimethoxy-2,3³,7,10-tetramethyl-1²,6-dioxo-7-aza-1(6,4)-[1,3]oxazinana-3(2,3)-oxirana-8(1,3)-benzenacyclotetradecaphane-10,12-dien-4-yl]oxy]-19,20-dimethyl-2,18,21-trioxo-6,9,12,15-tetraoxa-3,19-diazahenicosan-1-yl]

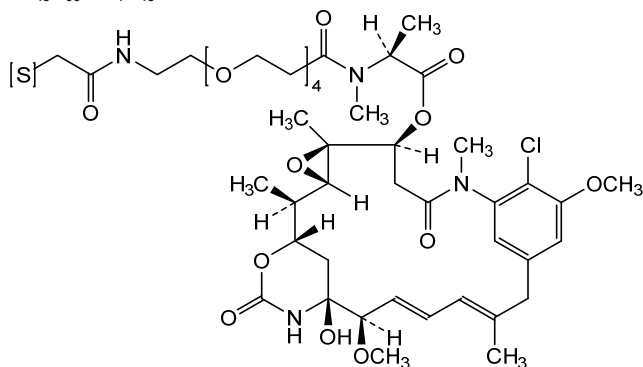
ponétansine

(20S)-21-[[[(14S,16S,2R,32S,33S,4S,10E,12E,14R)-86-chloro-14-hydroxy-85,14-diméthoxy-2,33,7,10-tétraméthyl-12,6-dioxo-7-aza-1(6,4)-[1,3]oxazinana-3(2,3)-oxirana-8(1,3)-benzénacyclotétradécaphane-10,12-dién-4-yl]oxy]-19,20-diméthyl-2,18,21-trioxo-6,9,12,15-tétraoxa-3,19-diazahénicosan-1-yle]

ponetansina

(20S)-21-[[[(14S,16S,2R,32S,33S,4S,10E,12E,14R)-86-cloro-14-hidroxi-85,14-dimetoxi-12,6-dioxo-7-aza-1(6,4)-[1,3]oxazinana-3(2,3)-oxirana-8(1,3)-bencenacicotetradecafano-10,12-dien-4-il]oxi]-19,20-dimetil-2,18,21-trioxo-6,9,12,15-tetraoxa-3,19-diazahenicosan-1-ilo]

- C₄₅H₆₆ClN₄O₁₅



AMENDMENTS TO PREVIOUS LISTS
MODIFICATIONS APPORTÉES AUX LISTES ANTÉRIEURES
MODIFICACIONES A LAS LISTAS ANTERIORES

Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 81**Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 81****Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 81****(WHO Drug Information, Vol. 13, No. 2, 1999)****p.131- basiliximabum #**

132

basiliximab
basiliximab
basiliximab

insert the following sequence
insérer la séquence suivante
insertese la siguiente secuencia

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

```
EVQLQQSGTV LARPGASVKM SCKASGYSFT RYWMHWIKQR PGQGLEWIGA 50
IYPGNSDTSY NQKFEGKAKL TAVTSASTAY MELSSLTHED SAVVYCSR DY 100
GYFDFWGGG TLTVTSSAST KGPSVFFPLAP SSKSTSGGTA ALGCLVKDYF 150
PEPVTVSWNS GALTSGVHTF PAVLQSSGLY SLSSVVTVP SSGLTQTYIC 200
NVNHHKPSNTK VDKRVEPKSC DKHTHTCPPCP APELLGGPSV FLFPPKPKDT 250
LMI SRTPEVT CVVVDVSHED PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYNSTY 300
RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKALPA PIEKTISKAK GQPREPQVYT 350
LPPSREEMTK NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTTTPPVLD 400
DGSFFLYSKL TVDKSRWQQG NVFSCSV MHE ALHNHYTQKS LSLSPGK 447
```

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

```
QIVLTQSPAI MSASPGKEKVT MTCASASSIS YMQWYQQKPG TSPKRWIYDT 50
SKLASGVPAR FSGSGSGT SY SLTISSEAE DAATYYCHQR SSYTFGGG TK 100
LEIKRTVAAP SVFIFPPSDE QLKSGTASVV CLLNMFYPRE AKVQWKVDNA 150
LQSGNSQESV TEQDSKDS TY SLSTLTLSK ADYEKHKVYA CEVTHQGLSS 200
PVT KSFNRGE C 211
```

p.120 mepolizumabum #

mepolizumab
mépolizumab
mepolizumab

insert the following sequence
insérer la séquence suivante
insertese la siguiente secuencia

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

```
QVT LRESGPA LVKPTQT LTL TCTVSGFSLT SYSVHWVRQP PGKGLEWLG V 50
IWASGGTDYN SALMSRLSIS KDTSRNQVVL TMTNMDPVD T ATYYCARDPP 100
SSLLRLDYWG RGTPTVTSSA STKGPSVFFL APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFAVLQSSG LYSLSVVTV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHHKPSN TKVDKRVEPK SCDKHTHTCPP CPAPELLGGP SVFLFPPKPK 250
DTLMISRTPE VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHN AK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
YTLPPSREEM TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPPV L 400
DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSCSV M HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 449
```

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

```
DIVMTQSPDS LAVSLGERAT INCKSSQSLL NSGNQKNYLA WYQQKPGQP P 50
KLLIYGASTR ESGVPDRFSG SSGSDTDFTLT ISSLQAEDVA VYYCQNVHSF 100
PFTFGGGTKL EIKRTVAAPS VFIFPPSDEQ LKSGTASVVC LLNMFYPREA 150
KVQWKVDNAL QSGNSQESVT EQDSKDS TY SLSLTLSKA DYKHKVYAC 200
EVTHQGLSSP VTKSFNRGEC 220
```

Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 113**Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 113****Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 113****(WHO Drug Information, Vol. 29, No. 2, 2015)****p.232- labetuzumabum govitecanum #**

234

labetuzumab govitecan
labétuzumab govitécan
labetuzumab govitecán

replace the chemical name by the following one
remplacer le nom chimique par le suivant
sustitúyase el nombre químico por el siguiente

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CEACAM5 (carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 5, CEA, CD66e)], humanized monoclonal antibody, conjugated **on an average of six cysteinyl residues to govitecan, comprising a maleimide-type cleavable linker, a spacer PEG (n=8), and the active metabolite of irinotecan;**

gamma1 heavy chain (1-449) [humanized VH (*Homo sapiens* IGHV3-48*01 (75.30%) -(IGHD)-IGHJ5*01) [8.8.12] (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 (CH1 (120-217), hinge (218-232), CH2 (233-342), CH3 (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-213')-disulfide with kappa light chain (1'-213') [humanized V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (85.70%) -IGKJ1*01) [6.3.8] (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01, Km3 (107'-213')]; dimer (228-228":231-231")-bisdisulfide; conjugated, on an average of six cysteinyl, to **(3RS)-1-[(4-[(1-[(34S)-38-amino-34-[(4-[(4S)-4,11-diethyl-9-hydroxy-3,14-dioxo-3,4,12,14-tetrahydro-1H-pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinolin-4-yl]oxy)carbonyl]oxy)methyl]phenyl)carbamoyl]-28,32-dioxo-3,6,9,12,15,18,21,24,30-nonaoxa-27,33-diazaoctatriacontan-1-yl)-1H-1,2,3-triazol-4-yl)methyl]carbamoyl]cyclohexyl)methyl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (govitecan) groups**

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CEACAM5 (molécule d'adhésion cellulaire 5 apparentée à l'antigène carcinoembryonnaire, CEA, CD66e)], anticorps monoclonal humanisé, **conjugué par six résidus cystéinyle en moyenne au govitécan, comprenant un lienr clivable de type maléimide, un espaceur PEG (n=8), et le métabolite actif de l'irinotécan;**

chaîne lourde gamma1 (1-449) [humanized VH (*Homo sapiens* IGHV3-48*01 (75.30%) -(IGHD)-IGHJ5*01) [8.8.12] (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 (CH1 (120-217), charnière (218-232), CH2 (233-342), CH3 (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-213')-disulfure avec la chaîne légère kappa (1'-213') [V-KAPPA humanisé (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (85.70%) -IGKJ1*01) [6.3.8] (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01, Km3 (107'-213')]; dimère (228-228":231-231")-bisdisulfure; **conjugué, par six cystéinyle en moyenne, avec des groupes (3RS)-1-[(4-[(1-[(34S)-38-amino-34-[(4-[(4S)-4,11-diéthyl-9-hydroxy-3,14-dioxo-3,4,12,14-tétrahydro-1H-pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinoléin-4-yl]oxy)carbonyl]oxy)méthyl]phényl)carbamoyl]-28,32-dioxo-3,6,9,12,15,18,21,24,30-nonaoxa-27,33-diazaoctatriacontan-1-yl)-1H-1,2,3-triazol-4-yl)méthyl]carbamoyl]cyclohexyl)méthyl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (govitécan)**

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CEACAM5 (molècula de adhesión celular 5 relacionada con el antígeno carcinoembrionario, CEA, CD66e)], anticuerpo monoclonal humanizado, **conjugado por seis residuos cisteinilo en promedio con govitecán, que comprende un conector escindible de tipo maleimida, un espaciador PEG (n=8) y el metabolito activo del irinotecán;**

cadena pesada gamma1 (1-449) [humanizado VH (*Homo sapiens* IGHV3-48*01 (75.30%) -(IGHD)-IGHJ5*01) [8.8.12] (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 (CH1 (120-217), bisagra (218-232), CH2 (233-342), CH3 (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-213')-disulfuro con la cadena ligera kappa (1'-213') [V-KAPPA humanizado (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (85.70%) -IGKJ1*01) [6.3.8] (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01, Km3 (107'-213')]; dímero (228-228":231-231")-bisdisulfuro; **conjugado, por seis residuos cisteinilo en promedio, con grupos (3RS)-1-[(4-[(1-[(34S)-38-amino-34-[(4-[(4S)-4,11-dietil-9-hidroxi-3,14-dioxo-3,4,12,14-tetrahydro-1H-pirano[3',4':6,7]indolizino[1,2-**

b[quinolein-4-il]oxi}carbonil}oxi]metil}fenil]carbamoil]-28,32-dioxo-3,6,9,12,15,18,21,24,30-nonaoxa-27,33-diazaoctatriacontan-1-il]-1H-1,2,3-triazol-4-il]metil]carbamoil]ciclohexil]metil]-2,5-dioxopyrrolidin-3-ilo (govitecán)

p.260- **sacituzumabum govitecanum #**

261	sacituzumab govitecan	<i>replace the chemical name by the following one</i>
	sacituzumab govitécan	<i>remplacer le nom chimique par le suivant</i>
	sacituzumab govitecán	<i>sustitúyase el nombre químico por el siguiente</i>

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TACSTD2 (tumor-associated calcium signal transducer 2, membrane component chromosome 1 surface marker 1, M1S1, gastrointestinal tumor-associated antigen GA7331, pancreatic carcinoma marker protein GA733-1, epithelial glycoprotein-1, EGP-1, trophoblast antigen-2, cell surface glycoprotein Trop-2, TROP2)], humanized monoclonal antibody, conjugated on an **average of six cysteinyl residues to govitecan, comprising a maleimide-type cleavable linker, a spacer PEG (n=8), and the active metabolite of irinotecan;**

gamma1 heavy chain (1-451) [humanized VH (*Homo sapiens* IGHV7-4-1*02 (85.70%) -(IGHD)-IGHJ2*01) [8.8.14] (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*03, Gm3 (CH1 (122-219), hinge (220-234), CH2 (235-344), CH3 (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-214')-disulfide with kappa light chain (1'-214') [humanized V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*01 (82.20%) -IGKJ4*01) [6.3.9] (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01, Km3 (108'-214')]; dimer (230-230":233-233")-bisdisulfide; conjugated, on an average of six cysteinyl, to **(3RS)-1-[(4-[(1-[(34S)-38-amino-34-[(4-[(4S)-4,11-diethyl-9-hydroxy-3,14-dioxo-3,4,12,14-tetrahydro-1H-pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinolin-4-yl]oxy}carbonyl}oxy)methyl]phenyl)carbamoil]-28,32-dioxo-3,6,9,12,15,18,21,24,30-nonaoxa-27,33-diazaoctatriacontan-1-yl)-1H-1,2,3-triazol-4-yl)methyl]carbamoil]cyclohexyl)methyl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (govitecan) groups**

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TACSTD2 (transducteur 2 de signaux calciques associé aux tumeurs, composant membranaire du chromosome 1 marqueur de surface 1, M1S1, antigène GA7331 associé aux tumeurs gastrointestinales, protéine GA733-1 marqueur de carcinomes pancréatiques, glycoprotéine épithéliale 1, EGP-1, antigène 2 du trophoblaste, glycoprotéine Trop-2 à la surface des cellules, TROP2)], anticorps monoclonal humanisé, **conjugué par six résidus cystéinyle en moyenne au govitécan, comprenant un lieur clivable de type maléimide, un espaceur PEG (n=8), et le métabolite actif de l'irinotécan;**

chaîne lourde gamma1 (1-451) [VH humanisé (*Homo sapiens* IGHV7-4-1*02 (85.70%) -(IGHD)-IGHJ2*01) [8.8.14] (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*03, Gm3 (CH1 (122-219), charnière (220-234), CH2 (235-344), CH3 (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa (1'-214') [V-KAPPA humanisé (*Homo sapiens* IGKV1-9*01 (82.20%) -IGKJ4*01) [6.3.9] (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01, Km3 (108'-214')]; dimère (230-230":233-233")-bisdisulfure; **conjugué, par six cystéinyle en moyenne, avec des groupes (3RS)-1-[(4-[(1-[(34S)-38-amino-34-[(4-[(4S)-4,11-diéthyl-9-hydroxy-3,14-dioxo-3,4,12,14-tétrahydro-1H-pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinoléin-4-yl]oxy}carbonyl}oxy)méthyl]phényl)carbamoil]-28,32-dioxo-3,6,9,12,15,18,21,24,30-nonaoxa-27,33-diazaoctatriacontan-1-yl)-1H-1,2,3-triazol-4-yl)méthyl]carbamoil]cyclohexyl)méthyl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (govitecan)**

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TACSTD2 (transductor 2 de señales de calcio asociado a los tumores, componente de membrana del cromosoma 1 marcador de superficie 1, M1S1, antígeno GA7331 asociado a tumores gastrointestinales, proteína GA733-1 marcador de carcinomas pancreáticos glicoproteína epitelial 1, EGP-1, antígeno 2 de trofoblasto, glicoproteína Trop-2 de la superficie celular, TROP2)], anticuerpo monoclonal humanizado, **conjugado por seis residuos cisteinilo en promedio con govitecán, que comprende un conector escindible de tipo maleimida, un espaciador PEG (n=8) y el metabolito activo del irinotecán;** cadena pesada gamma1 (1-451) [VH humanizado (*Homo sapiens*IGHV7-4-1*02 (85.70%) -(IGHD)-IGHJ2*01) [8.8.14] (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*03, Gm3 (CH1 (122-219), bisagra(220-234), CH2 (235-344), CH3 (345-449), CH3 (450-451)) (122-451)], (224-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa (1'-214') [V-KAPPA humanizado (*Homo sapiens*IGKV1-9*01 (82.20%) -IGKJ4*01) [6.3.9] (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01, Km3 (108'-214')]; dímero (230-230":233-233")-bisdisulfuro; **conjugado, por seis residuos cisteinilo en promedio, con grupos (3RS)-1-[(4-{[(1-{(34S)-38-amino-34-[(4-{[(4S)-4,11-dietil-9-hidroxi-3,14-dioxo-3,4,12,14-tetrahidro-1H-pirano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinolein-4-il]oxi)carbonil]oxi]metil]fenil]carbamoil]-28,32-dioxo-3,6,9,12,15,18,21,24,30-nonaoxa-27,33-diazaoctatriacontan-1-il)-1H-1,2,3-triazol-4-il)metil]carbamoil)ciclohexil)metil]-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo (govitecán)**

Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 125
Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 125
Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 125
(WHO Drug Information, Vol. 35, No. 2, 2021)

p.500- **pivekimabum #**
501 **pivekimab** *replace the structure by the following one*
pivékimab *remplacer la structure par la suivante*
pivekimab *sustitúyase la estructura por la siguiente*

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCASGYIFT SSIMHWVRQA PGQGLEWIGY 50
IKPYNDGTKY NEKFKGRATL TSDRSTSTAY MELSSLRSED TAVYYCAREG 100
GNDYYDTMDY WGQGTLTIVTS SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV 150
KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ 200
TYICNVNHPK SNTKVDKKVE PKSCDKTHTC PPCPAPELLG GPSVFLFPFK 250
PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYDVGVEVHN AKTKPREEQY 300
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKGQPREP 350
QVYTLPPSRD ELTKNQVSLT CLVKGFPYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTTTP 400
VLDSGSGFFL YSKLTVDKSR WQQGNVFCSS VMHEALHNHY TQKSLCLSPG 450

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIQMTQSPSS LSASVGDRTV ITCRASQDIN SYLSWFQQKP GKAPKTLIYR 50
VNRLVDGVPS RFSGSGSGND YLTISLSLPQ EDFATYYCLQ YDAFPYTFGQ 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIIPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSSLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEC 214

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 148-204 265-325 371-429
22"-96" 148"-204" 265"-325" 371"-429"
Intra-L (C23-C104) 23"-88" 134'-194'
23"-88" 134'"-194'"
Inter-H-L (h 5-CL 126) 224-214' 224"-214"
Inter-H-H (h 11, h 14) 230-230" 233-233"

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal
H VH Q1 >pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl): 1, 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 301, 301"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados.

p.501- **pivekimabum sunirinum #**
 503 pivekimab sunirine *replace the structure by the following one*
 pivékimab sunirine *remplacer la structure par la suivante*
 pivekimab sunirina *sustitúyase la estructura por la siguiente*

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYIFT SSIMHWVRQA PGQGLEWIGY 50
 IKPYNDGTY NEKFKGRATL TSDRSTSTAY MELSSLRSED TAVYYCAREG 100
 GNDYYDTMDY WQGGTLVTVS SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV 150
 KDYFPEPTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS SGLYSLSSV TVPSSSLGTQ 200
 TYICNVNHKP SNTKVDKKE PKSCDKTHTC PPCPAPELLG GPSVFLFPKP 250
 PKDTLMSRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
 NSTYRVSVL TVLHQDWLNG KEYCKVSNK ALPAIEKTI SKAKGQPREP 350
 QVYTLPPSRD ELTKNQVSLT CLVKGFYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTPP 400
 VLDSGSGEFL YSKLTVDKSR WQGGNVFSCS VMHEALHNHY TQKSLCLSPG 450

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

DIQMTQSPSS LSASVGDRVT ITCRASQDIN SYLSWFQKPK GKAPKTLIYR 50
 VNRLVDGVPF RFGSGSGND YTLTISLQF EDFATYYCLQ YDAFFYTFQG 100
 GTKVEIKRTV AAFSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNEY PREAKVQWKV 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYEHK VYACEVTHQG 200
 LSSPVTKSFN RGEIC 214

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22°-96' 148°-204' 265°-325' 371°-429'
 22°-96' 148°-204' 265°-325' 371°-429'

Intra-L (C23-C104) 23°-88' 134°-194'
 23°-88' 134°-194'

Inter-H-L (h 5-CL 126) 224°-214' 224°-214"

Inter-H-H (h 11, h 14) 230°-230' 233°-233"

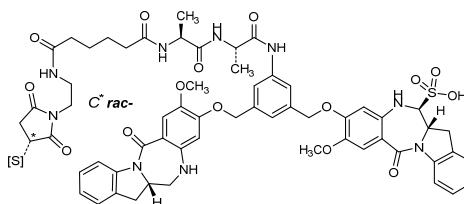
N-terminal glutaminylation / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal
 H VH Q1> pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl): 1, 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
 H CH2 N84.4:301, 301"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires
 complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados.

Conjugation sites / Sites de conjugaison / Posiciones de conjugación

~1.5-2.1 sunirine groups/mAb at the S atoms of Cys C446, C446' / ~1.5-2.1 sunirine groups/
 mAb sur l'atome S de Cys C446, C446' / ~1.5-2.1 grupos sunirina/mAb sobre el átomo S de
 Cys C446, C446':



Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 127
Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 127
Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 127
(WHO Drug Information, Vol. 36, No. 2, 2022)

p.524- **xaluritamigum #**
 526 xaluritamig *MedNet file has been updated*
 xaluritamig *Le fichier MedNet a été mis à jour*
 xaluritamig *El archivo MedNet se ha actualizado*

Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 129
Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 129
Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 129
(WHO Drug Information, Vol. 37, No. 2, 2023)

p.469 **solbinsiranum**
 -470 solbinsiran *replace the description and structure by the following ones*
 solbinsiran *remplacer la description et la structure par les suivantes*
 solbinsirán *sustitúyase la descripción y la estructura por las siguientes*

p.1173- **telisotuzumabum adizutecanum #**
 1175 telisotuzumab adizutecan *replace the structure by the following one*
 télisotuzumab adizutécan *remplacer la structure par la suivante*
 telisotuzumab adizutecán *sustitúyase la estructura por la siguiente*

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SKKASGYIFT AYTMHNVRQA PGQGLEWMGW 50
 IKPNINGLANV AQKFGQRTVM TRDTSISTAY MELSLRLSDD TAVYYCARSE 100
 ITTEFDYWGQ GTLTVTSAS TKQPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVRDY 150
 FPEPVTWSNV SGALTSGVHT FPAVLQSSGL YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI 200
 CNVMHKPSNT KVDKRVPEKS CDCHCPCEPA PELLGGPSVF LFPPKFKDTL 250
 MISRTPEVTC VVVDVSHEDF EVKFNWIVDG VEVHNAKTKP REEQYNSTYR 300
 VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC KVSNKALPAP IEKTIKAKG QPREPQVYTL 350
 PFSREEMTKN QVSLTCLVKG FYPSDIAVEW ESNQGPENNY KTFPPVLDS 400
 GSFFLYSKLT VDKSRWQQGN VFSCVMHEA LHNHYTQKSL SLSPG 445

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

DIVMTQSPDS LAVSLGERAT INCKSSSEVD SYANSFLHWY QQKPGQPPKL 50
 LIYRASTRS GVPDRFSGSG SGTDFTLTIS SLQAEDVAVY YCQSKKEDPL 100
 TFGGGTKVEI KRTVAAPSVE IFPPSDEQLK SGTASVCLL NNFPYPREAKV 150
 QWKVDNALQS GNSQESVTEQ DSKDSTYSLS STLTLSKADY EKHKVYACEV 200
 THQGLSSPVT KSFNRGEC 218

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22-96 145-201 260-320 366-424
 22"-96" 145"-201" 260"-320" 366"-424"

Intra-L (C23-C104) 23"-92" 138"-198"
 23""-92"" 138""-198""

Inter-H-L (h 5-CL 126)* 221-218" 221"-218"

Inter-H-H (h 11, h 14)* 225-225" 228-228" (h8-C)* 223-223"

*At least three inter-chain disulfide bridges are not present, an average of 6 cysteinyl being conjugated each via a thioether bond to a drug linker.

*Au moins trois ponts disulfures inter-chaînes ne sont pas présents, 6 cystéinyl en moyenne étant chacun conjugué via une liaison thioéther à un linker-principe actif.

*Al menos tres puentes disulfuro inter-catenarios no están presentes, una media de 6 cisteinil está conjugada a conectores de principio activo.

N-terminal glutaminylation / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutamínilo N-terminal

Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl) / pyroglutamide (pE, 5-oxopropyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxopropilo)

H VHQI: 1, 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

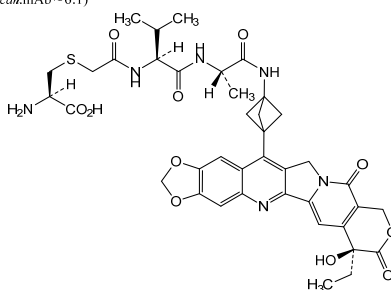
H CH2 N84,4; 296,296"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados

Potential modified residues / résidus modifiés potentiels / restos modificados potenciales*

C (221, 223, 225, 228, 218", 221", 223", 225", 228", 218""")

*(adizutecan: mAb ~ 6:1)



Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 131
Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 131
Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 131
(WHO Drug Information, Vol. 38, No. 4, 2024)

p.302- **delpacibartum zotadirsenum #**
 305 delpacibart zotadirsén *replace the chemical name and structure by the following ones*
 delpacibart zotadirsén *remplacer la structure par la suivante*
 delpacibart zotadirsén *sustitúyase la estructura por la siguiente*

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TFRC (transferrin receptor, TfR1, TFR1, CD71)], humanized monoclonal antibody, conjugated on an average of four

cysteinyI residues via a 4-(maleimidomethyl)cyclohexanecarboxamide linker to a single-stranded oligonucleotide (*zotadirsén*);
H-gamma1 heavy chain humanized (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*06 (87.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v14 CH2 A1.3, A1.2, G1v48 CH2R113 (CH1 R120 (213) (117-214), hinge 1-15 (215-229), CH2 L1.3>A (233), L1.2>A (234), L113>R (327) (230-339), CH3 E12 (355), M14 (357) (340-444), CHS K2>del (445)) (117-445)], (219-214)-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-NL1*01 (84.2%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimer (225-225'': 228-228'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa; substituted at the sulfur atom of an average of four cysteine residues among 219, 225, **228**, 214', 219'', 225'', 228'' and 214''' with a group consisting of *all-P-ambo*-(3*RS*)-1-({*cis*- and/or *trans*-4-[(3'-[2',3'-azanediyI-*P*,2',3'-trideoxy-*P*-(dimethylamino)-2',3'-seco](2'-*N*→5'))(C-G-C-C-G-C-C-A-m⁵U-m⁵U-m⁵U-C-m⁶U-C-A-A-C-A-G-A-m⁵U-C-m⁵U-G-m⁵U-C)-*N*^{2'}-yl)-3-oxopropyl]carbamoyl]cyclohexyl)methyl)-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (*zotadirsén*)

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SKRSGYTFY NYWMHWVRQA PGQGLEWIGE 50
INPINGSRNY AEKFPQGRVTL TVDTSSSTAY MELSLRLSD TAVYVCARGT 100
RAMHYWQGGT LVTVSSASTK GSPVFPLAPS SKSTSGGTAA LGCLVKDYFP 150
EPVTVSNWNG ALTSGVHTFP AVLQSSGLYS LSSVTVTPSS SLGTQTYICN 200
VNHKPSNTKV DKRVEPKSCD KTHTCPPCPA PEAAGGESVF LFPKPKDTL 250
MISRTPEVTC VVVDVSHEDP EVKFNWYVDG VEVHNAKTKP REEQYNSTYR 300
VVSVLTLHQ DWLNGKEYKC KVSNKARPAE IETKTSKAG QPREQVYTL 350
PSPREEMTKN QVSLTCLVKG FYPDSIAVEW ESNQGPENNY KTFPPVLDSD 400
GSFFLYSKLT VDKSRWQGN VFSCSVMEHA LHNHYTKSL SLSPG 445

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

DIQMTQSPSS LSASVGRDVT ITCRTSENIY NNLAWYQQKP GKSPKLLIYA 50
ATNLADGVPS RFGSGSGSDT YLTITSSLQF EDFATYICQH FWGTPILTFGG 100
GTFKVEIKRTV AAFSPVFIFF SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYERKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEC 214

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22'-96" 143'-199" 260'-320" 366'-424"

22''-96" 143'-199" 260''-320" 366''-424"

Intra-L (C23-C104) 23''-88" 134'-194"

23''-88" 134''-194"

Inter-H-L (h 5-CL 126) * 219-214' 219''-214'''

Inter-H-H (h 11, h 14) * 225-225" 228-228"

*At least two of the four inter-chain disulfide bridges are not present, an average of four cysteinyI being conjugated each via a thioether bond to a drug linker.

*Au moins deux des quatre ponts disulfures inter-chaînes ne sont pas présents, quatre cystéinyl en moyenne étant chacun conjugué via une liaison thioéther à un linker-principe actif.

*Al menos dos de los cuatro puentes disulfuro inter-catenarios no están presentes, una media de cuatro cisteinil está conjugada a conectores de principio activo.

N-terminal glutaminyI cyclization / Cyclisation du glutaminyIle N-terminal / Ciclación del glutaminyIle N-terminal

Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl) / pyroglutamyIe (pE, 5-oxopropyl) / piroglutaminyIle

(pE, 5-oxopropyl)

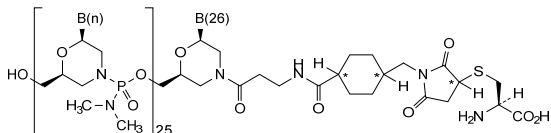
H VH Q1: 1, 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 296, 296"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados.

Potential modified residues / résidus modifiés potentiels / restos modificados potenciales*

C (219, 225, **228**, 214', 219'', 225'', 228'', 214''')*(*zotadirsén*:mAb - 3.8:1)

Nucleobase sequence / Séquence nucléobases / Secuencia nucleobases

B(1-26): C-G-C-C-G-C-C-A-m⁵U-m⁵U-m⁵U-C-m⁶U-C-A-A-C-A-G-A-m⁵U-C-m⁵U-G-n

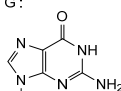
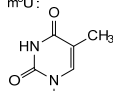
A:



C:



G:

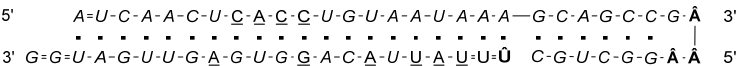
m⁵U:

Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 132
Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 132
Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 132
(WHO Drug Information, Vol. 38, No. 4, 2024)

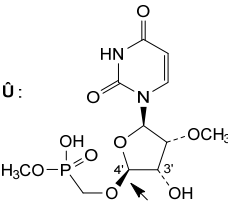
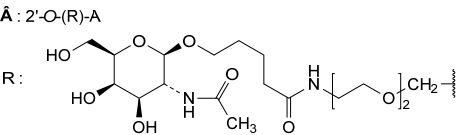
p.1141	mivocabtagenum autoleucelum #	
-1143	mivocabtagene autoleucel	replace the description by the following one
	mivocabtagène autoleucel	remplacer la description par la suivante
	mivocabtagén autoleucel	sustitúyase la descripción por la siguiente
third paragraph	The leukapheresis material is enriched for CD4+ and CD8+ T lymphocytes by positive immunoselection prior to activation with CD3 and CD28 agonists in growth media containing human AB serum, interleukin 7 (IL-7) and interleukin 15 (IL- 15). The cells are then transduced with the lentiviral vector and expanded in growth media containing human AB serum , IL-7 and IL- 15 . The cell suspension consists of T lymphocytes (>80%), with greater than 10% of the T lymphocytes expressing the CAR-CD19 transgene. The transduced T lymphocytes demonstrate cytotoxicity against CD19-expressing cells and secrete interferon gamma (IFN-γ) and interleukin 2 (IL-2)	
troisième paragraphe	Le matériel de leucaphérèse est enrichi en lymphocytes T CD4+ et CD8+ par immunosélection positive avant activation avec des agonistes CD3 et CD28 dans un milieu de croissance contenant du sérum humain AB , de l'interleukine 7 (IL-7) et de l'interleukine 15 (IL- 15). Les cellules sont ensuite transduites avec le vecteur lentiviral et expansées dans un milieu de croissance contenant du sérum humain AB , de l'IL-7 et de l'IL- 15 . La suspension cellulaire est constituée de lymphocytes T (>80%), avec plus de 10% des lymphocytes T exprimant le transgène CAR-CD19. Les lymphocytes T transduits démontrent une cytotoxicité contre les cellules exprimant CD19 et sécrètent de l'interféron gamma (IFN-γ) et de l'interleukine 2 (IL-2)	
tercer párrafo	El material de leucoaféresis se enriquece en linfocitos T CD4+ y CD8+ mediante inmunoselección positiva antes de la activación con agonistas de CD3 y CD28 en medio de crecimiento que contiene suero humano AB , interleuquina 7 (IL-7) e interleuquina 15 (IL- 15). Las células se transducen a continuación con el vector lentiviral y se expanden en medio de crecimiento que contiene suero humano AB , IL-7 e IL- 15 . La suspensión celular consiste en linfocitos T (>80%) con más del 10% de los linfocitos T que expresan el transgén del CAR-CD19. Los linfocitos T transducidos muestran citotoxicidad frente a células que expresan CD19 y secretan interferón gamma (IFN-γ) e interleuquina 2 (IL-2)	

Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 133
Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 133
Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 133
(WHO Drug Information, Vol. 39, No. 2, 2025)

p.488	cevolisiranum	
	cevolisiran	replace the structure by the following one
	cévolisiran	remplacer la structure par la suivante
	cevolisirán	sustitúyase la estructura por la siguiente



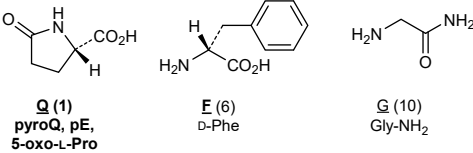
N : nucleoside / nucléoside / nucleósido
N : 2'-O-methyl-N / 2'-O-méthyl-N / 2'-O-metil-N
N̄ : 2'-deoxy-2'-fluoro-N / 2'-désoxy-2'-fluoro-N / 2'-desoxi-2'-fluoro-N
- : -PO(OH)- =: -PS(OH)-



p.522 **federelinum**
federelin
fédéréline
federelina

replace the structure by the following one
remplacer la structure par la suivante
sustitúyase la estructura por la siguiente
QHWSYFLRPG 10

Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados



p.583-585 **mocertatugum rezetecanum #**
mocertatug rezetecan
mocertatug rézetécán
mocertatug rezetecán

replace the structure by the following one
remplacer la structure par la suivante
sustitúyase la estructura por la siguiente

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGETFS NYYMSWVRQA PGKGLEWVAY 50
VSSGGGSTYY SDSVKGRTI SRDNAKNTLY LQMSSLRAD TAVYYCTRES 100
YSQGNFYFDYW GQTTTVTVSS ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK 150
DYFPEPTVS WNSGALTSGV HTFFAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT 200
YICNVNHKPS NTKVDKKVEP KSCDKHTTCP PCPAPPELLGG PSVFLFPPKP 250
KDTLMISRTPEVTCVVVDVS HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN 300
STYRVVSVLT VLHQDWLNGK EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ 350
VYTLPPSREE MTKNQVSLTC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV 400
LDSGDSFFLY SKLTVDKSRW QQGNVFSCSV MHEALHNYHT QKSLSLSPGK 450

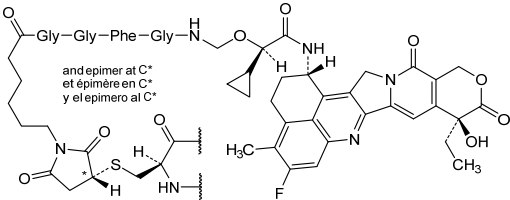
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
EIYMTQSPAT LSLSPGERAT LSCRASQGIS DYLHWYQQKP GQSPRLLIK 50
ASQSIGGIPA RFGSGSGGTD FTLTISSLEP EDFAVYYCQN GHSPSLTFGQ 100
GTKLEIKRTV AAPSVFIFFP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYERKHK VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22"-96" 147'-203" 264'-324" 370'-428"
22"-96" 147"-203" 264"-324" 370"-428"
Intra-L (C23-C104) 23"-88" 134'-194'
23"-88" 134"-194"
Inter-H-L (h 5-CL 126)* 223'-214' 223"-214"
Inter-H-H (h 11, h 14)* 229'-229" 232'-232"
*Three of the four inter-chain disulfide bridges are not present, an average of six cysteinyl being conjugated each via a thioether bond to a drug linker.
*Trois des quatre ponts disulfures inter-chaînes ne sont pas présents, six cystéinyl en moyenne étant chacun conjugué via une liaison thioéther à un linker-principe actif.
*Tres de los cuatro puentes disulfuro inter-catenarios no estan presentes, una media de seis cisteinil está conjugada a conectores de principio activo.

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 300, 300"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 450, 450"

Modified residues / résidus modifiés / restos modificados*
C (223, 229, 232, 214', 223", 229", 232" and 214'")
*(rezetecan:mAb ~ 6:1)



p.617

delete/supprimer/suprimase
raxlaprazinum etomoxilum
raxlaprazine etomoxil
raxlaprazine étomoxil
raxlaprazina etomoxilo

insert/insérer/insertese
raxlaprazinum temtiloxilum
 raxlaprazine temtiloxil
 raxlaprazine temtiloxil
 raxlaprazina temtiloxilo

p.618

-619

relsipatidum

reelsipatide

reelsipatide

relempatida

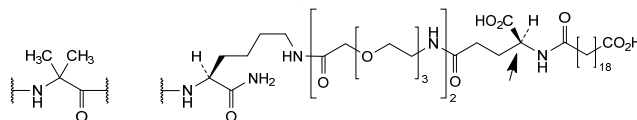
replace the structure by the following one
remplacer la structure par la suivante
sustitúyase la estructura por la siguiente

Sequence / Séquence / Secuencia

1 Y A E G T F T S D Y S I A L D K I A Q K A F V Q W L I A G G P S S G A P P P S K - N H ₂ 40

Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados

A², A¹³ :

2-CH₃Ala, Aib
$$\underline{\text{K}}^{40}\text{-NH}_2 :$$
$$N^6\text{-(HO}_2\text{C[CH}_2\text{]}_{18}\text{CO-}\gamma\text{Glu-Ae}_3\text{a-Ae}_3\text{a)-L-Lys-NH}_2$$


p.665

tiostreptonum

tiostrepton

tjostrepton

tioestreptón

replace the description by the following one
remplacer la description par la suivante
sustitúvase el nombre y la descripción por las siguientes

2-[(¹²S,¹³R,4S,10S,13S,15⁷R,15⁸S,18R,19S,23S,26⁴S,27Z,30S)-13-[(2S)-butan-2-yl]-23-[(2S,3R)-2,3-dihydroxybutan-2-yl]-27-ethylidene-15⁹-hydroxy-30-[(1R)-1-hydroxyethyl]-15⁴-[(1S)-1-hydroxyethyl]-4,10,18-trimethyl-7-methylidene-3,6,9,12,16,21,25,29,32-nonaoxo-1⁴,1⁵,15⁷,15⁸,26⁴,26⁵-hexahydro-1²H-17-oxa-2,5,8,11,14,20,24,28,31-nonaaza-15(7,2)-quinolina-1(3,3,2)-pyridina-**22,26,34(4,2),33(2,4)**-tetrakis[1,3]thiazolobicyclo[17.14.1] tetratriacontaphan-1⁶-yl)-N-{3-[(3-amino-3-oxoprop-1-en-2-yl)amino]-3-oxoprop-1-en-2-yl]-1,3-thiazole-4-carboxamide

2-[(¹²S,¹³R,4S,10S,13S,15⁷R,15⁸S,18R,19S,23S,26⁴S,27Z,30S)-13-[(2S)-butan-2-yl]-23-[(2S,3R)-2,3-dihydroxybutan-2-yl]-27-éthylidène-15⁸-hydroxy-30-[(1R)-1-hydroxyéthyl]-15⁴-[(1S)-1-hydroxyéthyl]-4,10,18-triméthyl-7-méthylidène-3,6,9,12,16,21,25,29,32-nonaoxo-1⁴,1⁵,15⁷,15⁸,26⁴,26⁵-hexahydro-1²H-17-oxa-2,5,8,11,14,20,24,28,31-nonaaza-15(7,2)-**quinoléina**-1(3,3,2)-pyridina-**22,26,34(4,2),33(2,4)**-tétrakis[1,3]thiazolabicyclo[17.14.1] tétratriacontaphan-1⁶-yl)-N-{3-[(3-amino-3-oxoprop-1-én-2-yl)amino]-3-oxoprop-1-én-2-yl)-1,3-thiazole-4-carboxamide

2-[(¹²S,¹³R,4S,10S,13S,15^TR,15^SS,18R,19S,23S,26⁴S,27Z,30S)-13-[(2S)-butan-2-il]-23-[(2S,3R)-2,3-dihidroxiubutan-2-il]-27-etilideno-15⁸-hidroxi-30-[(1R)-1-hidroxietil]-15⁴-[(1S)-1-hidroxietil]-4,10,18-trimetil-7-metilideno-3,6,9,12,16,21,25,29,32-nonaóxo-1⁴,1⁵,15⁷,15⁸,26⁵,26⁷-hexahidro-1²H-17-oxa-2,5,8,11,14,20,28,31-nonaaza-15(7,2)-quinoleína-1(3,3,2)-piridina-22,26,34(4,2),33(2,4)-tetrakis[1,3]tiazolabíciclo[17.14.1]tetratriacontafan-1⁶-il]-N-{3-amino-3-oxoprop-1-en-2-il}amino]-3-oxoprop-1-en-2-il]-1,3-tiazol-4-carboxamida

p.673 -674	<i>delete/supprimer/suprimáse</i> turmetabartum turmetabart turmétabart turmetabart	<i>insert/insérer/insertese</i> rilsiftabartum rilsiftabart rilsiftabart rilsiftabart
p.674 -675	<i>delete/supprimer/suprimáse</i> turmetabartum adizutecanum turmetabart adizutecan turmétabart adizutécan turmetabart adizutecán	<i>insert/insérer/insertese</i> rilsiftabartum adizutecanum rilsiftabart adizutecan rilsiftabart adizutécan rilsiftabart adizutecán
p.702	<i>delete/supprimer/suprimáse</i> zefamenibum zefamenib zefaménib zefamenib	<i>insert/insérer/insertese</i> vicrimenibum vicrimenib vicriménib vicrimenib

Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 134**Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 134****Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 134****(WHO Drug Information, Vol. 39, No. 4, 2025)**p.1133 **abantidum**

abantide

abantida

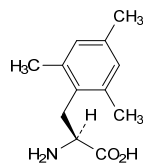
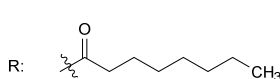
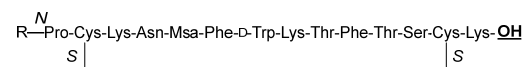
remplacer la description et la structure par les suivantes
sustitúyase la descripción y la estructura por las siguientes

$N^{1,1}$ -octanoyl-[F⁵>2,4,6-triméthyl-F, W⁷>D-W, S¹¹>T]-corti**statine**-14
(Mus musculus);

S², S¹³-cyclo(1-octanoyl-L-prolyl-L-cystéinyl-L-lysyl-L-asparaginyl-2,4,6-triméthyl-L-phénylalaninyl-L-phénylalaninyl-D-tryptophyl-L-lysyl-L-thréoninyl-L-phénylalaninyl-L-thréoninyl-L-séryl-L-cystéinyl-L-lysine)

$N^{1,1}$ -octanoyl-[F⁵>2,4,6-tri**metil**-F, W⁷>D-W, S¹¹>T]-corti**statina**-14
(Mus musculus);

S², S¹³-**ciclo**(1-octanoyl-L-prol**il**-L-ciste**inil**-L-lis**il**-L-asparagin**il**-2,4,6-tri**metil**-L-**fenilalanil**-L-**fenilalanil**-D-**triptofil**-L-lis**il**-L-**treonil**-L-**fenilalanil**-L-**treonil**-L-ser**il**-L-ciste**inil**-L-lis**ina**)



Msa
2,4,6-trimethyl-L-phenylalanine

p.1157 **brenipatidum**

brenipatide

brénipatide

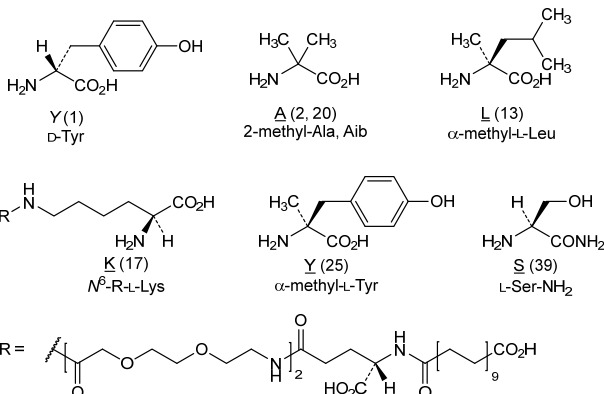
brenipatida

*replace the structure by the following one**remplacer la structure par la suivante**sustitúyase la estructura por la siguiente*

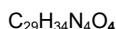
Sequence / Séquence / Secuencia

Y A E G T F T S D Y S I L L D K K A Q A E F I E Y L I A G G P S S G A P P P S 39

C-terminal amide / Amide C-terminal / Amida C-terminal

S (39) > Ser-NH₂p.1162 **clifutinibum**clifutinib
clifutinib
clifutinib

replace the molecular formula by the following one
remplacer la formule moléculaire brute par la suivante
sustitúyase la fórmula molecular por la siguiente

p.1175 **efadirelaxin~~um~~ alfa #** replace by **efadirelaxin~~um~~ alfa**

1176 efadirelaxin alfa replace the description and structure by the following ones
Please note that the MedNet file has been updated
éfadiréaxine alfa remplacer la description et la structure par les suivantes
Veuillez noter que le fichier MedNet a été mis à jour
efadirelaxina alfa sustitúyase la descripción y la estructura por las siguientes
Tenga en cuenta que se ha actualizado el archivo MedNet

human immunoglobulin G1 (IgG1) Fc fragment (h-CH2-CH3-CHS domains) (1-227) [*Homo sapiens*IGHG1*01 (hinge (1-10), CH2 L¹⁴>A, L¹⁵>A, P¹⁰⁹>A (11-120), CH3 M²⁰⁸>L, N²¹⁴>S (121-225), CHS (226-227))], fused via peptide linker ²²⁸GGSG²³⁰ to a human relaxin B-chain fragment (Uniprot: P04090) (1-27, 231-257 in the current sequence) variant (M⁴>Q²³⁴, M²⁵>K²⁵⁵, ²⁸WS²⁹>del) fused via peptide linker ²⁵⁸ASDAAGAEAEAGA²⁷⁰ to human relaxin A-chain (Uniprot: P04090) (1-24, 272-295 in the current sequence) variant (R²²>Q²⁹³), dimer (6-6':9-9')-bisdissulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO), cell line CHO-K1, glycoform alfa

fragment Fc d'immunoglobuline G1 (IgG1) humaine (domaines h-CH2-CH3-CHS) (1-227) [*Homo sapiens*IGHG1*01 (charnière (1-10), CH2 L¹⁴>A, L¹⁵>A, P¹⁰⁹>A (11-120), CH3 M²⁰⁸>L, N²¹⁴>S (121-225), CHS (226-227))], fusionné avec le coupleur peptidique ²²⁸GGSG²³⁰ à un fragment de chaîne B de relaxine humaine (Uniprot: P04090) (1-27, 231-257 dans la séquence actuelle) variante (M⁴>Q²³⁴, M²⁵>K²⁵⁵, ²⁸WS²⁹>dél) fusionné à l'aide du coupleur peptidique ²⁵⁸ASDAAGAEAEAGA²⁷⁰ à la chaîne A de relaxine humaine (Uniprot: P04090) (1-24, 272-295 dans la séquence actuelle) variante (R²²>Q²⁹³), dimère (6-6':9-9')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa

fragmento Fc de inmunoglobulina G1 (IgG1) humana (dominios h-CH2-CH3-CHS) (1-227) [*Homo sapiens*IGHG1*01 (bisagra (1-10), CH2 L¹⁴>A, L¹⁵>A, P¹⁰⁹>A (11-120), CH3 M²⁰⁸>L, N²¹⁴>S (121-225), CHS (226-227))], fusionado con el conector peptídico ²²⁸GGSG²³⁰ a un fragmento de cadena B de relaxina humana (Uniprot: P04090) (1-27, 231-257 en la secuencia actual) variante

(M⁴>Q²³⁴, M²⁵>K²⁵⁵, ²⁸WS²⁹>del) fusionado mediante el conector peptídico ²⁵⁸ASDAAGAEAEAGA²⁷⁰ a la cadena A de relaxina humana (Uniprot: P04090) (1-24, 272-295 en la secuencia actual) variante (R²²>Q²⁹³), dímero (6'-9'-9')-bisulfuro, producido en células ováricas de hámster chino (CHO), linaje celular CHO-K1, glicofoma alfa

Sequence / Séquence / Secuencia

```
DKTHTCPPCP APEAAAGGPSV FLFPKPKD LMSRTPEVT CVVVDVSHED 50
PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYNSTY RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK 100
CKVSNKALAA PIEKTISKAK GQPREPQVYT LPPSRDELTK NQVSLTCLVK 150
GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTTTPVLDS DGSFFLYSKL TVDKSRWQQG 200
NVFSCSVLHE ALHSHYTQKS LSLSPGKGGG DSWQEEVIKL CGRELVRQAI 250
AICGKSTASD AAGAEAEAGA RQLYSALANK CCHVGCTKRS LAQFC 295
```

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión

²²⁸GGG²³⁰, ²⁵⁸ASDAAGAEAEAGA²⁷⁰

p.1178 eftezirleukinum alfa

eftezirleukin alfa *replace the structure by the following one*
Please note that the MedNet file has been updated
 eftézirleukine alfa *remplacer la structure par la suivante*
Veuillez noter que le fichier MedNet a été mis à jour
 eftezirleukina alfa *sustitúyase la estructura por la siguiente*
Tenga en cuenta que se ha actualizado el archivo MedNet

Mutation / Mutation / Mutación

Fc-IL2: S¹⁰>P, F¹⁶>A, L¹⁷>A, T¹⁴⁸>W, K²²⁹>del, R²⁸¹>G, F²⁸⁵>A, E³⁰⁵>A, C³⁶⁸>S
 Fc': S¹⁰>P, F¹⁶>A, L¹⁷>A, T¹⁴⁸>S, L¹⁵⁰>A, Y¹⁸⁹>V, H²¹⁷>R, Y²¹⁸>F

p.1200- gamsitabartum tocentecanum

1202

gamsitabart tocentecan *replace the chemical name by the following one*
 gamsitabart tocentécán *remplacer le nom chimique par les suivante*
 gamsitabart tocentecán *sustitúyase el nombre químico por el siguiente*

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* GD2 (disialoganglioside GD2)], monoclonal antibody, conjugated on an average of eight cysteinyl residues to *tocentecan*, comprising a linker and a camptothecin derivative (*exatecan*);
 H-gamma1 heavy chain (1-441) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV1-42*04 (86.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%)/*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (71.9%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (90.9%) L123>S (108), CDR-IMGT [8.8.6] (26-33.51-58.97-102)) (1-113) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 1-G1v50 CH2 delE1.4 P1.3, V1.2, A1.1, 5-G1v20 CH2 A105, 6-G1v60 CH2 S115, S116 (CH1 R120 (210) (114-211), hinge 1-15 (212-226), CH2 E1.4>del, L1.3>P (229), L1.2>V (230), G1.1>A (231), K105>A (317), A115>S (325), P116>S (326) (227-335), CH3 E12 (351), M14 (353) (336-440), CHS K2>del (441)) (114-441)], (216-220')-disulfide with L-kappa light chain (1'-220') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV1-110*01 (94.0%) -IGKJ5*01 (100%)/*Homo sapiens* IGKV2D-29*02 (82.0%) -IGKJ2*01 (81.8%) Q120>A (106'), I126>L (112'), CDR-IMGT [11.3.10] (27'-37'.55'-57'.94'-103'') (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197'') (114'-220'')]; dimer (222-222'':225-225'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1SV, glycoform alfa; substituted at the sulfur atoms of an average of eight L-cysteinyl residues

among 216, 222, 225, 220', 216'', 222'', 225'' and 220''' with **(3RS)**-1-{3-[(2-{5-[[[(1S,9S)-9-ethyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-methyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1*H*,12*H*-benzo[*de*]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolin-1-yl]carbamoyl]oxy)methyl]-2-(β-D-glucopyranuronosyloxy)anilino]-2-oxoethyl)amino]-3-oxopropyl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (*tocentecan*) groups

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* GD2 (disialoganglioside GD2)]; anticorps monoclonal, conjugué par huit résidus cystéinyle en moyenne au *tocentécán*, comprenant un coupleur et un dérivé de la camptothécine (*exatécán*); chaîne lourde H-gamma1 (1-441) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV1-42*04 (86.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%)/*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (71.9%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (90.9%) L123>S (108), CDR-IMGT [8.8.6] (26-33.51-58.97-102)) (1-113) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 1-G1v50 CH2 delE1.4 P1.3, V1.2, A1.1, 5-G1v20 CH2 A105, 6-G1v60 CH2 S115, S116 (CH1 R120 (210) (114-211), charnière 1-15 (212-226), CH2 E1.4>del, L1.3>P (229), L1.2>V (230), G1.1>A (231), K105>A (317), A115>S (325), P116>S (326) (227-335), CH3 E12 (351), M14 (353) (336-440), CHS K2>del (441)) (114-441)], (216-220')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa (1'-220') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV1-110*01 (94.0%) -IGKJ5*01 (100%)/*Homo sapiens* IGKV2D-29*02 (82.0%) -IGKJ2*01 (81.8%) Q120>A (106'), I126>L (112'), CDR-IMGT [11.3.10] (27'-37'.55'-57'.94'-103'') (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197'')) (114'-220'')]; dimère (222-222'':225-225'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1SV, glycoforme alfa; substitué sur les atomes de soufre d'une moyenne de huit résidus L-cystéinyle parmi 216, 222, 225, 220', 216'', 222'', 225'' and 220''' avec des groupes **(3RS)**-1-{3-[(2-{5-[[[(1S,9S)-9-éthyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-méthyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1*H*,12*H*-benzo[*de*]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinoléin-1-yl]carbamoyl]oxy)méthyl]-2-(β-D-glucopyranuronosyloxy)anilino]-2-oxoéthyl)amino]-3-oxopropyl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (*tocentécán*)

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* GD2 (disialogangliósido GD2)]; anticuerpo monoclonal, conjugado por ocho residuos cisteinilo en promedio con *tocentécán*, que comprende un conector y un derivado de la camptotecina (*exatécán*);

cadena pesada H-gamma1 (1-441) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV1-42*04 (86.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%)/*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (71.9%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (90.9%) L123>S (108), CDR-IMGT [8.8.6] (26-33.51-58.97-102)) (1-113) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 1-G1v50 CH2 delE1.4 P1.3, V1.2, A1.1, 5-G1v20 CH2 A105, 6-G1v60 CH2 S115, S116 (CH1 R120 (210) (114-211), bisagra 1-15 (212-226), CH2 E1.4>del, L1.3>P (229), L1.2>V (230), G1.1>A (231), K105>A (317), A115>S (325), P116>S (326) (227-335), CH3 E12 (351), M14 (353) (336-440), CHS K2>del (441)) (114-441)], (216-220')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa (1'-220') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV1-110*01 (94.0%) -IGKJ5*01 (100%)/*Homo sapiens* IGKV2D-29*02 (82.0%) -IGKJ2*01 (81.8%) Q120>A (106'), I126>L (112'), CDR-IMGT [11.3.10] (27'-37'.55'-57'.94'-

103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220'))]; dímero (222-222"-225-225")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1SV, forma glicosilada alfa; sustituido en los átomos de azufre de un promedio de ocho residuos de L-cisteinilo entre 216, 222, 225, 220', 216'', 222'', 225'' and 220''' con grupos **(3RS)**-1-{3-[(2-{5-[[[(1S,9S)-9-etil-5-fluoro-9-hidroxi-4-metil-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahidro-1*H*,12*H*-benzo[de]pirano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolein-1-il]carbamoil]oxi)metil]-2-(β-D-glucopiruranonosiloxi)anilino)-2-oxoetil]amino]-3-oxopropil]-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo (*tocentecán*)

p.1204 **insulinum desanicum #**

insulin desanic	<i>replace the description by the following one</i>
insuline désanic	<i>remplacer la description par la suivante</i>
insulina desanic	<i>sustitúyase la descripción por la siguiente</i>

human insulin (Uniprot: P01308) B chain, variant (T^{B30}>del) disulfide bridged to human insulin A chain, modified at the C-terminus of the B chain with N^{6.B29}-[(58S)-58,80-dicarboxy-10,19,28,37,46,55,60-heptaooxo-3,6,**12,15**,21,24,30,33,39,42,48,51-dodecaoxa-9,18,27,36,45,54,59-hexaazaoctacontan-1-oyl], produced in *Escherichia coli* strain W3110, not glycosylated N^{6.B29}-[(58S)-58,80-dicarboxy-10,19,28,37,46,55,60-heptaooxo-3,6,12,15,21,24,30,33,39,42,48,51-dodecaoxa-9,18,27,36,45,54,59-hexaazaoctacontan-1-oyl]-B30-des-L-threonine-insulin (human)

insuline humaine (Uniprot: P01308) chaîne B, variante (T^{B30}>dél) liée avec **deux ponts** disulfure à la chaîne A de l'insuline humaine, modifiée à l'extrémité C de la chaîne B par N^{6.B29}-[(58S)-58,80-dicarboxy-10,19,28,37,46,55,60-heptaooxo-3,6,12,15,21,24,30,33,39,42,48,51-dodécaoxa-9,18,27,36,45,54,59-hexaazaoctacontan-1-oyle], produite dans la souche W3110 d'*Escherichia coli*, non glycosylée N^{6.B29}-[(58S)-58,80-dicarboxy-10,19,28,37,46,55,60-heptaooxo-3,6,12,15,21,24,30,33,39,42,48,51-dodécaoxa-9,18,27,36,45,54,59-hexaazaoctacontan-1-oil]-B30-dés-L-thréonine-insuline (humaine)

insulina humana (Uniprot: P01308) cadena B, variante (T^{B30}>del) unida mediante **dos puentes** disulfuro a la cadena A de la insulina humana, modificada en el extremo C de la cadena B por N^{6.B29}-[(58S)-58,80-dicarboxi-10,19,28,37,46,55,60-heptaooxo-3,6,12,15,21,24,30,33,39,42,48,51-dodecaoxa-9,18,27,36,45,54,59-hexaazaoctacontan-1-oilo], producida en la cepa W3110 de *Escherichia coli*, no glicosilada N^{6.B29}-[(58S)-58,80-dicarboxi-10,19,28,37,46,55,60-heptaooxo-3,6,12,15,21,24,30,33,39,42,48,51-dodecaoxa-9,18,27,36,45,54,59-hexaazaoctacontan-1-oil]-B30-des-L-tréonina-insulina (humana)

p.1205 **insulinum ludefenum #**

insuline ludéfén	<i>remplacer la description par la suivante</i>
insulina ludefén	<i>sustitúyase la descripción por la siguiente</i>

insuline humaine (Uniprot: P01308) chaîne B, variante (Y^{B16}>H, F^{B25}>H, T^{B30}>dél) pontée par **deux liaisons** disulfure à la chaîne A de l'insuline humaine, variante (Y^{A14}>E), modifiée à l'extrémité C de la chaîne B par N^{6.B29}-[N-(21-carboxyhénicosanoyl)-L-γ-

glutamylododécakis[[2-(2-aminoéthoxy)éthoxy]acétyle]],
produite dans la souche *Escherichia coli* W3110, non
glycosylée
N^{6.B29}-[N-(21-carboxyhénicosanoil)-l-γ-
glutamylododécakis[[2-(2-aminoéthoxy)
éthoxy]acétyle]][Y^{A14}>E, Y^{B16}>H, F^{B25}>H]-B30-dés-L-
thréonine-insuline (humaine)

insulina humana (Uniprot: P01308) cadena B, variante
(Y^{B16}>H, F^{B25}>H, T^{B30}>del) unida por **dos puentes**
disulfuro a la cadena A de la insulina humana, variante
(Y^{A14}>E), modificada en el extremo C de la cadena B por
N^{6.B29}-[N-(21-carboxiheicosanoil)-L-γ-glutamil-
dodécakis[[2-(2-aminoetoxi)etoxi]acetilo]], producida en la
cepa *Escherichia coli* W3110, no glicosilada
N^{6.B29}-[N-(21-carboxihénicosanoil)-L-γ-
glutamildodécakis[[2-(2-aminoetoxi) etoxi]acetil]][Y^{A14}>E,
Y^{B16}>H, F^{B25}>H]-B30-des-L-treonina-insulina (humana)

p.1279- **rolditamigum deuderuxtecán #**

1282

rolditamig deuderuxtecán
rolditamig deudéruxtécán
rolditamig deuderuxtecán

replace the chemical name and structure by the following ones
remplacer le nom chimique et la structure par les suivants
sustitúyase el nombre químico y la estructura por los
siguientes

immunoglobulin (H-gamma1_L-kappa)_scFvhk-G1(h-CH2-
CH3), anti-[*Homo sapiens* ERBB2 (receptor tyrosine-protein
kinase erbB-2, epidermal growth factor receptor 2, EGFR2,
HER2, HER-2, p185c-erbB2, NEU, CD340)] extracellular
domains 2 and 4, humanized monoclonal antibody,
biparatopic, conjugated on an average of six cysteinyl residues
to *deuderuxtecán*, comprising a cleavable linker and a
camptothecin derivative;

H-gamma1 heavy chain anti-ERBB2 domain 2 humanized hole
(H) (1-449) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-66*01 (78.8%) -(IGHD)
-IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108))
(1-119) -*Homo sapiens*IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1
CH1 K120, CH3 E12, M14, 14-G1v33 CH3 S22, A24, V86
(hole), 14-G1v75 CH3 C5, 10-G1v83 CH3 R115, F116 (CH1
R120>K (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 (233-
342), CH3 Y5>C (351), E12 (358), M14 (360), T22>S (368),
L24>A (370), Y86>V (409), H115>R (437), Y116>F (438)
(343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-214')-disulfide
with L-kappa light chain anti-ERBB2 domain 2 humanized (1'-
214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-16*01 (84.2%) -
IGKJ1*01 (91.7%) L124>V (104'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-
32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') - *Homo sapiens*IGKC*01 (100%)
Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-
214')];

fused scFvhk-G1(h-CH2-CH3) heavy chain anti-ERBB2
domain 4 humanized knob (H") (1"-480") [scFvhk anti-ERBB2-
ECD4 humanized (1"-247") [VH (*Homo sapiens*IGHV3-66*01
(81.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26"-
33".51"-58".97"-109")) (1"-120") -20-mer tetrakis(tetraglycyl-
seryl) linker (121"-140") -V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-
39*01 (86.3%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (167"-
172".190"-192".229"-237")) (141"-247") -1-mer (glycyl) linker
(248") -*Homo sapiens*IGHG1*03v h-CH2-CH3-CHS, nG1m1
CH3 E12, M14, 15-G1v37 h S5, 14-G1v74 CH3 C10, 14-

G1v32 CH3 W22 (knob) (hinge 1-15 C5>S (253") (249"-263"), CH2 (264"-373"), CH3 S10>C (387"), E12 (389"), M14 (391"), T22>W (399") (374"-478"), CHS (479"-480")) (249"-480"))]; dimer (228-259":231-262":351-387")-trisdisulfide, produced in a Chinese hamster ovary (CHO) cell line, lacking the enzyme alpha-(1,6)-fucosyltransferase (FUT8-KO), glycoform alfa; substituted at the sulfur atoms of an average of six L-cysteiny residues among **222, 228, 231, 214', 259" and 262"** with (3RS)-1-[(10S)-10-benzyl-1-[[[(1S,9S)-9-ethyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-methyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1H,12H-benzo[de]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinolin-1-yl]amino]-1,6,9,12,15,18-hexaoxo(2,2-²H₂)-3-oxa-5,8,11,14,17-pentaazatricosan-23-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (deuderuxtecán) groups

immunoglobuline (H-gamma1_L-kappa)_scFv_hk-G1(h-CH2-CH3), anti-[*Homo sapiens* ERBB2 (récepteur tyrosine-protéine kinase erbB-2, récepteur 2 du facteur de croissance épidermique, EGFR2, HER2, HER-2, p185c-erbB2, NEU, CD340) domaines extracellulaires 2 et 4], anticorps monoclonal humanisé, biparatopique, conjugué par six résidus cystéinyle en moyenne au *deuderuxtecán*, comprenant un coupleur clivable et un dérivé de la camptothécine; chaîne lourde H-gamma1 anti-ERBB2 domaine 2 humanisée hole (H) (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (78.8%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, 14-G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole), 14-G1v75 CH3 C5, 10-G1v83 CH3 R115, F116 (CH1 R120>K (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 Y5>C (351), E12 (358), M14 (360), T22>S (368), L24>A (370), Y86>V (409), H115>R (437), Y116>F (438) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-214')-bisdisulfure avec la chaîne légère L-kappa anti-ERBB2 domaine 2 humanisée (H') (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (84.2%) -IGKJ1*01 (91.7%) L124>V (104'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') - *Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; chaîne lourde fusionnée scFv_hk-G1(h-CH2-CH3) anti-ERBB2 domaine 4 humanisée knob (H") (1"-480") [scFv_hk anti-ERBB2 domaine 4 humanisé (1"-247") [VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (81.6%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26"-33".51"-58".97"-109")) (1"-120") -20-mer tétrakis(tétraglycyl-séryl) linker (121"-140") -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (86.3%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (167"-172".190"-192".229"-237")) (141"-247") -1-mer (glycyl) linker (248") -*Homo sapiens* IGHG1*03v h-CH2-CH3-CHS, nG1m1 CH3 E12, M14, 15-G1v37 h S5, 14-G1v74 CH3 C10, 14-G1v32 CH3 W22 (knob) (charnière 1-15 C5>S (253") (249"-263"), CH2 (264"-373"), CH3 S10>C (387"), E12 (389"), M14 (391"), T22>W (399") (374"-478"), CHS (479"-480")) (249"-480"))]; dimère (228-259":231-262":351-387")-trisdisulfure, produit dans une lignée cellulaire des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), ne présentant pas l'enzyme alpha-(1,6)-fucosyltransférase (FUT8-KO), glycoforme alfa; substitué sur les atomes de soufre d'une moyenne de six résidus L-cystéinyle parmi **222, 228, 231, 214', 259" et 262"** avec des groupes (3RS)-1-[(10S)-10-benzyl-1-[[[(1S,9S)-9-éthyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-méthyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1H,12H-

benzo[*de*]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolén-1-yl]amino}-1,6,9,12,15,18-hexaoxo(2,2-²H₂)-3-oxa-5,8,11,14,17-pentaazatricosan-23-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle
(*deuderuxtécán*)

inmunoglobulina (H-gamma1_L-kappa)_scFv_hk-G1(h-CH2-CH3), anti-[*Homo sapiens* ERBB2 (receptor proteína tirosina-kinasa erbB-2, receptor 2 del factor de crecimiento epidérmico, EGFR2, HER2, HER-2, p185c-erbB2, NEU, CD340) dominios extracelulares 2 y 4], anticuerpo monoclonal humanizado, biparatópico, conjugado por seis residuos cisteinilo por término medio con *deuderuxtécán*, que comprende un conector escindible y un derivado de la camptotecina; cadena pesada H-gamma1 anti-ERBB2 dominio 2 humanizado hole (H) (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (78.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, 14-G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole), 14-G1v75 CH3 C5, 10-G1v83 CH3 R115, F116 (CH1 R120>K (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 Y5>C (351), E12 (358), M14 (360), T22>S (368), L24>A (370), Y86>V (409), H115>R (437), Y116>F (438) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-214')-bisdisulfuro con la cadena ligeraL-kappa anti-ERBB2 dominio 2 humanizada (H') (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (84.2%) -IGKJ1*01 (91.7%) L124>V (104'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') - *Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; cadena pesada fusionada scFv_hk-G1(h-CH2-CH3) anti-ERBB2 dominio 4 humanizada knob (H'') (1''-480'') [scFv_hk anti-ERBB2 dominio 4 humanizado (1''-247'') [VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (81.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26''-33''.51''-58''.97''-109'')) (1''-120'') -20-mer tetrakis(tetraglicil-seril) enlace (121''-140'') -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (86.3%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (167''-172''.190''-192''.229''-237'')) (141''-247'') -1-mer (glicil) enlace (248'') -*Homo sapiens* IGHG1*03v h-CH2-CH3-CHS, nG1m1 CH3 E12, M14, 15-G1v37 h S5, 14-G1v74 CH3 C10, 14-G1v32 CH3 W22 (knob) (bisagra 1-15 C5>S (253'') (249''-263''), CH2 (264''-373''), CH3 S10>C (387''), E12 (389''), M14 (391''), T22>W (399'') (374''-478''), CHS (479''-480'')) (249''-480'')]; dímero (228-259'':231-262'':351-387'')-trisdisulfuro, producido en una línea celular de las células ováricas de hámster chino (CHO), en ausencia de la enzima alfa-1,6-fucosiltransferasa (FUT8-KO), forma glicosilada alfa; sustituido en los átomos de azufre de un promedio de seis residuos de L-cisteinilo entre **222, 228, 231, 214', 259'' y 262''** con grupos (3RS)-1-[(10S)-10-bencil-1-[(1S,9S)-9-etil-5-fluoro-9-hidroxi-4-metil-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahidro-1*H*,12*H*-benzo[*de*]pirano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolein-1-il]amino)-1,6,9,12,15,18-hexaoxo(2,2-²H₂)-3-oxa-5,8,11,14,17-pentaazatricosan-23-il]-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo
(*deuderuxtécán*)

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: H-gamma1 anti-ERBB2 domain 2 (hole) (H)

EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFT DYTMDWVRQA PGKGLEWVAD 50
 VNPNSGGSIY NQRFKGRFTL SVDRSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARNL 100
 GPSFYFDYWQ QGTLVTVSSA STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
 YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFPVQLQSSG LYSLSVSVTV PSSSLGTQTY 200
 ICNVNHKPSN TKVDKKVEPK SCDKTHTCP CPAPPELLGGP SVFLFPPKPK 250
 DTLNISRTPE VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
 TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YCKKVSNAK PAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
 CTLPPSREEM TKNQVSLSCA VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTPPVL 400
 DSDGSFFLV S KLTVDKSRWQ QGNVFCSCVM HEALHNRFTQ KSLSLSPGK 449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: L-kappa anti-ERBB2 domain 2 (L')

DIQMTQSPSS LSASVGDRVT ITCKASQDVS IGVAWYQKPK GKAPKLLIYS 50
 ASYRYTGVP S RFSGSGSGTD FTLTISSLQP EDFATYYCQQ YYIYPYTFQG 100
 GTKVEIKRT AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLNNFY PREAKVQWKV 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
 LSSPVTKSFN R GEC 214

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: fused scFv_hk-G1(h-CH2-CH3) anti-ERBB2 domain 4 (knob) (H')

EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFNIE DTYIHWRQA PGKGLEWVAR 50
 IYPTNGYTRY ADSVKGRFTI SADTSKNTAY LQMNSLRAED TAVYYCSRWG 100
 GDGFYAMDYW QGTLVTVSS GGGSGGGGS GGGSGGGGS DIQMTQSPSS 150
 LSASVGDRVT ITCRASQDVN TAVAWYQKPK GKAPKLLIYS ASYLYSGVPS 200
 RFSGSRSGTD FTLTISSLQP EDFATYYCQQ HYTPPTTFQG GTKVEIKGP 250
 KSSDKHTTCP PCPAPPELLGG PSVFLFPPPK KDTLMISRTPEVTCVVVDVS 300
 HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN STYRVVSVLT VLHQDWLNGK 350
 EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ VYTLPPCREE MTKNQVSLWC 400
 LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTPPV LDSDGSFFLY SKLTVDKSRW 450
 QQGNVFCSCV MHEALHNHYT QKSLSLSPGK 480

Post-translational modifications**Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro**

Intra-H (C23-C104) 22'-96' 146-202 263-323 369-427

Intra-H' (C23-C104) 22'-96" 163"-228" 294"-354" 400"-458"

Intra-L' (C23-C104) 23'-88' 134'-194'

Inter-H-L' (h 5-CL 126)* 222-214'

Inter-H-H' (h 11, h 14)* 228-259" 231-262"

Inter-H-H' (CH3 C5-C10)** 351-387"

*Three inter-chain disulfide bridges are not present, an average of six cysteinyl are conjugated, each via a thioether bond, to a drug linker..

*Trois ponts disulfures inter-chaînes ne sont pas présents, en moyenne six cystéinyl sont conjugués, chacun via une liaison thioéther, à un coupleur-principe actif.

*Tres puentes disulfuro intercatenarios no están presentes, un promedio de seis cisteinilo está conjugados, cada uno a través de un enlace tioéther, a un conector de fármaco.

**variants 14-G1v75 (H CH3 C5) and 14-G1v74 (H' CH3 C10) creating an additional inter-H-H disulfide bond.

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

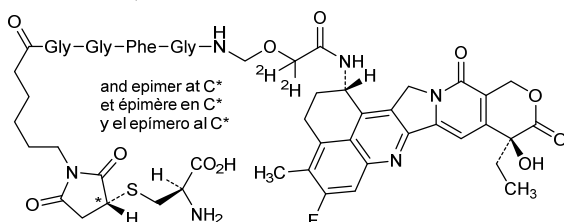
H CH2 N84.4: 299, 330"

Afucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaire complexes afucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos afucosilados**C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal**

H CHS K2: 449, 480"

Potential modified residues / résidus modifiés potentiels / restos modificados potenciales*

C (222, 228, 231, 214', 259" and 262")

*(*deuterixtecant*:mAb ~ 6:1)

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: H-gamma1 anti-TNFRSF17 (H) hole
 EVQLVQSGGG LVQPGGSLRL SCAVSGFTFS SSVMSWVRQA PGKGFEEVSG 50
 YNGGSDRAGF ADSVEGRFTI SRDNAKNTLY LQMNSLKPED TAVYYCARYI 100
 ANSGTYWYDY WQGGLTVTVS SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV 150
 KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ 200
 TYICNVNHKP SNTKVDKRV E PKSCDKTHTC PPCPAPEAAG GPSVFLFPPK 250
 PKDTLYITRE PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
 NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKGQPREP 350
 QVCTLPPSRD ELTKNQVSL SCAVKGFYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTTTP 400
 VLDSGDSFLL VSKLTVDKSR WQQGNVFSCS VMHEALHNHY TQKSLSLSPG 450
 K 451

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: V-lambda-C-kappa anti-TNFRSF17 (L')
 QPVLTPPPSV SEAPRQRTI SCSGSSSNIG NNAVNWYQQL PGKAPKLLIF 50
 KNNQRPSGVP DRFSGSKSGT SASLVISGLQ SEDEADYYCA AWDGSLNWM 100
 FGGGKTLTVL RTVAAPSVFI FPPSDEQLKS GTASVVCLLN NFYPREAKVQ 150
 WKVDNALQSG NSQESVTEQD SKDSTYLSLS TLTLKADYE KHKVYACEVT 200
 HQGLSSPVTK SFNRGEC 217

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: V-kappa-C-gamma1 anti-CD3E (H'') knob
 EIVMTQSPGT LSVSPGERAT LSCRASQSI S NLAWYQQKP GQAPRLIYG 50
 SSTRATGVPA RFGSGSGTD FTLTISLQS EDFAVYYCQH YNWPLTFGG 100
 GTKVTSSAS TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN 150
 SGALTSGVHT FPAVLQSSGL YSLSSVTVTP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT 200
 KVDKRVPEKS CDKTHCTCPP PAPEAAGGPS VFLFPPKPKD TLYITREPEV 250
 TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST YRVVSVLTVL 300
 HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPCRDELT 350
 KNQVSLWCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK 400
 LTVDKSRWQQ GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 438

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: VH-C-kappa anti-CD3E (L'')
 EVQLVQSGGG VVQPGRLRL SCAASGFTFN DYTMMHWIRQA PGKGLEWVSG 50
 ISWNGGSIY ADSVKGRFTI SRDNAKNSLY LQMNSLRAED TALYYCAKDN 100
 SGYGHYYGM DIWQGTTVE IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVVC 150
 LNNFYPREAK VQWKNVDNALQ SGNQESVTE QDSKDYSTSL SSTLTLSKAD 200
 YEKHKVYACE VTHQGLSSPV TKSFNRGEC 229

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro

Intra-H (C23-C104) 22-96 148-204 265-325 371-429

Intra-H" (C23-C104) 23"-88" 135"-191" 252"-312" 358"-416"

Intra-L' (C23-C104) 22'-89' 137'-197'

Intra-L'" (C23-C104) 22"'-96"' 149"'-209"'

Inter-H-L (h 5-CL 126) 224-217' 211"-229"

Inter-H-H (h 11, h 14) 230-217" 233-220"

Inter-H-H" (CH3 C5-C10)* 353-345"

* variants 14-G1v75 (H CH3 C5) and 14-G1v74 (H" CH3 C10) creating an additional inter-H-H disulfide bond.

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal

Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl) / pyroglutamyle (pE, 5-oxopropyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)

L VL V-LAMBDA Q1: I'

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 301, 288"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
 H CHS K2: 451, 438"

p.1344 **zafinofuspum alfa #**

1346 zafinofusp alfa

zafinofusp alfa

zafinofusp alfa

*replace the description and structure by the following ones
 Please note that the MedNet file has been updated
 remplacer la description et la structure par les suivantes
 Veuillez noter que le fichier MedNet a été mis à jour
 sustitúyase la descripción y la estructura por las siguientes
 Tenga en cuenta que se ha actualizado el archivo MedNet*

human *N*-sulphoglucosamine sulphonylhydrolase (SGSH, sulfoglucosamine sulfamidase, sulfamidase, EC:3.10.1.1, Uniprot: P51688) (1-482) fused via peptide linker ⁴⁸³GGGGS⁴⁸⁷ to a human immunoglobulin G1 (IgG1) Fc fragment engineered to bind human TfR1 (transferrin receptor protein 1, TR, p90, antigen CD71, TFRC) (h-CH2-CH3-CHS domains) (488-714) [*Homo sapiens* IGHG1*01 (**hinge EPKSC**⁴⁸⁷⁻⁴⁸⁸**>del** (488-497), CH2 L⁵⁰¹>A, L⁵⁰²>A, P⁵⁹⁶>S (498-607), CH3 T⁶³³>W, N⁶⁵¹>Y, Q⁶⁵³>T, P⁶⁵⁴>E, E⁶⁵⁵>W, N⁶⁵⁶>A, D⁶⁸⁰>T, S⁶⁸²>E, R⁶⁸³>E, N⁶⁸⁸>F (608-712), CHS (713-714))], (493-493':496-496')-disulfide with human *N*-sulphoglucosamine sulphonylhydrolase (1'-482') fused via peptide linker ⁴⁸³GGGGS⁴⁸⁷ to a human immunoglobulin G1 (IgG1) Fc fragment (h-CH2-CH3-CHS domains) (488'-714') [*Homo sapiens* IGHG1*01 (**hinge EPKSC**^{487'-488'}**>del** (488'-497'), CH2 L^{501'}>A, L^{502'}>A, P^{596'}>S (498'-607'), CH3 T^{633'}>S, L^{635'}>A, Y^{674'}>V (608'-712'), CHS (713'-714'))], produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line GS-CHO, glycoform alfa

N-sulfooglucosamine sulfohydrolase humaine (SGSH, sulfoglucosamine sulfamidase, sulfamidase, EC:3.10.1.1, Uniprot: P51688) (1-482), fusionnée à l'aide du coupleur peptidique ⁴⁸³GGGGS⁴⁸⁷ à un fragment Fc d'immunoglobuline G1 (IgG1) humaine conçu pour se lier au TfR1 humain (protéine du récepteur de la transferrine 1, TR, p90, antigène CD71, TFRC) (domaines h-CH2-CH3-CHS) (488-714) [*Homo sapiens* IGHG1*01 (**charnière EPKSC**⁴⁸⁷⁻⁴⁸⁸**>dél** (488-497), CH2 L⁵⁰¹>A, L⁵⁰²>A, P⁵⁹⁶>S (498-607), CH3 T⁶³³>W, N⁶⁵¹>Y, Q⁶⁵³>T, P⁶⁵⁴>E, E⁶⁵⁵>W, N⁶⁵⁶>A, D⁶⁸⁰>T, S⁶⁸²>E, R⁶⁸³>E, N⁶⁸⁸>F (608-712), CHS (713-714))], (493-493':496-496')-disulfure avec la *N*-sulfooglucosamine sulfohydrolase humaine (1'-482') fusionnée via le lier peptidique ⁴⁸³GGGGS⁴⁸⁷ à un fragment Fc d'immunoglobuline G1 (IgG1) humaine (domaines h-CH2-CH3-CHS) (488'-714') [*Homo sapiens* IGHG1*01 (**charnière EPKSC**^{487'-488'}**>dél** (488'-497'), CH2 L^{501'}>A, L^{502'}>A, P^{596'}>S (498'-607'), CH3 T^{633'}>S, L^{635'}>A, Y^{674'}>V (608'-712'), CHS (713'-714'))], produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire GS-CHO, glycoforme alfa

N-sulfooglucosamina sulfohidrolasa humana (SGSH, sulfoglucosamina sulfamidasa, sulfamidasa, EC:3.10.1.1, Uniprot: P51688) (1-482), fusionada mediante un enlazador peptídico ⁴⁸³GGGGS⁴⁸⁷ a un fragmento Fc de inmunoglobulina G1 (IgG1) humana diseñada para unirse al TfR1 humano (proteína del receptor de transferrina 1, TR, p90, antígeno CD71, TFRC) (dominios h-CH2-CH3-CHS) (488-714) [*Homo sapiens* IGHG1*01 (**bisagra EPKSC**⁴⁸⁷⁻⁴⁸⁸**>del** (488-497), CH2 L⁵⁰¹>A, L⁵⁰²>A, P⁵⁹⁶>S (498-607), CH3 T⁶³³>W, N⁶⁵¹>Y, Q⁶⁵³>T, P⁶⁵⁴>E, E⁶⁵⁵>W, N⁶⁵⁶>A, D⁶⁸⁰>T, S⁶⁸²>E, R⁶⁸³>E, N⁶⁸⁸>F (608-712), CHS (713-714))], (493-493':496-496')-disulfuro con *N*-sulfooglucosamina sulfohidrolasa humana (1'-482') fusionada mediante un enlazador peptídico ⁴⁸³GGGGS⁴⁸⁷ a un fragmento Fc de inmunoglobulina G1 (IgG1) humana (dominios h-CH2-CH3-CHS) (488'-714') [*Homo sapiens* IGHG1*01 (**bisagra EPKSC**^{487'-488'}**>del** (488'-497'), CH2 L^{501'}>A, L^{502'}>A, P^{596'}>S (498'-607'), CH3 T^{633'}>S, L^{635'}>A, Y^{674'}>V (608'-712'), CHS (713'-714'))], producido en células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular GS-CHO, glicoforma alfa

Mutation / Mutación / Mutación

SGSH-Fc (anti-TfR1): EPKSC⁴⁸⁷⁻⁴⁸⁸>del, L⁵⁰¹>A, L⁵⁰²>A, P⁵⁹⁶>S, T⁶³³>W, N⁶⁵¹>Y,
⁶⁵³Q⁶⁵³OPEN⁶⁵⁶>TEWA, D⁶⁸⁰>I, S⁶⁸²>E, R⁶⁸³>E, N⁶⁸⁸>F

SGSH-Fc': EPKSC^{487'-488'}>del, L^{501'}>A, L^{502'}>A, P^{596'}>S, T^{633'}>S, L^{635'}>A, Y^{674'}>Y

ANNEX 1

PROCEDURE FOR THE SELECTION OF RECOMMENDED INTERNATIONAL NONPROPRIETARY NAMES FOR PHARMACEUTICAL SUBSTANCES¹

The following procedure shall be followed by the World Health Organization (hereinafter also referred to as "WHO") in the selection of recommended international nonproprietary names for pharmaceutical substances, in accordance with resolution WHA3.11 of the World Health Assembly, and in the substitution of such names.

Article 1 - Proposals for recommended international nonproprietary names and proposals for substitution of such names shall be submitted to WHO on the form provided therefore. The consideration of such proposals shall be subject to the payment of an administrative fee designed only to cover the corresponding costs of the Secretariat of WHO ("the Secretariat"). The amount of this fee shall be determined by the Secretariat and may, from time to time, be adjusted.

Article 2 - Such proposals shall be submitted by the Secretariat to the members of the Expert Advisory Panel on the International Pharmacopoeia and Pharmaceutical Preparations designated for this purpose, such designated members hereinafter referred to as "the INN Expert Group", for consideration in accordance with the "General principles for guidance in devising International Nonproprietary Names for Pharmaceutical Substances", annexed to this procedure². The name used by the person discovering or first developing and marketing a pharmaceutical substance shall be accepted, unless there are compelling reasons to the contrary.

Article 3 - Subsequent to the examination provided for in article 2, the Secretariat shall give notice that a proposed international nonproprietary name is being considered.

a) Such notice shall be given by publication in *WHO Drug Information*³ and by letter to Member States and to national and regional pharmacopoeia commissions or other bodies designated by Member States.

i) Notice shall also be sent to the person who submitted the proposal ("the original applicant") and other persons known to be concerned with a name under consideration.

b) Such notice shall:

i) set forth the name under consideration;

ii) identify the person who submitted the proposal for naming the substance, if so requested by such person;

iii) identify the substance for which a name is being considered;

iv) set forth the time within which comments and objections will be received and the person and place to whom they should be directed;

v) state the authority under which WHO is acting and refer to these rules of procedure.

c) In forwarding the notice, the Secretariat shall request that Member States take such steps as are necessary to prevent the acquisition of proprietary rights in the proposed name during the period it is under consideration by WHO.

Article 4 - Comments on the proposed name may be forwarded by any person to WHO within four months of the date of publication, under article 3, of the name in *WHO Drug Information*.

¹ See Annex 1 in WHO Technical Report Series, No. 581, 1975. The original text was adopted by the Executive Board in resolution EB15.R7 and amended in resolutions EB43.R9 and EB115.R4.

² See Annex 2.

³ Before 1987, lists of international nonproprietary names were published in the *Chronicle of the World Health Organization*.

Article 5 - A formal objection to a proposed name may be filed by any interested person within four months of the date of publication, under article 3, of the name in *WHO Drug Information*.

Such objection shall:

- i) identify the person objecting;
- ii) state his or her interest in the name;
- iii) set forth the reasons for his or her objection to the name proposed.

Article 6 - Where there is a formal objection under article 5, WHO may either reconsider the proposed name or use its good offices to attempt to obtain withdrawal of the objection. Without prejudice to the consideration by WHO of a substitute name or names, a name shall not be selected by WHO as a recommended international nonproprietary name while there exists a formal objection thereto filed under article 5 which has not been withdrawn.

Article 7 - Where no objection has been filed under article 5, or all objections previously filed have been withdrawn, the Secretariat shall give notice in accordance with subsection (a) of article 3 that the name has been selected by WHO as a recommended international nonproprietary name.

Article 8 - In forwarding a recommended international nonproprietary name to Member States under article 7, the Secretariat shall:

- a) request that it be recognized as the nonproprietary name for the substance; and
- b) request that Member States take such steps as are necessary to prevent the acquisition of proprietary rights in the name and to prohibit registration of the name as a trademark or trade name.

Article 9

a) In the extraordinary circumstance that a previously recommended international nonproprietary name gives rise to errors in medication, prescription or distribution, or a demonstrable risk thereof, because of similarity with another name in pharmaceutical and/or prescription practices, and it appears that such errors or potential errors cannot readily be resolved through other interventions than a possible substitution of a previously recommended international nonproprietary name, or in the event that a previously recommended international nonproprietary name differs substantially from the nonproprietary name approved in a significant number of Member States, or in other such extraordinary circumstances that justify a substitution of a recommended international nonproprietary name, proposals to that effect may be filed by any interested person. Such proposals shall be submitted on the form provided therefore and shall:

- i) identify the person making the proposal;
- ii) state his or her interest in the proposed substitution; and
- iii) set forth the reasons for the proposal; and
- iv) describe, and provide documentary evidence regarding the other interventions undertaken in an effort to resolve the situation, and the reasons why these other interventions were inadequate.

Such proposals may include a proposal for a new substitute international nonproprietary name, devised in accordance with the General principles, which takes into account the pharmaceutical substance for which the new substitute international nonproprietary name is being proposed.

The Secretariat shall forward a copy of the proposal, for consideration in accordance with the procedure described in subsection (b) below, to the INN Expert Group and the original applicant or its successor (if different from the person bringing the proposal for substitution and provided that the original applicant or its successor is known or can be found through diligent effort, including contacts with industry associations).

In addition, the Secretariat shall request comments on the proposal from:

i) Member States and national and regional pharmacopoeia commissions or other bodies designated by Member States (by including a notice to that effect in the letter referred to in article 3(a), and

ii) any other persons known to be concerned by the proposed substitution.

The request for comments shall:

i) state the recommended international nonproprietary name that is being proposed for substitution (and the proposed substitute name, if provided);

ii) identify the person who submitted the proposal for substitution (if so requested by such person);

iii) identify the substance to which the proposed substitution relates and reasons put forward for substitution;

iv) set forth the time within which comments will be received and the person and place to whom they should be directed; and

v) state the authority under which WHO is acting and refer to these rules of procedure.

Comments on the proposed substitution may be forwarded by any person to WHO within four months of the date of the request for comments.

b) After the time period for comments referred to above has elapsed, the Secretariat shall forward any comments received to the INN Expert Group, the original applicant or its successor and the person bringing the proposal for substitution. If, after consideration of the proposal for substitution and the comments received, the INN Expert Group, the person bringing the proposal for substitution and the original applicant or its successor all agree that there is a need to substitute the previously recommended international nonproprietary name, the Secretariat shall submit the proposal for substitution to the INN Expert Group for further processing. Notwithstanding the foregoing, the original applicant or its successor shall not be entitled to withhold agreement to a proposal for substitution in the event the original applicant or its successor has no demonstrable continuing interest in the recommended international nonproprietary name proposed for substitution.

In the event that a proposal for substitution shall be submitted to the INN Expert Group for further processing, the INN Expert Group will select a new international nonproprietary name in accordance with the General principles referred to in article 2 and the procedure set forth in articles 3 to 8 inclusive. The notices to be given by the Secretariat under article 3 and article 7, respectively, including to the original applicant or its successor (if not the same as the person proposing the substitution, and provided that the original applicant or its successor is known or can be found through diligent effort, including contacts with industry associations), shall in such event indicate that the new name is a substitute for a previously recommended international nonproprietary name and that Member States may wish to make transitional arrangements in order to accommodate existing products that use the previously recommended international nonproprietary name on their label in accordance with national legislation.

If, after consideration of the proposal for substitution and the comments received in accordance with the procedure described above, the INN Expert Group, the original applicant or its successor and the person bringing the proposal for substitution do not agree that there are compelling reasons for substitution of a previously recommended international nonproprietary name, this name shall be retained (provided always that the original applicant or its successor shall not be entitled to withhold agreement to a proposal for substitution in the event that the original applicant or its successor has no demonstrable continuing interest in the recommended international nonproprietary name proposed to be substituted). In such an event, the Secretariat shall advise the person having proposed the substitution, as well as the original applicant or its

successor (if not the same as the person proposing the substitution, and provided that the original applicant or its successor is known or can be found through diligent effort, including contacts with industry associations), Member States, national and regional pharmacopoeia commissions, other bodies designated by Member States, and any other persons known to be concerned by the proposed substitution that, despite a proposal for substitution, it has been decided to retain the previously recommended international nonproprietary name (with a description of the reason(s) why the proposal for substitution was not considered sufficiently compelling).

ANNEX 2

GENERAL PRINCIPLES FOR GUIDANCE IN DEVISING INTERNATIONAL NONPROPRIETARY NAMES FOR PHARMACEUTICAL SUBSTANCES¹

1. International Nonproprietary Names (INN) should be distinctive in sound and spelling. They should not be inconveniently long and should not be liable to confusion with names in common use.

2. The INN for a substance belonging to a group of pharmacologically related substances should, where appropriate, show this relationship. Names that are likely to convey to a patient an anatomical, physiological, pathological or therapeutic suggestion should be avoided.

These primary principles are to be implemented by using the following secondary principles:

3. In devising the INN of the first substance in a new pharmacological group, consideration should be given to the possibility of devising suitable INN for related substances, belonging to the new group.

4. In devising INN for acids, one-word names are preferred; their salts should be named without modifying the acid name, e.g. "oxacillin" and "oxacillin sodium", "ibufenac" and "ibufenac sodium".

5. INN for substances which are used as salts should in general apply to the active base or the active acid. Names for different salts or esters of the same active substance should differ only in respect of the name of the inactive acid or the inactive base.

For quaternary ammonium substances, the cation and anion should be named appropriately as separate components of a quaternary substance and not in the amine-salt style.

6. The use of an isolated letter or number should be avoided; hyphenated construction is also undesirable.

7. To facilitate the translation and pronunciation of INN, "f" should be used instead of "ph", "t" instead of "th", "e" instead of "ae" or "oe", and "i" instead of "y"; the use of the letters "h" and "k" should be avoided.

8. Provided that the names suggested are in accordance with these principles, names proposed by the person discovering or first developing and marketing a pharmaceutical preparation, or names already officially in use in any country, should receive preferential consideration.

9. Group relationship in INN (see General principle 2) should if possible be shown by using a common stem. The following list contains examples of stems for groups of substances, particularly for new groups. There are many other stems in active use.² Where a stem is shown without any hyphens it may be used anywhere in the name.

¹ In its Twentieth report (WHO Technical Report Series, No. 581, 1975), the WHO Expert committee on Nonproprietary Names for Pharmaceutical Substances reviewed the general principles for devising, and the procedures for selecting, INN in the light of developments in pharmaceutical compounds in recent years. The most significant change has been the extension to the naming of synthetic chemical substances of the practice previously used for substances originating in or derived from natural products. This practice involves the use of a characteristic "stem" indicative of a common property of the members of a group. The reason for, and the implications of, the change are fully discussed.

The guiding principles were updated during the 13th consultation on nonproprietary names for pharmaceutical substances (Geneva, 27-29 April 1983) (PHARM S/NOM 928 13 May 1983, revised 18 August 1983).

² A more extensive listing of stems is contained in the working document WHO/EMP/RHT/TSN/2018.1 which is regularly updated and can be requested from the INN Programme, WHO, Geneva.

Latin	English	
-acum	-ac	anti-inflammatory agents, ibufenac derivatives
-adolum	-adol }	analgesics
-adol-	-adol-}	
-astum	-ast	antiasthmatic, antiallergic substances not acting primarily as antihistaminics
-astinum	-astine	antihistaminics
-azepamum	-azepam	diazepam derivatives
bol	bol	steroids, anabolic
-cain-	-cain-	class I antiarrhythmics, procainamide and lidocaine derivatives
-cainum	-caine	local anaesthetics
cef-	cef-	antibiotics, cephalosporanic acid derivatives
-cillinum	-cillin	antibiotics, 6-aminopenicillanic acid derivatives
-conazolium	-conazole	systemic antifungal agents, miconazole derivatives
cort	cort	corticosteroids, except prednisolone derivatives
-coxibum	-coxib	selective cyclo-oxygenase inhibitors
-entanum	-entan	endothelin receptor antagonists
gab	gab	gabamimetic agents
gado-	gado-	diagnostic agents, gadolinium derivatives
-gatrarium	-gatrane	thrombin inhibitors, antithrombotic agents
gest	gest	steroids, progestogens
gli	gli	antihyperglycaemics
io-	io-	iodine-containing contrast media
-metacinum	-metacin	anti-inflammatory, indometacin derivatives
-mycinum	-mycin	antibiotics, produced by <i>Streptomyces</i> strains
-nidazolium	-nidazole	antiprotozoal substances, metronidazole derivatives
-ololum	-olol	β-adrenoreceptor antagonists
-oxacinum	-oxacin	antibacterial agents, nalidixic acid derivatives
-platinum	-platin	antineoplastic agents, platinum derivatives
-poetinum	-poetin	erythropoietin type blood factors
-pril(at)um	-pril(at)	angiotensin-converting enzyme inhibitors
-profenum	-profen	anti-inflammatory substances, ibuprofen derivatives
prost	prost	prostaglandins
-relinum	-relin	pituitary hormone release-stimulating peptides
-sartanum	-sartan	angiotensin II receptor antagonists, antihypertensive (non-peptidic)
-vaptanum	-vaptan	vasopressin receptor antagonists
vin-	vin- }	vinca-type alkaloids
-vin-	-vin-}	

ANNEXE 1

PROCEDURE A SUIVRE EN VUE DU CHOIX DE DENOMINATIONS COMMUNES INTERNATIONALES RECOMMANDEES POUR LES SUBSTANCES PHARMACEUTIQUES¹

L'Organisation mondiale de la Santé (également désignée ci-après sous l'appellation « OMS ») observe la procédure exposée ci-dessous pour l'attribution de dénominations communes internationales recommandées pour les substances pharmaceutiques, conformément à la résolution WHA3.11 de l'Assemblée mondiale de la Santé, et pour le remplacement de telles dénominations.

Article 1 - Les propositions de dénominations communes internationales recommandées et les propositions de remplacement de telles dénominations sont soumises à l'OMS sur la formule prévue à cet effet. L'examen de telles propositions est soumis au paiement d'une taxe administrative destinée uniquement à couvrir les coûts correspondants assumés par le Secrétariat de l'OMS (« le Secrétariat »). Le montant de cette taxe est déterminé par le Secrétariat et peut être modifié de temps à autre.

¹ Voir annexe 1 dans OMS, Série de Rapports techniques, N° 581, 1975. Le texte original a été adopté par le Conseil exécutif dans sa résolution EB15.R7 et amendé dans ses résolutions EB43.R9 et EB115.R4.

Article 2 - Ces propositions sont soumises par le Secrétariat aux experts désignés à cette fin parmi les personnalités inscrites au Tableau d'experts de la Pharmacopée internationale et des Préparations pharmaceutiques, ci-après désignés sous l'appellation « le Groupe d'experts des DCI » ; elles sont examinées par les experts conformément aux « Directives générales pour la formation de dénominations communes internationales pour les substances pharmaceutiques » reproduites ci-après¹. La dénomination acceptée est la dénomination employée par la personne qui découvre ou qui, la première, fabrique et lance sur le marché une substance pharmaceutique, à moins que des raisons majeures n'obligent à s'écarter de cette règle.

Article 3 - Après l'examen prévu à l'article 2, le Secrétariat notifie qu'un projet de dénomination commune internationale est à l'étude.

a) Cette notification est faite par une insertion dans *WHO Drug Information*² et par l'envoi d'une lettre aux Etats Membres et aux commissions nationales et régionales de pharmacopée ou autres organismes désignés par les Etats Membres.

i) Notification est également faite à la personne qui a soumis la proposition (« le demandeur initial ») et à d'autres personnes portant à la dénomination mise à l'étude un intérêt notoire.

b) Cette notification contient les indications suivantes :

i) dénomination mise à l'étude;

ii) nom de l'auteur de la proposition tendant à attribuer une dénomination à la substance, si cette personne le demande ;

iii) définition de la substance dont la dénomination est mise à l'étude ;

iv) délai pendant lequel seront reçues les observations et les objections à l'égard de cette dénomination ; nom et adresse de la personne habilitée à recevoir ces observations et objections ;

v) mention des pouvoirs en vertu desquels agit l'OMS et référence au présent règlement.

c) En envoyant cette notification, le Secrétariat demande aux Etats Membres de prendre les mesures nécessaires pour prévenir l'acquisition de droits de propriété sur la dénomination proposée pendant la période au cours de laquelle cette dénomination est mise à l'étude par l'OMS.

Article 4 - Des observations sur la dénomination proposée peuvent être adressées à l'OMS par toute personne, dans les quatre mois qui suivent la date de publication de la dénomination dans *WHO Drug Information* (voir l'article 3).

Article 5 - Toute personne intéressée peut formuler une objection formelle contre la dénomination proposée dans les quatre mois qui suivent la date de publication de la dénomination dans *WHO Drug Information* (voir l'article 3).

Cette objection doit s'accompagner des indications suivantes :

i) nom de l'auteur de l'objection ;

ii) intérêt qu'il ou elle porte à la dénomination en cause ;

iii) raisons motivant l'objection contre la dénomination proposée.

Article 6 - Lorsqu'une objection formelle est formulée en vertu de l'article 5, l'OMS peut soit soumettre la dénomination proposée à un nouvel examen, soit intervenir pour tenter d'obtenir le retrait de l'objection. Sans préjudice de l'examen par l'OMS d'une ou de plusieurs appellations de

¹ Voir annexe 2.

² Avant 1987, les listes de dénominations communes internationales étaient publiées dans la *Chronique de l'Organisation mondiale de la Santé*.

remplacement, l'OMS n'adopte pas d'appellation comme dénomination commune internationale recommandée tant qu'une objection formelle présentée conformément à l'article 5 n'est pas levée.

Article 7 - Lorsqu'il n'est formulé aucune objection en vertu de l'article 5, ou que toutes les objections présentées ont été levées, le Secrétariat fait une notification conformément aux dispositions du paragraphe a) de l'article 3, en indiquant que la dénomination a été choisie par l'OMS en tant que dénomination commune internationale recommandée.

Article 8 - En communiquant aux Etats Membres, conformément à l'article 7, une dénomination commune internationale recommandée, le Secrétariat :

- a) demande que cette dénomination soit reconnue comme dénomination commune de la substance considérée ; et
- b) demande aux Etats Membres de prendre les mesures nécessaires pour prévenir l'acquisition de droits de propriété sur cette dénomination et interdire le dépôt de cette dénomination comme marque ou appellation commerciale.

Article 9 -

a) Dans le cas exceptionnel où une dénomination commune internationale déjà recommandée donne lieu à des erreurs de médication, de prescription ou de distribution ou en comporte un risque démontrable, en raison d'une similitude avec une autre appellation dans la pratique pharmaceutique et/ou de prescription, et où il apparaît que ces erreurs ou ces risques d'erreur ne peuvent être facilement évités par d'autres interventions que le remplacement éventuel d'une dénomination commune internationale déjà recommandée, ou dans le cas où une dénomination commune internationale déjà recommandée diffère sensiblement de la dénomination commune approuvée dans un nombre important d'Etats Membres, ou dans d'autres circonstances exceptionnelles qui justifient le remplacement d'une dénomination commune internationale recommandée, toute personne intéressée peut formuler une proposition dans ce sens. Cette proposition est présentée sur la formule prévue à cet effet et doit s'accompagner des indications suivantes :

- i) nom de l'auteur de la proposition ;
- ii) intérêt qu'il ou elle porte au remplacement proposé ;
- iii) raisons motivant la proposition ; et
- iv) description, faits à l'appui, des autres interventions entreprises pour tenter de régler le problème et exposé des raisons pour lesquelles ces interventions ont échoué.

Les propositions peuvent comprendre une proposition de nouvelle dénomination commune internationale de remplacement, établie conformément aux Directives générales, compte tenu de la substance pharmaceutique pour laquelle la nouvelle dénomination commune internationale de remplacement est proposée.

Le Secrétariat transmet une copie de la proposition pour examen, conformément à la procédure exposée plus loin au paragraphe b), au Groupe d'experts des DCI et au demandeur initial ou à son successeur (s'il s'agit d'une personne différente de celle qui a formulé la proposition de remplacement et pour autant que le demandeur initial ou son successeur soit connu ou puisse être retrouvé moyennant des efforts diligents, notamment des contacts avec les associations industrielles).

De plus, le Secrétariat demande aux entités et personnes ci-après de formuler des observations sur la proposition :

- i) les Etats Membres et les commissions nationales et régionales de pharmacopée ou d'autres organismes désignés par les Etats Membres (en insérant une note à cet effet dans la lettre mentionnée à l'article 3.a), et
- ii) toutes autres personnes portant au remplacement proposé un intérêt notoire.

La demande d'observations contient les indications suivantes :

- i) dénomination commune internationale recommandée pour laquelle un remplacement est proposé (et la dénomination de remplacement proposée, si elle est fournie) ;
- ii) nom de l'auteur de la proposition de remplacement (si cette personne le demande) ;
- iii) définition de la substance faisant l'objet du remplacement proposé et raisons avancées pour le remplacement ;
- iv) délai pendant lequel seront reçus les commentaires et nom et adresse de la personne habilitée à recevoir ces commentaires ; et
- v) mention des pouvoirs en vertu desquels agit l'OMS et référence au présent règlement.

Des observations sur la proposition de remplacement peuvent être communiquées par toute personne à l'OMS dans les quatre mois qui suivent la date de la demande d'observations.

b) Une fois échu le délai prévu ci-dessus pour la communication d'observations, le Secrétariat transmet les observations reçues au Groupe d'experts des DCI, au demandeur initial ou à son successeur et à l'auteur de la proposition de remplacement. Si, après avoir examiné la proposition de remplacement et les observations reçues, le Groupe d'experts des DCI, l'auteur de la proposition de remplacement et le demandeur initial ou son successeur reconnaissent tous qu'il est nécessaire de remplacer la dénomination commune internationale déjà recommandée, le Secrétariat soumet la proposition de remplacement au Groupe d'experts des DCI pour qu'il y donne suite.

Nonobstant ce qui précède, le demandeur initial ou son successeur n'est pas habilité à refuser son accord à une proposition de remplacement au cas où il ne peut être démontré qu'il porte un intérêt durable à la dénomination commune internationale recommandée qu'il est proposé de remplacer.

Dans le cas où une proposition de remplacement est soumise au Groupe d'experts des DCI pour qu'il y donne suite, le Groupe choisit une nouvelle dénomination commune internationale conformément aux Directives générales mentionnées à l'article 2 et selon la procédure décrite dans les articles 3 à 8 inclus. La notification faite par le Secrétariat en vertu de l'article 3 et de l'article 7, respectivement, y compris au demandeur initial ou à son successeur (si ce n'est pas la même personne que celle qui a proposé le remplacement et pour autant que le demandeur initial ou son successeur soit connu ou puisse être retrouvé moyennant des efforts diligents, notamment des contacts avec les associations industrielles), doit dans un tel cas indiquer que la nouvelle dénomination remplace une dénomination commune internationale déjà recommandée et que les Etats Membres peuvent souhaiter prendre des mesures transitoires pour les produits existants qui utilisent la dénomination commune internationale déjà recommandée sur leur étiquette conformément à la législation nationale.

Si, après examen de la proposition de remplacement et des observations communiquées conformément à la procédure exposée plus haut, le Groupe d'experts des DCI, le demandeur initial ou son successeur et l'auteur de la proposition de remplacement ne s'accordent pas sur le fait qu'il y a des raisons impératives de remplacer une dénomination commune internationale déjà recommandée, cette dernière est conservée (étant entendu toujours que le demandeur initial ou son successeur n'est pas habilité à refuser son accord à une proposition de remplacement au cas où il ne peut être démontré qu'il porte un intérêt durable à la dénomination commune internationale recommandée qu'il est proposé de remplacer). Dans un tel cas, le Secrétariat informe l'auteur de la proposition de remplacement, ainsi que le demandeur initial ou son successeur (s'il s'agit d'une personne différente de celle qui a formulé la proposition de remplacement et pour autant que le demandeur initial ou son successeur soit connu ou puisse être retrouvé moyennant des efforts diligents, notamment des contacts avec les associations industrielles), les Etats Membres, les commissions nationales et régionales de pharmacopée, les autres organismes désignés par les Etats Membres et toutes autres personnes portant un intérêt notoire au remplacement proposé que, malgré une proposition de remplacement, il a été décidé de conserver la dénomination commune internationale déjà recommandée (avec une brève description de la ou des raisons pour lesquelles la proposition de remplacement n'a pas été jugée suffisamment impérative).

ANNEXE 2

**DIRECTIVES GENERALES POUR LA FORMATION DE
DENOMINATIONS COMMUNES INTERNATIONALES APPLICABLES
AUX SUBSTANCES PHARMACEUTIQUES¹**

1. Les dénominations communes internationales (DCI) devront se distinguer les unes des autres par leur consonance et leur orthographe. Elles ne devront pas être d'une longueur excessive, ni prêter à confusion avec des appellations déjà couramment employées.

2. La DCI de chaque substance devra, si possible, indiquer sa parenté pharmacologique. Les dénominations susceptibles d'évoquer pour les malades des considérations anatomiques, physiologiques, pathologiques ou thérapeutiques devront être évitées dans la mesure du possible.

Outre ces deux principes fondamentaux, on respectera les principes secondaires suivants :

3. Lorsqu'on formera la DCI de la première substance d'un nouveau groupe pharmacologique, on tiendra compte de la possibilité de former ultérieurement d'autres DCI appropriées pour les substances apparentées du même groupe.

4. Pour former des DCI des acides, on utilisera de préférence un seul mot. Leurs sels devront être désignés par un terme qui ne modifie pas le nom de l'acide d'origine : par exemple « oxacilline » et « oxacilline sodique », « ibufénac » et « ibufénac sodique ».

5. Les DCI pour les substances utilisées sous forme de sels devront en général s'appliquer à la base active (ou à l'acide actif). Les dénominations pour différents sels ou esters d'une même substance active ne différeront que par le nom de l'acide inactif (ou de la base inactive). En ce qui concerne les substances à base d'ammonium quaternaire, la dénomination s'appliquera de façon appropriée au cation et à l'anion en tant qu'éléments distincts d'une substance quaternaire. On évitera de choisir une désignation évoquant un sel aminé.

6. On évitera d'ajouter une lettre ou un chiffre isolé ; en outre, on renoncera de préférence au trait d'union.

7. Pour simplifier la traduction et la prononciation des DCI, la lettre « f » sera utilisée à la place de « ph », « t » à la place de « th », « e » à la place de « ae » ou « oe », et « i » à la place de « y » ; l'usage des lettres « h » et « k » sera aussi évité.

8. On retiendra de préférence, pour autant qu'elles respectent les principes énoncés ici, les dénominations proposées par les personnes qui ont découvert ou qui, les premières, ont fabriqué et lancé sur le marché les préparations pharmaceutiques considérées, ou les dénominations déjà officiellement adoptées par un pays.

9. La parenté entre substances d'un même groupe (voir Directive générale 2) sera si possible indiquée dans les DCI par l'emploi de segments-clés communs. La liste ci-après contient des exemples de segments-clés pour des groupes de substances, surtout pour des groupes récents. Il y a beaucoup d'autres segments-clés en utilisation active.² Les segments-clés indiqués sans trait d'union pourront être insérés n'importe où dans une dénomination.

¹ Dans son vingtième rapport (OMS, Série de Rapports techniques, N° 581, 1975), le Comité OMS d'experts des Dénominations communes pour les Substances pharmaceutiques a examiné les directives générales pour la formation des dénominations communes internationales et la procédure à suivre en vue de leur choix, compte tenu de l'évolution du secteur pharmaceutique au cours des dernières années. La modification la plus importante a été l'extension aux substances de synthèse de la pratique normalement suivie pour désigner les substances tirées ou dérivées de produits naturels. Cette pratique consiste à employer des syllabes communes ou groupes de syllabes communes (segments-clés) qui sont caractéristiques et indiquent une propriété commune aux membres du groupe des substances pour lequel ces segments-clés ont été retenus. Les raisons et les conséquences de cette modification ont fait l'objet de discussions approfondies.

Les directives ont été mises à jour lors de la treizième consultation sur les dénominations communes pour les substances pharmaceutiques (Genève, 27-29 avril 1983) (PHARM S/NOM 928, 13 mai 1983, révision en date du 18 août 1983).

² Une liste plus complète de segments-clés est contenue dans le document de travail WHO/EMP/RHT/TSN/2018.1 qui est régulièrement mis à jour et qui peut être demandé auprès du programme des DCI, OMS, Genève

Latin	Français	
-acum	-ac	substances anti-inflammatoires du groupe de l'ibufénac analgésiques
-adolum	-adol	
-adol-	-adol-	
-astum	-ast	antiasthmatiques, antiallergiques n'agissant pas principalement en tant qu'antihistaminiques
-astinum	-astine	antihistaminiques
-azepamum	-azépam	substances du groupe du diazépam
bol	bol	stéroïdes anabolisants
-caïn-	-caïn-	antiarythmiques de classe I, dérivés du procaïnamide et de la lidocaïne
-cainum	-caïne	anesthésiques locaux
cef-	céf-	antibiotiques, dérivés de l'acide céphalosporanique
-cillinum	-cilline	antibiotiques, dérivés de l'acide 6-aminopénicillanique
-conazolum	-conazole	agents antifongiques systémiques du groupe du miconazole
cort	cort	corticostéroïdes, autres que les dérivés de la prednisolone
-coxibum	-coxib	inhibiteurs sélectifs de la cyclo-oxygénase
-entanum	-entan	antagonistes du récepteur de l'endothéline
gab	gab	gabamimétiques
-gado-	-gado-	agents diagnostiques, dérivés du gadolinium
-gatranum	-gatran	antithrombines, antithrombotiques
gest	gest	stéroïdes progestogènes
gli	gli	antihyperglycémiants
io-	io-	produits de contraste iodés
-metacinum	-métacine	substances anti-inflammatoires du groupe de l'indométacine
-mycinum	-mycine	antibiotiques produits par des souches de <i>Streptomyces</i>
-nidazolum	-nidazole	substances antiprotozoaires du groupe du métronidazole
-ololum	-olol	antagonistes des récepteurs β-adrénergiques
-oxacinum	-oxacine	substances antibactériennes du groupe de l'acide nalidixique
-platinum	-platine	antinéoplasiques, dérivés du platine
-poetinum	-poétine	facteurs sanguins de type érythropoïétine
-pril(at)um	-pril(ate)	inhibiteurs de l'enzyme de conversion de l'angiotensine
-profenum	-profène	substances anti-inflammatoires du groupe de l'ibuprofène
prost	prost	prostaglandines
-relinum	-réline	peptides stimulant la libération d'hormones hypophysaires
-sartanum	-sartan	antagonistes d'un récepteur de l'angiotensine II, antihypertenseurs (non peptidiques)
-vaptanum	-vaptan	antagonistes du récepteur de la vasopressine
vin-	vin-	alcaloïdes du type vinca
-vin-	-vin-	

ANEXO 1

**PROCEDIMIENTO DE SELECCIÓN DE DENOMINACIONES
COMUNES INTERNACIONALES RECOMENDADAS PARA
SUSTANCIAS FARMACÉUTICAS¹**

La Organización Mundial de la Salud (OMS) seguirá el procedimiento que se expone a continuación tanto para seleccionar denominaciones comunes internacionales recomendadas para las sustancias farmacéuticas, de conformidad con lo dispuesto en la resolución WHA3.11, como para sustituir esas denominaciones.

Artículo 1 - Las propuestas de denominaciones comunes internacionales recomendadas y las propuestas de sustitución de esas denominaciones se presentarán a la OMS en los formularios que se proporcionen a estos efectos. El estudio de estas propuestas estará sujeto al pago de una tasa destinada a sufragar los costos de administración que ello suponga para la Secretaría de la OMS («la Secretaría»). La Secretaría establecerá la cuantía de esa tasa y podrá ajustarla periódicamente.

Artículo 2 - Estas propuestas serán sometidas por la Secretaría a los miembros del Cuadro de Expertos en Farmacopea Internacional y Preparaciones Farmacéuticas encargados de su estudio, en adelante designados como «el Grupo de Expertos en DCI», para que las examinen de conformidad con los «Principios generales de orientación para formar denominaciones comunes internacionales para sustancias farmacéuticas», anexos a este procedimiento.² A menos que haya poderosas razones en contra, la denominación aceptada será la empleada por la persona que haya descubierto o fabricado y comercializado por primera vez esa sustancia farmacéutica.

Artículo 3 - Tras el examen al que se refiere el artículo 2, la Secretaría notificará que está en estudio un proyecto de denominación internacional.

a) Esa notificación se hará mediante una publicación en *Información Farmacéutica OMS*³ y el envío de una carta a los Estados Miembros y a las comisiones nacionales y regionales de las farmacopeas u otros organismos designados por los Estados Miembros.

i) La notificación será enviada también a la persona que haya presentado la propuesta («el solicitante inicial») y a otras personas que tengan un interés especial en una denominación objeto de estudio.

b) En esa notificación se incluirán los siguientes datos:

i) la denominación sometida a estudio;

ii) la identidad de la persona que ha presentado la propuesta de denominación de la sustancia, si lo pide esa persona;

iii) la identidad de la sustancia cuya denominación está en estudio;

iv) el plazo fijado para recibir observaciones y objeciones, así como el nombre y la dirección de la persona a quien deban dirigirse; y

v) los poderes conferidos para el caso a la OMS y una referencia al presente procedimiento.

¹ Véase el anexo 1 en OMS, Serie de Informes Técnicos, N° 581, 1975. El texto vigente fue adoptado por el Consejo Ejecutivo en su resolución EB15.R7 y modificado en las resoluciones EB43.R9 y EB115.R4..

² Véase el anexo 2.

³ Hasta 1987 las listas de DCI se publicaban en la *Crónica de la Organización Mundial de la Salud*.

c) Al enviar esa notificación, la Secretaría solicitará de los Estados Miembros la adopción de todas las medidas necesarias para impedir la adquisición de derechos de patente sobre la denominación propuesta, durante el periodo en que la OMS la tenga en estudio.

Artículo 4 - Toda persona puede formular a la OMS observaciones sobre la denominación propuesta dentro de los cuatro meses siguientes a su publicación en *Información Farmacéutica OMS*, conforme a lo dispuesto en el artículo 3.

Artículo 5 - Toda persona interesada puede presentar una objeción formal a una denominación propuesta dentro de los cuatro meses siguientes a su publicación en *Información Farmacéutica OMS*, conforme a lo dispuesto en el artículo 3.

Esa objeción deberá acompañarse de los siguientes datos:

- i) la identidad de la persona que formula la objeción;
- ii) las causas que motivan su interés por la denominación; y
- iii) las causas que motivan su objeción a la denominación propuesta.

Artículo 6 - Cuando se haya presentado una objeción formal en la forma prevista en el artículo 5, la OMS podrá reconsiderar el nombre propuesto o utilizar sus buenos oficios para intentar lograr que se retire la objeción. La OMS no seleccionará como denominación común internacional una denominación a la que se haya hecho una objeción formal, presentada según lo previsto en el artículo 5, que no haya sido retirada, todo ello sin perjuicio de que la Organización examine otra denominación o denominaciones sustitutivas.

Artículo 7 - Cuando no se haya formulado ninguna objeción en la forma prevista en el artículo 5, o cuando todas las objeciones presentadas hayan sido retiradas, la Secretaría notificará, conforme a lo dispuesto en el párrafo a) del artículo 3, que la denominación ha sido seleccionada por la OMS como denominación común internacional recomendada.

Artículo 8 - Al comunicar a los Estados Miembros una denominación común internacional, conforme a lo previsto en el artículo 7, la Secretaría:

a) solicitará que esta denominación sea reconocida como denominación común para la sustancia de que se trate; y

b) solicitará a los Estados Miembros que adopten todas las medidas necesarias para impedir la adquisición de derechos de patente sobre la denominación, y prohíban que sea registrada como marca de fábrica o como nombre comercial.

Artículo 9

a) En el caso excepcional de que, debido a su semejanza con otra denominación utilizada en las prácticas farmacéuticas y/o de prescripción, una denominación común internacional recomendada anteriormente ocasione errores de medicación, prescripción o distribución, o suponga un riesgo manifiesto de que esto ocurra, y parezca que tales errores o potenciales errores no sean fácilmente subsanables con otras medidas que no sean la posible sustitución de esa denominación común internacional recomendada anteriormente; en el caso de que una denominación común internacional recomendada anteriormente difiera considerablemente de la denominación común aprobada en un número importante de Estados Miembros, o en otras circunstancias excepcionales que justifiquen el cambio de una denominación común internacional recomendada, cualquier persona interesada puede presentar propuestas en este sentido. Esas propuestas se presentarán en los formularios que se proporcionen a estos efectos e incluirán los siguientes datos:

- i) la identidad de la persona que presenta la propuesta;
- ii) las causas que motivan su interés en la sustitución propuesta;
- iii) las causas que motivan la propuesta; y

- iv) una descripción, acompañada de pruebas documentales, de las otras medidas que se hayan adoptado con el fin de resolver la situación y de los motivos por los cuales dichas medidas no han sido suficientes.

Entre esas propuestas podrá figurar una relativa a una nueva denominación común internacional sustitutiva, formulada con arreglo a los Principios generales y que tenga en cuenta la sustancia farmacéutica para la que se proponga la nueva denominación común internacional sustitutiva.

La Secretaría enviará al Grupo de Expertos en DCI y al solicitante inicial o a su sucesor (en el caso de que sea una persona diferente de la que ha presentado la propuesta de sustitución y siempre que el solicitante inicial o su sucesor sean conocidos o puedan ser encontrados mediante esfuerzos diligentes, como el contacto con las asociaciones industriales) una copia de la propuesta, para que sea examinada de conformidad con el procedimiento descrito en el párrafo *b) infra*.

Además, la Secretaría solicitará observaciones sobre la propuesta:

- i) a los Estados Miembros y a las comisiones nacionales y regionales de las farmacopeas u otros organismos designados por los Estados Miembros (ello se hará incluyendo una notificación a tal efecto en la carta a la que se refiere el párrafo *a)* del artículo 3), y

- ii) a cualquier persona que tenga un interés especial en la sustitución propuesta.

Al solicitar que se formulen estas observaciones se facilitarán los siguientes datos:

- i) la denominación común internacional recomendada que se propone sustituir (y la denominación sustitutiva propuesta, si se ha facilitado);

- ii) la identidad de la persona que ha presentado la propuesta de sustitución (si lo pide esa persona);

- iii) la identidad de la sustancia a la que se refiere la sustitución propuesta y las razones para presentar la propuesta de sustitución;

- iv) el plazo fijado para recibir observaciones, así como el nombre y la dirección de la persona a quien deban dirigirse; y

- v) los poderes conferidos para el caso a la OMS y una referencia al presente procedimiento.

Toda persona puede formular a la OMS observaciones sobre la sustitución propuesta dentro de los cuatro meses siguientes a la fecha en que se realizó la solicitud de observaciones.

b) Una vez agotado el mencionado plazo para la formulación de observaciones, la Secretaría enviará todos los comentarios recibidos al Grupo de Expertos en DCI, al solicitante inicial o a su sucesor, y a la persona que haya presentado la propuesta de sustitución. Si después de examinar la propuesta de sustitución y las observaciones recibidas, el Grupo de Expertos en DCI, la persona que haya presentado la propuesta de sustitución y el solicitante inicial, o su sucesor, están de acuerdo en la necesidad de sustituir la denominación común internacional recomendada anteriormente, la Secretaría remitirá la propuesta de sustitución al Grupo de Expertos en DCI para que la tramite.

No obstante lo anterior, el solicitante inicial o su sucesor no tendrán derecho a impedir el acuerdo sobre una propuesta de sustitución en el caso de que hayan dejado de tener un interés demostrable en la denominación común internacional cuya sustitución se propone.

En caso de que la propuesta de sustitución sea presentada al Grupo de Expertos en DCI para que la tramite, este grupo seleccionará una nueva denominación común internacional de conformidad con los Principios generales a los que se refiere el artículo 2 y al procedimiento establecido en los artículos 3 a 8 inclusive. En ese caso, en las notificaciones que la Secretaría ha de enviar con arreglo a los artículos 3 y 7, respectivamente, incluida la notificación al solicitante

inicial o a su sucesor (en el caso de que no sea la misma persona que propuso la sustitución y siempre que el solicitante inicial o su sucesor sean conocidos o puedan ser encontrados mediante esfuerzos diligentes, como el contacto con las asociaciones industriales), se indicará que la nueva denominación sustituye a una denominación común internacional recomendada anteriormente y que los Estados Miembros podrán, si lo estiman oportuno, adoptar disposiciones transitorias aplicables a los productos existentes en cuya etiqueta se utilice, con arreglo a la legislación nacional, la denominación común internacional recomendada anteriormente que se haya sustituido.

En caso de que, después de haber estudiado la propuesta de sustitución y los comentarios recibidos de conformidad con el procedimiento descrito anteriormente, el Grupo de Expertos en DCI, el solicitante inicial o su sucesor y la persona que haya presentado la propuesta de sustitución no lleguen a un acuerdo sobre la existencia de razones poderosas para sustituir una denominación común internacional recomendada anteriormente, esta denominación se mantendrá (siempre en el entendimiento de que el solicitante inicial o su sucesor no tendrán derecho a impedir el acuerdo sobre una propuesta de sustitución en el caso de que hayan dejado de tener un interés demostrable en la denominación común internacional cuya sustitución se propone). En ese caso, la Secretaría comunicará a la persona que haya propuesto la sustitución, así como al solicitante inicial o a su sucesor (en el caso de que no sea la misma persona que propuso la sustitución y siempre que el solicitante inicial o su sucesor sean conocidos o puedan ser encontrados mediante esfuerzos diligentes, como el contacto con las asociaciones industriales), a los Estados Miembros, a las comisiones nacionales y regionales de las farmacopeas o a otros organismos designados por los Estados Miembros y a cualquier otra persona que tenga interés en la sustitución propuesta, que, pese a la presentación de una propuesta de sustitución, se ha decidido mantener la denominación común internacional recomendada anteriormente (con una descripción de la o las razones por las que se ha considerado que la propuesta de sustitución no estaba respaldada por razones suficientemente poderosas).

ANEXO 2

PRINCIPIOS GENERALES DE ORIENTACIÓN PARA FORMAR DENOMINACIONES COMUNES INTERNACIONALES PARA SUSTANCIAS FARMACÉUTICAS¹

1. Las denominaciones comunes internacionales (DCI) deberán diferenciarse tanto fonética como ortográficamente. No deberán ser incómodamente largas, ni dar lugar a confusión con denominaciones de uso común.

2. La DCI de una sustancia que pertenezca a un grupo de sustancias farmacológicamente emparentadas deberá mostrar apropiadamente este parentesco. Deberán evitarse las denominaciones que puedan tener connotaciones anatómicas, fisiológicas, patológicas o terapéuticas para el paciente.

Estos principios primarios se pondrán en práctica utilizando los siguientes principios secundarios:

3. Al idear la DCI de la primera sustancia de un nuevo grupo farmacológico, deberá tenerse en cuenta la posibilidad de poder formar DCI convenientes para las sustancias emparentadas que se agreguen al nuevo grupo.

4. Al idear DCI para ácidos, se preferirán las de una sola palabra; sus sales deberán denominarse sin modificar el nombre del ácido: p. ej. «oxacilina» y «oxacilina sódica», «ibufenaco» y «ibufenaco sódico».

¹ En su 20º informe (OMS, Serie de Informes Técnicos, N° 581, 1975), el Comité de Expertos de la OMS en Denominaciones Comunes para las Sustancias Farmacéuticas revisó los Principios generales para formar denominaciones comunes internacionales (DCI), y su procedimiento de selección, a la luz de las novedades registradas en los últimos años en materia de compuestos farmacéuticos. El cambio más importante había consistido en hacer extensivo a la denominación de sustancias químicas sintéticas el método utilizado hasta entonces para las sustancias originadas en productos naturales o derivadas de éstos. Dicho método conlleva la utilización de una «partícula» característica que indica una propiedad común a los miembros de un grupo. En el citado informe se examinan en detalle las razones y consecuencias de este cambio.

Los Principios generales de orientación se actualizaron durante la 13ª consulta sobre denominaciones comunes para sustancias farmacéuticas (Ginebra, 27 a 29 de abril de 1983) (PHARM S/NOM 928, 13 de mayo de 1983, revisado el 18 de agosto de 1983).

5. Las DCI para las sustancias que se usan en forma de sal deberán en general aplicarse a la base activa o al ácido activo. Las denominaciones para diferentes sales o ésteres de la misma sustancia activa solamente deberán diferir en el nombre del ácido o de la base inactivos. En los compuestos de amonio cuaternario, el catión y el anión deberán denominarse adecuadamente por separado, como componentes independientes de una sustancia cuaternaria y no como sales de una amina.

6. Deberá evitarse el empleo de letras o números aislados; también es indeseable el empleo de guiones.

7. Para facilitar la traducción y la pronunciación, se emplearán de preferencia las letras «f» en lugar de «ph», «t» en lugar de «th», «e» en lugar de «ae» u «oe», e «i» en lugar de «y»; se deberá evitar el empleo de las letras «h» y «k».

8. Siempre que las denominaciones propuestas estén de acuerdo con estos principios, recibirán una consideración preferente las denominaciones propuestas por la persona que haya descubierto las sustancias, o que fabrique y comercialice por primera vez una sustancia farmacéutica, así como las denominaciones ya adoptadas oficialmente en cualquier país.

9. El parentesco entre sustancias del mismo grupo se pondrá de manifiesto en las DCI (véase el Principio 2) utilizando una partícula común. En la lista que figura a continuación se indican ejemplos de partículas para grupos de sustancias, en particular para grupos nuevos. Existen muchas otras partículas que se usan habitualmente.¹ Cuando una partícula aparece sin guión alguno, puede utilizarse en cualquier lugar de la palabra.

Latin	Español	
-acum	-aco	antiinflamatorios derivados del ibufenaco
-adolum	-adol)	analgésicos
-adol-	-adol-)	
-astum	-ast	antiasmáticos, sustancias antialérgicas cuya acción principal no es la antihistamínica
-astinum	-astina	antihistamínicos
-azepamum	-azepam	derivados del diazepam
bol	bol	esteroides anabolizantes
-cain-	-caína-	antiarrítmicos de clase I, derivados de procainamida y lidocaína
-cainum	-caína-	anestésicos locales
cef-	cef-	antibióticos, derivados del ácido cefalosporánico
-cillinum	-cilina	antibióticos derivados del ácido 6-aminopenicilánico
-conazolum	-conazol	antifúngicos sistémicos derivados del miconazol
cort	cort	corticosteroides, excepto derivados de prednisolona
-coxibum	-coxib	inhibidores selectivos de ciclooxigenasa
-entanum	-entán	antagonistas del receptor de endotelina
gab	gab	gabamiméticos
gado-	gado-	agentes para diagnóstico derivados de gadolinio
-gartranum	-gastrán	inhibidores de la trombina antitrombóticos
gest	gest	esteroides progestágenos
gli	gli	hipoglucemiantes, antihiper glucémicos
io-	io-	medios de contraste iodados
-metacinum	-metacina	antiinflamatorios derivados de indometacina
-mycinum	-micina	antibióticos producidos por cepas de <i>Streptomyces</i>
-nidazolum	-nidazol	antiprotozoarios derivados de metronidazol
-ololum	-olol	antagonistas de receptores β-adrenérgicos

¹ En el documento de trabajo WHO/EMP/RHT/TSN/2018.1, que se actualiza periódicamente y puede solicitarse al Programa sobre Denominaciones Comunes Internacionales, OMS, Ginebra, figura una lista más amplia de partículas.

-oxacinum	-oxacino	antibacterianos derivados del ácido nalidíxico
-platinum	-platino	antineoplásicos derivados del platino
-poetinum	-poetina	factores sanguíneos similares a la eritropoyetina
-pril(at)um	-pril(at)	inhibidores de la enzima conversora de laangiotensina
-profenum	-profeno	antiinflamatorios derivados del ibuprofeno
prost	prost	prostaglandinas
-relinum	-relina	péptidos estimulantes de la liberación de hormonas hipofisarias
-sartanum	-sartán	antihipertensivos (no peptídicos) antagonistas del
-vaptanum	-vaptán	antagonistas del receptor de vasopresina
vin-	vin-)	alcaloides de la vinca
-vin-	-vin-)	