

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 134

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 134 of Proposed INN not later than 29 May 2026. Publication date:** 30-01-2026

Dénominations communes internationales proposées: Liste 134

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 134 de DCI Proposées le 29 mai 2026 au plus tard. Date de publication :** 30-01-2026

Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas: Lista 134

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 134 de DCI Propuestas el 29 de Mayo de 2026 a más tardar. Fecha de publicación:** 30-01-2026

<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>

abantidum
abantide

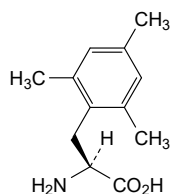
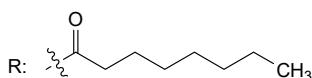
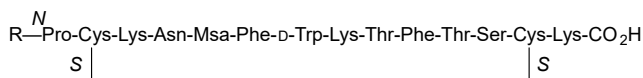
N¹-1-octanoyl-[F⁵>2,4,6-trimethyl-F, W⁷>D-W, S¹¹>T]-cortistatin-14 (*Mus musculus*); S²,S¹³-cyclo(1-octanoyl-L-prolyl-L-cysteiny-L-lysyl-L-asparaginy-L-2,4,6-trimethyl-L-phenylalanyl-L-phenylalanyl-D-tryptophyl-L-lysyl-L-threonyl-L-phenylalanyl-L-threonyl-L-seryl-L-cysteiny-L-lysine) cortistatin analogue, anti-inflammatory, immunomodulator

abantide *N*^{1,1}-octanoyl-[F⁵>2,4,6-triméthyl-F, W⁷>D-W, S¹¹>T]-cortistatin-14 (*Mus musculus*); S², S¹³-cyclo(1-octanoyl-L-prolyl-L-cystéinyl-L-lysyl-L-asparaginyl-2,4,6-triméthyl-L-phénylalanyl-L-phénylalanyl-D-tryptophyl-L-lysyl-L-thréonyl-L-phénylalanyl-L-thréonyl-L-séryl-L-cystéinyl-L-lysine) *analogue de la cortistatine, anti-inflammatoire, immunomodulateur*

abantida *N*^{1,1}-octanoyl-[F⁵>2,4,6-trimethyl-F, W⁷>D-W, S¹¹>T]-cortistatin-14 (*Mus musculus*); S², S¹³-cyclo(1-octanoyl-L-prolyl-L-cysteinyll-L-lysyl-L-asparaginyl-2,4,6-trimethyl-L-phenylalanyl-L-phenylalanyl-D-tryptophyl-L-lysyl-L-threonyll-L-phenylalanyl-L-threonyll-L-seryl-L-cysteinyll-L-lysine) *análogo de cortistatina, antiinflamatorio, inmunomodador*

C₉₃H₁₃₅N₁₉O₂₀S₂

1683515-77-6



Msa
2,4,6-trimethyl-L-phenylalanine

abdenoflastum

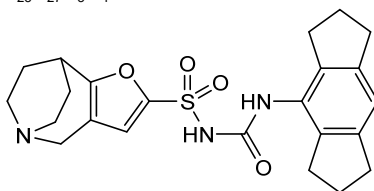
abdenoflast *N*-[(1,2,3,5,6,7-hexahydro-s-indacen-4-yl)carbamoil]-4,6,7,8-tetrahydro-5,8-ethanofuro[3,2-c]azepine-2-sulfonamide *NLRP3 inflammasome inhibitor, non-steroidal anti-inflammatory*

abdénoflast *N*-[(1,2,3,5,6,7-hexahydro-s-indacén-4-yl)carbamoil]-4,6,7,8-tétrahydro-5,8-éthanofuro[3,2-c]azépine-2-sulfonamide *inhibiteur de l'inflammasome NLRP3, anti-inflammatoire non stéroïdien*

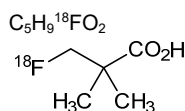
abdenoflast *N*-[(1,2,3,5,6,7-hexahidro-s-indacen-4-il)carbamoil]-4,6,7,8-tetrahidro-5,8-etanofuro[3,2-c]azepina-2-sulfonamida *inhibidor del inflammasoma NLRP3, antiinflamatorio no esteroide*

C₂₃H₂₇N₃O₄S

2712741-60-9

**acidum fluorpivalicum (¹⁸F)**

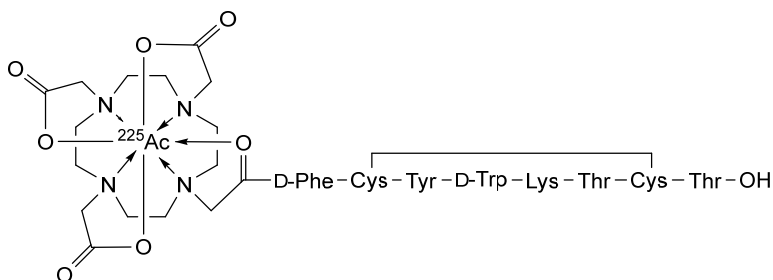
fluorpivalic acid (¹⁸F) 3-(¹⁸F)fluoro-2,2-dimethylpropanoic acid
radiodiagnostic agent

acide fluoropivalique (^{18}F)acide 3-(^{18}F)fluoro-2,2-diméthylpropanoïque
*agent de radiodiagnostic*acido fluoropiválico (^{18}F)ácido 3-(^{18}F)fluoro-2,2-dimetilpropanoico
agente de radiodiagnóstico

1642293-35-3

actinium (^{225}Ac) oxodotreotidumactinium (^{225}Ac) oxodotreotide[S², S⁷-cyclo(*N*-[[4,7,10-tris(carboxylato-κO-méthyl)-1,4,7,10-tetraazacyclododécane-1-yl-κ⁴*N*¹, *N*⁴, *N*⁷, *N*¹⁰]acetyl-κO)-D-phenylalanyl-L-cysteinyl-L-tyrosyl-D-tryptophyl-L-lysyl-L-threonyl-L-cysteinyl-L-threonine]])(^{225}Ac)actinium
*antineoplastic*actinium (^{225}Ac) oxodotréotide[S², S⁷-cyclo(*N*-[[4,7,10-tris(carboxylato-κO-méthyl)-1,4,7,10-tétraazacyclododécane-1-yl-κ⁴*N*¹, *N*⁴, *N*⁷, *N*¹⁰]acétyl-κO)-D-phénylalanyl-L-cystéinyl-L-tyrosyl-D-tryptophyl-L-lysyl-L-thréonyl-L-cystéinyl-L-thréonine]])(^{225}Ac)actinium
*antinéoplasique*actinio (^{225}Ac) oxodotreotida[S², S⁷-ciclo(*N*-[[4,7,10-tris(carboxilato-κO-metil)-1,4,7,10-tetraazaciclododécane-1-il-κ⁴*N*¹, *N*⁴, *N*⁷, *N*¹⁰]acetil-κO)-D-fenilalanil-L-cisteinil-L-tirosil-D-triptofil-L-lisil-L-treonil-L-cisteinil-L-treonina]])(^{225}Ac)actinio
*antineoplásico*C₆₅H₈₇²²⁵AcN₁₄O₁₉S₂

2864473-30-1

**afivastobartum #**

afivastobart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ENTPD1 (ectonucleoside triphosphate diphosphohydrolase 1, CD39)], monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*03 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%) 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, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 K120 (220) (124-221), hinge 1-15 (222-236), CH2 L1.3>A (240), L1.2>A (241)(237-346), CH3 D12 (362), L14 (364) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-213')-disulfide

	with L-kappa light chain (1'-213') [V-KAPPA Ratnor/Homsap (<i>Rattus norvegicus</i> IGKV3S11*01 (89.5%) -IGKJ4*01 (90.9%) S120>Q (99')/<i>Homo sapiens</i> IGKV3-11*01 (69.5%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.8] (27'-32'.50'-52'.89'-96')) (1'-106') - <i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213')]; dimer (232-232":235-235")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa <i>antineoplastic</i>
afivastobart	immunoglobuline G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> ENTPD1 (ectonucleoside triphosphate diphosphohydrolase 1, CD39)], anticorps monoclonal; chaîne lourde H-gamma1 (1-453) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-30*03 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%) L123>M (118), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112)) (1-123) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 K120 (220) (124-221), charnière 1-15 (222-236), CH2 L1.3>A (240), L1.2>A (241) (237-346), CH3 D12 (362), L14 (364) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-213')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa (1'-213') [V-KAPPA Ratnor/Homsap (<i>Rattus norvegicus</i> IGKV3S11*01 (89.5%) -IGKJ4*01 (90.9%) S120>Q (99')/<i>Homo sapiens</i> IGKV3-11*01 (69.5%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.8] (27'-32'.50'-52'.89'-96')) (1'-106') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213')]; dimère (232-232":235-235")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa <i>antineoplasique</i>
afivastobart	immunoglobulina G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> ENTPD1 (ectonucleósido trifosfato difosfohidrolasa 1, CD39)], anticuerpo monoclonal; cadena pesada H-gamma1 (1-453) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-30*03 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%) L123>M (118), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112)) (1-123) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 K120 (220) (124-221), bisagra 1-15 (222-236), CH2 L1.3>A (240), L1.2>A (241) (237-346), CH3 D12 (362), L14 (364) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-213')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa (1'-213') [V-KAPPA Ratnor/Homsap (<i>Rattus norvegicus</i> IGKV3S11*01 (89.5%) -IGKJ4*01 (90.9%) S120>Q (99')/<i>Homo sapiens</i> IGKV3-11*01 (69.5%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.8] (27'-32'.50'-52'.89'-96')) (1'-106') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213')]; dímero (232-232":235-235")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa <i>antineoplásico</i>

3053974-60-7

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

VQQLVESGGG VVQPGRLRL SCAASGFTFN NYGMNWRVQA PGKGLEWVAS 50
 FSSSSTYISY ADTVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMSSLRAED TAVVYCARHG 100
 RYGGYGGFYF DYWGQGTMTV VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC 150
 LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG 200
 TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSCDKTH TCPPCPAPEA AGGPSVFLFP 250
 PKPKDTLMIS RTPEVTCVVV DVSHEDPEVK FNWYVDGVEV HNAKTKPREE 300
 QYNSTYRVVS VLTVLHQDWL NGKEYKCKVS NKALPAPIEK TISKAKGQPR 350
 EPQVYTLPPS RDELTKNQVS LTCLVKGFYP SDIAVEWESN GPENNYKTT 400
 PPVLDSDGSF FLYSKLTVDK SRWQQGNVFS CSVMHEALHN HYTQKSLSL 450
 PGK 453

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

DTVLTQSPAS LAVSPGQRAT ITCRASEGVK SYMHWYQQK QPPKLLIYK 50
 ASNLASGVPA RFGSGSGTD FTLTINPVEA DDTANYYCQQ SWNDPTFGQG 100
 TKLEIKRTVA APSVFIFPPS DEQLKSGTAS VVCLLNNFYP REAKVQWKVD 150
 NALQSGNSQE SVTEQDSKDS TYSLSTLTSL 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) 22-96 150-206 267-327 373-431

22"-96" 150"-206" 267"-327" 373"-431"

Intra-L (C23-C104) 23'-88' 133'-193'

23'''-88''' 133'''-193'''

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) / 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"

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: 453, 453"

alimatravirum

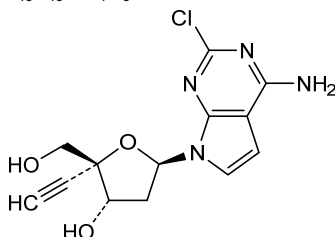
alimatravir 2-chloro-2'-deoxy-4'-C-ethynyl-7-carbaadenosine
antiviral

alimatravir 2-chloro-2'-désoxy-4'-C-éthynyl-7-carbaadénosine
antiviral

alimatravir 2-cloro-2'-desoxi-4'-C-etinil-7-carbaadenosina
antiviral

C₁₃H₁₃ClN₄O₃

1810869-23-8



alveltamigum #
alveltamig

immunoglobulin (H-gamma1_L-kappa)_(scFvvhk-15mer-scFvhl-G1(h-CH2-CH3)), anti-[*Homo sapiens* DLL3 (delta-like ligand 3, delta like canonical Notch ligand 3)] and anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], monoclonal antibody, bispecific, trivalent;
H-gamma1 heavy chain anti-DLL3 (H) (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*03 (92.9%) -(IGHD)-IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*01v, G1m17,1>G1m3,1 CH1 R120, CH3 D12, L14, 6-G1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116, 14-G1v75 CH3 C5, 14-G1v72-5 E26, D88, E119 (CH1 R120 (215) (119-216), hinge 1-15 (217-231), CH2 L1.3>F (235), L1.2>E (236), P116>S (332) (232-341), CH3 Y5>C (350), D12 (357), L14 (359), K26>E (371), K88>D (410), K119>E (440) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-219')-disulfide with L-kappa light chain anti-DLL3 (L') (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-6*01 (78.8%) -IGKJ1*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')]; fused scFvvhk-scFvhl-G1(h-CH2-CH3) heavy chain anti-DLL3 and anti-CD3E (H") (1"-736") [scFvvhk anti-DLL3 (1"-244") [VH anti-DLL3 (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (87.8%) -(IGHD)-IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (26"-33".51"-58".97"-111")) (1"-122") -15-mer tris(tetraglycyl-seryl) linker (123"-137") -V-KAPPA anti-DLL3 (*Homo sapiens* IGKV1-9*01 (85.3%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (164"-169".187"-189".226"-234")) (138"-244")] -6-mer (seryl-tetraglycyl-seryl) linker (245"-250") -[scFvhl anti-CD3E (251"-504") [VH anti-CD3E (*Homo sapiens* IGHV3-73*01 (87.0%) -(IGHD)-IGHJ4*01 (86.7%), CDR-IMGT [8.10.16] (276"-283".301"-310".349"-364")) (251"-375") -20-mer tetrakis(glycyl-lysyl-prolyl-glycyl-seryl) linker (376"-395") -V-LAMBDA anti-CD3E Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGLV1*01 (80.6%) -IGLJ1*01 (100%)/*Homo sapiens* IGLV7-46*01 (76.8%) -IGLJ3*02 (100%), CDR-IMGT [9.3.9] (421"-429".447"-449".486"-494")) (396"-504")] -G1(h-CH2-CH3) (505"-736") [*Homo sapiens* IGHG1*01v, G1m17,1>G1m3,1 CH3 L14, 15-G1v37 h S5, 14-G1v74 CH3 C10, 6-G1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116, 14-G1v73-6 K12, K13, K84.2 (hinge 1-15 C5>S

(509") (505"-519"), CH2 L1.3>F (523"), L1.2>E (524"), P116>S (620") (520"-629"), CH3 S10>C (643"), D12>K (645"), E13>K (646"), L14 (647"), D84.2>K (688") (630"-734"), CHS (735"-736"))]; dimer (227-515":230-518":350-643")-trisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa *antineoplastic*

alvettamig

immunoglobuline (H-gamma1_L-kappa) (scFv_hk-15mer-scFv_hl-G1(h-CH2-CH3)), anti-[*Homo sapiens* DLL3 (delta-like ligand 3, delta like canonique Notch ligand 3)] et anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], anticorps monoclonal, bispécifique, trivalent; chaîne lourde H-gamma1 anti-DLL3 (H) (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*03 (92.9%) -(IGHD)-IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*01v, G1m17,1>G1m3,1 CH1 R120, CH3 D12, L14, 6-G1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116, 14-G1v75 CH3 C5, 14-G1v72-5 E26, D88, E119 (CH1 R120 (215) (119-216), charnière 1-15 (217-231), CH2 L1.3>F (235), L1.2>E (236), P116>S (332) (232-341), CH3 Y5>C (350), D12 (357), L14 (359), K26>E (371), K88>D (410), K119>E (440) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-219')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa anti-DLL3 (L') (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-6*01 (78.8%) -IGKJ1*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')]; chaîne lourde fusionnée scFv_hk-scFv_hl-G1(h-CH2-CH3) anti-DLL3 et anti-CD3E (H") (1"-736") [scFv_hk anti-DLL3 (1"-244") [VH anti-DLL3 (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (87.8%) -(IGHD)-IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (26"-33".51"-58".97"-111")) (1"-122") -15-mer tris(tétraglycyl-séryl) coupleur (123"-137") -V-KAPPA anti-DLL3 (*Homo sapiens* IGKV1-9*01 (85.3%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (164"-169".187"-189".226"-234")) (138"-244")] -6-mer (séryl-tétraglycyl-séryl) coupleur (245"-250") -[scFv_hl anti-CD3E (251"-504") [VH anti-CD3E (*Homo sapiens* IGHV3-73*01 (87.0%) -IGHD -IGHJ4*01 (86.7%), CDR-IMGT [8.10.16] (276"-283".301"-310".349"-364")) (251"-375") -20-mer tétrakis(glycyl-lysyl-prolyl-glycyl-séryl) coupleur (376"-395") -V-LAMBDA anti-CD3E Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGLV1*01 (80.6%) -IGLJ1*01 (100%)/*Homo sapiens* IGLV7-46*01 (76.8%) -IGLJ3*02 (100%), CDR-IMGT [9.3.9] (421"-429".447"-449".486"-494")) (396"-504")] -G1(h-CH2-CH3) (505"-736") [*Homo sapiens* IGHG1*01v, G1m17,1>G1m3,1 CH3 L14, 15-G1v37 h S5, 14-G1v74 CH3 C10, 6-G1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116, 14-G1v73-6 K12, K13, K84.2 (charnière 1-15 C5>S (509") (505"-519"), CH2 L1.3>F (523"), L1.2>E (524"), P116>S (620") (520"-629"), CH3 S10>C (643"), D12>K (645"), E13>K (646"), L14 (647"), D84.2>K (688") (630"-734"), CHS (735"-736"))]; dimère (227-515":230-518":350-643")-trisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster

	chino (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa <i>antineoplasique</i>
alvettamig	inmunoglobulina (H-gamma1_L-kappa)_(scFvkh-15mer-scFvhl-G1(h-CH2-CH3)), anti-[<i>Homo sapiens</i> DLL3 (delta-like ligando 3, delta like canónico Notch ligando 3)] y anti-[<i>Homo sapiens</i> CD3E (CD3 épsilon, Leu-4)], anticuerpo monoclonal, biespecífico, trivalente; cadena pesada H-gamma1 anti-DLL3 (H) (1-448) [VH (<i>Homo sapiens</i>IGHV3-30*03 (92.9%) -(IGHD)-IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -<i>Homo sapiens</i>IGHG1*01v, G1m17,1>G1m3,1 CH1 R120, CH3 D12, L14, 6-G1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116, 14-G1v75 CH3 C5, 14-G1v72-5 E26, D88, E119 (CH1 R120 (215) (119-216), bisagra 1-15 (217-231), CH2 L1.3>F (235), L1.2>E (236), P116>S (332) (232-341), CH3 Y5>C (350), D12 (357), L14 (359), K26>E (371), K88>D (410), K119>E (440) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-219')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa anti-DLL3 (L') (1'-219') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i>IGKV1-6*01 (78.8%) -IGKJ1*01 (91.7%), CDR-IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102')) (1'-112') -<i>Homo sapiens</i>IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')]; cadena pesada fusionada scFvkh-scFvhl-G1(h-CH2-CH3) anti-DLL3 y anti-CD3E (H") (1"-736") [scFvkh anti-DLL3 (1"-244") [VH anti-DLL3 (<i>Homo sapiens</i>IGHV1-46*01 (87.8%) -(IGHD)-IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (26"-33".51"-58".97"-111")) (1"-122") -15-mer tris(tetraglicil-seril) enlace (123"-137") -V-KAPPA anti-DLL3 (<i>Homo sapiens</i>IGKV1-9*01 (85.3%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (164"-169".187"-189".226"-234")) (138"-244")] -6-mer (seril-tetraglicil-seril) enlace (245"-250") -[scFvhl anti-CD3E (251"-504") [VH anti-CD3E (<i>Homo sapiens</i>IGHV3-73*01 (87.0%) -IGHD -IGHJ4*01 (86.7%), CDR-IMGT [8.10.16] (276"-283".301"-310".349"-364")) (251"-375") -20-mer tetrakis(glicil-lisil-prolil-glicil-seril) enlace (376"-395") -V-LAMBDA anti-CD3E Musmus/Homsap (<i>Mus musculus</i> IGLV1*01 (80.6%) -IGLJ1*01 (100%) /<i>Homo sapiens</i> IGLV7-46*01 (76.8%) -IGLJ3*02 (100%), CDR-IMGT [9.3.9] (421"-429".447"-449".486"-494")) (396"-504")] -G1(h-CH2-CH3) (505"-736") [<i>Homo sapiens</i>IGHG1*01v, G1m17,1>G1m3,1 CH3 L14, 15-G1v37 h S5, 14-G1v74 CH3 C10, 6-G1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116, 14-G1v73-6 K12, K13, K84.2 (bisagra 1-15 C5>S (509") (505"-519"), CH2 L1.3>F (523"), L1.2>E (524"), P116>S (620") (520"-629"), CH3 S10>C (643"), D12>K (645"), E13>K (646"), L14 (647"), D84.2>K (688") (630"-734"), CHS (735"-736"))]; dímero (227-515":230-518":350-643")-trisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa <i>antineoplásico</i>

3062244-97-4

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: H-gamma1 anti-DLL3 (H)

EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS SYGMHWVRQA PGKGLEWVAV 50
 ISHHGSSKYY ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARDW 100
 FFYLFDDYWGQ GTLVTVSSAS TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY 150
 FPEPVTVSWN SGALTSQVHT FPAVLQSSGL YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI 200
 CNVNHKPSNT KVDKRVEPKS CDKTHTCPPC PAPEFEGGPS VFLFPPKPKD 250
 TLMISRTPEV TCVVVDVSH EPEVKFNWYV DGEVHNNAKT KPREEQYNST 300
 YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP ASIEKTISKA KGQPREPQVC 350
 TLPSPRDEL TKNQVSLTCLV EGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTPPVLD 400
 SDGSFFLYSD LTVDKSRWQQ GNVFSCSVMH EALHNHYTQE SLSLSPGK 448

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: L-kappa anti-DLL3 (L')

DIQMTQSPSS LSASVGDRVIT ITCKSSQSL L HSDAKTFLYW YQQKPGKAPK 50
 LLLIYEVSNRF SGVPSRFSGS GSGTDFTLTI SSLQPEDFAT YYCLQGERLP 100
 FTFGQGTKEV IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVCL LNNFYPREAK 150
 VQWKVDNALQ SGNSQESVTE QDSKDYSTSL SSTLTLSKAD YEKHKVYACE 200
 VTHQGLSSPV TKSFNREGC 219

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: scFv_hk anti-DLL3 -scFv_hl-G1(h-CH2-CH3) anti-CD3E (H')

QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT DYFMNWRQA PGQGLEWMGV 50
 INPYNDITIY NQKFQGRVTM TVDRSTSTVY MELSSLRSED TAVYYCAREG 100
 VLYDGYEGA YWQGTSLTVT SSGGGSGGGG GSGGGGSDIQ LTQSPSFLSA 150
 SVGDRVITIC KASQNVGIAV AWYQQKPGKA PKLLIYAASN RYTGVPSPRFS 200
 GSGSGTEFTL TISSLPEDF ATYYCQYST YPYTFGQGTK LEIKSGGGGS 250
 EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS TYAMNWRQA PGKGLEWVGR 300
 IRSKYNNYAT YYADSVKGRF TISRDSDKNT LYLQMNSLRA EDTAVYYCVR 350
 HGMFGDSYVS WFEYWGQGT L VTVSSGKPGS GKPGSGKPGS KPGSQAVVT 400
 QEPSLTVSPG GTVTLTCGSS TGAVTTSNYA NWVQQKPGKS PRGLIGGTNK 450
 RAPGVPARFS GSLLGGKAAL TISGAQPEDE ADYYCALWYS NHWVFGGGTK 500
 LTVLEPKSSD KTHTCPPCPA PEFEGGPSVF LFPPKPKDTL MISRTPEVTC 550
 VVVDVSHEDP EVKFNWYVDG VEVHNAKTKP REEQYNSTYR VVSVLTVLHQ 600
 DWLNGKEYKC KVSNNKALPAS IEKTISKAKG QPREPQVYTL PPCRKLTKN 650
 QVSLTCLVKG FYPSDIAVEW ESNGQPENNY KTPPVVLKSD GSFFLYSKLT 700
 VDKSRWQQGN VFSCSVMHEA LHNHYTQKSL SLSPGK 736

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
 Intra-H' (C23-C104) 22"-96" 160"-225" 272"-348" 417"-485" 550"-610" 656"-714"
 Intra-L' (C23-C104) 23'-93' 139'-199'
 Inter-H-L' (h 5-CL 126) 221-219'
 Inter-H-H" (h 11, h 14) 227-515" 230-518"
 Inter-H-H" (CH3 C5-C10)* 350-643"

*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)
 H VH Q1: 1"

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

H CH2 N84.4: 298, 586"

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, 736"

amesotatugum #

amesotatug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ANXA1 (annexin A1, annexin 1, lipocortin 1)], humanized monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain humanized (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*10 (83.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%) L123>M (113), 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)], (221-219')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-30*02 (89.0%) -IGKJ2*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 (227-227'':230-230'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DG44, glycoform alfa *antineoplastic*

amésotatug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ANXA1 (annexine A1, annexine 1, lipocortine 1)]; anticorps monoclonal humanisé;
chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*10 (83.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%) L123>M (113), 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)], (221-219')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-30*02 (89.0%) -IGKJ2*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 (227-227'':230-230'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DG44, glycoforme alfa *antineoplasique*

amesotatug

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ANXA1 (anexina A1, anexina 1, lipocortina 1)]; anticuerpo monoclonal humanizado;
cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*10 (83.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%) L123>M (113), 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)], (221-219')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-30*02 (89.0%) -IGKJ2*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 (227-227'':230-230'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DG44, forma glicosilada alfa *antineoplásico*

3051777-50-2

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H")
QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGYTFT NYWIGWVRQA PGQGLEWVGD 50
IYPGGDYTNY NEKFKGRVTI TADKSTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARWG 100
LGYYFDYWQO GTMVTVSSAS TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY 150
FPEFVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI 200
CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPELLGGPS VFLFPPKPKD 250
TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY 350
TLPSPSRDEL TKNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD 400
SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L', L'")
DVVMTQSPLS LPVTLGQPAS ISCRSSQSLE NSNAKTYLNW FQQRPGQSPR 50
RLIYGVSNRF SGVPDRFSGS GSGTDFTLKI SRVEAEDGVV YFCLQVTHVP 100
YTFGQGKTLE IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVVCV LNNFYPREAK 150
VQWKVDNALQ SGNSQESVTE QDSKDSITYSL 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) 22-96 145-201 262-322 368-426
22"-96" 145"-201" 262"-322" 368"-426"
Intra-L (C23-C104) 23'-93' 139'-199'
23'''-93''' 139'''-199'''
Inter-H-L (h 5-CL 126) 221-219' 221"-219"
Inter-H-H (h 11, h 14) 227-227" 230-230"

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: 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"

amitiotinum
amitiotine

2-[(3-aminopropyl)amino]ethane-1-thiol
cytoprotective, radiation-induced dermatitis

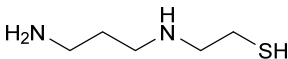
amitiotine

2-[(3-aminopropyl)amino]éthane-1-thiol
cytoprotecteur, dermatite induite par les radiations

amitiotina

2-[(3-aminopropil)amino]etano-1-tiol
citoprotector, dermatitis inducida por radiación

C₅H₁₄N₂S 31098-42-7



anvoglutidum anvoglutide	$N^{6,26}$ -[(22S)-22,42-dicarboxy-10,19,24-trioxo-3,6,12,15-tetraoxa-9,18,23-triazadotetracontan-1-oyl][A ⁸ >Aib, G ²² >E, K ³⁴ >R] human glucagon-like peptide 1 (7-37) (GLP-1 (7-37)); L-histidyl-2-methylalanyl-L- α -glutamylglycyl-L-threonyl-L-phenylalanyl-L-threonyl-L-seryl-L- α -aspartyl-L-valyl-L-seryl-L-seryl-L-tyrosyl-L-leucyl-L- α -glutamyl-L- α -glutamyl-L-glutaminy-L-alanyl-L-alanyl- N^6 -[(22S)-22,42-dicarboxy-10,19,24-trioxo-3,6,12,15-tetraoxa-9,18,23-triazadotetracontan-1-oyl]-L-lysyl-L- α -glutamyl-L-phenylalanyl-L-isoleucyl-L-alanyl-L-tryptophyl-L-leucyl-L-valyl-L-arginylglycyl-L-arginylglycine <i>glucagon-like peptide 1 (GLP-1) receptor agonist, antidiabetic, obesity</i>
anvoglutide	$N^{6,26}$ -[(22S)-22,42-dicarboxy-10,19,24-trioxo-3,6,12,15-tétraoxa-9,18,23-triazadotétracontan-1-oyl][A ⁸ >Aib, G ²² >E, K ³⁴ >R]peptide 1 (7-37) apparenté au glucagon (GLP-1 (7-37)) humain; L-histidyl-2-méthylalanyl-L- α -glutamylglycyl-L-thréonyl-L-phénylalanyl-L-thréonyl-L-séryl-L- α -aspartyl-L-valyl-L-séryl-L-séryl-L-tyrosyl-L-leucyl-L- α -glutamyl-L- α -glutamyl-L-glutaminy-L-alanyl-L-alanyl- N^6 -[(22S)-22,42-dicarboxy-10,19,24-trioxo-3,6,12,15-tétraoxa-9,18,23-triazadotétracontan-1-oyl]-L-lysyl-L- α -glutamyl-L-phénylalanyl-L-isoleucyl-L-alanyl-L-tryptophyl-L-leucyl-L-valyl-L-arginylglycyl-L-arginylglycine <i>agoniste des récepteurs du peptide 1 de type glucagon (GLP-1), antidiabétique, obésité</i>
anvoglutida	$N^{6,26}$ -[(22S)-22,42-dicarboxi-10,19,24-trioxo-3,6,12,15-tetraoxa-9,18,23-triazadotetracontan-1-oil][A ⁸ >Aib, G ²² >E, K ³⁴ >R]péptido 1 (7-37) similar al glucagón tipo 1 (GLP-1 (7-37)) humano; L-histidil-2-metilalanil-L- α -glutamilglicil-L-treonil-L-fenilalanil-L-treonil-L-seril-L- α -aspartil-L-valil-L-seril-L-seril-L-tirosil-L-leucil-L- α -glutamil-L- α -glutamil-L-glutamini-L-alanil-L-alanil- N^6 -[(22S)-22,42-dicarboxi-10,19,24-trioxo-3,6,12,15-tetraoxa-9,18,23-triazadotetracontán-1-oil]-L-lisil-L- α -glutamil-L-fenilalanil-L-isoleucil-L-alanil-L-triptofil-L-leucil-L-valil-L-arginilglicil-L-arginilglicina <i>agonista de los receptores del péptido 1 similar al glucagón (GLP-1), antidiabético, obesidad</i>
$C_{192}H_{299}N_{45}O_{61}$ 3091730-40-1	
Sequence / Séquence / Secuencia	
HAE G TFTSDV SSYLE E QAAK E F IAWLVRGR G 31 (7-37)	
Modifications / Modifications / Modificaciones	
G ²² >E ¹⁶ , K ³⁴ >R ²⁸	
A8>A (2) 2-CH₃Ala, Aib H₃CCH₃ H₂N—C—CO₂H HO₂C—[CH₂]₁₉—C(=O)—NH—CH(CH₂CH₂CO₂H)—C(=O)—NH—[CH₂CH₂O]₂—C(=O)—NH—[CH₂CH₂CH₂CH₂CH(NH₂)CO₂H] K26>K (20) N^6-R-L-Lys	
aritinerceptum # aritinercept	human tumor necrosis factor receptor superfamily member 17 (TNFRSF17, B-cell maturation protein, BCMA, CD269, Uniprot: Q02223) extracellular domain fragment (5-49, 1-45 in the current

sequence) variant (S¹⁶>H¹², L¹⁸>I¹⁴, H¹⁹>R¹⁵, S⁴⁴>G⁴⁰) fused at the C-terminus via peptide linker ⁴⁶GGGGSA⁵¹ to a human immunoglobulin G4 (IgG4) Fc fragment (h-CH2-CH3-CHS domains) (52-280) [*Homo sapiens* IGHG4*01 (hinge S⁶¹>P (52-63), CH2 F⁶⁷>A, L⁶⁸>A (64-173), CH3 L²⁷⁸>P (174-278), CHS (279-280))] dimer (59-59':62-62')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
immunomodulator

aritinercept fragment du domaine extracellulaire du membre 17 de la superfamille des récepteurs du facteur de nécrose tumorale humaine (TNFRSF17, protéine de maturation des cellules B, BCMA, CD269, Uniprot: Q02223) (5-49, 1-45 dans la séquence actuelle) variant (S¹⁶>H¹², L¹⁸>I¹⁴, H¹⁹>R¹⁵, S⁴⁴>G⁴⁰) fusionné à l'extrémité C-terminale à l'aide du coupleur peptidique ⁴⁶GGGGSA⁵¹ à un fragment Fc d'immunoglobuline G4 (IgG4) humaine (domaines h-CH2-CH3-CHS) (52-280) [*Homo sapiens* IGHG4*01 (charnière S⁶¹>P (52-63), CH2 F⁶⁷>A, L⁶⁸>A (64-173), CH3 L²⁷⁸>P (174-278), CHS (279-280)], dimère (59-59':62-62')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
immunomodulateur

aritinercept fragmento del dominio extracelular del miembro 17 de la superfamilia de receptores del factor de necrosis tumoral humano (TNFRSF17, proteína de maduración de células B, BCMA, CD269, Uniprot: Q02223) (5-49, 1-45 en la secuencia actual) variante (S¹⁶>H¹², L¹⁸>I¹⁴, H¹⁹>R¹⁵, S⁴⁴>G⁴⁰) fusionado en el extremo C-terminal mediante el conector peptídico ⁴⁶GGGGSA⁵¹ a un fragmento Fc de inmunoglobulina G4 (IgG4) humana (dominios h-CH2-CH3-CHS) (52-280) [*Homo sapiens* IGHG4*01 (bisagra S⁶¹>P (52-63), CH2 F⁶⁷>A, L⁶⁸>A (64-173), CH3 L²⁷⁸>P (174-278), CHS (279-280)], dímero (59-59':62-62')-bisdisulfuro, producido en células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, glicoforma alfa
inmunomodulador

3057276-00-0

Sequence / Séquence / Secuencia		
AGQCSQNEYF	DHLIRACIPC	QLRCSNTTP
AE SKYGP	PCP	EE AGG
PSVFL	FPPKP	KDTLMIS
EVTCVVVD	DVS	100
QEDPEVQ	FNW	YVDGVEVHNA
CTKPREE	QFN	STYRVVSVLT
VLHQDWL	NGK	150
EYKCKVSN	KG	LPSSIEKTIS
KAKGQ	PREPQ	VYTLPPSQEE
MTKNQV	SLTC	200
LVKGFY	PSDI	AVEWESNGQP
ENNYKT	TPPV	LSDGGSFFLY
SRLTVDK	SRW	250
QEGNVF	SCSV	MHEALHNHYT
QKSLSL	SGK	280

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión
⁴⁶GGGGSA⁵¹

Mutation / Mutation / Mutación
TNFRSF17: S¹²>H, L¹⁴>I, H¹⁵>R, S⁴⁰>G; Fc: S⁶¹>P, F⁶⁷>A, L⁶⁸>A, L²⁷⁸>P

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-chain TNFRSF17: 4-17, 20-33, 24-37 Fc: 94-154, 200-258
TNFRSF17: 4'-17', 20'-33', 24'-37' Fc: 94'-154', 200'-258'
Inter-chain: 59-59', 62-62'

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
N130, N130'

O-glycosylation sites / Sites de O-glycosylation / Posiciones de O-glicosilación
TNFRSF17: S25, S25'; linker: S50, S50'; Fc: S100, T183, T226, T267

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: K280, K280'

ascuprubartum #**ascuprubart**

immunoglobulin H-gamma2-4 chimerisotype G2[11aaG4]-kappa, anti-[*Homo sapiens* C5 (complement 5)], humanized monoclonal antibody; H-gamma2-4 chimerisotype heavy chain G2[11aaG4] humanized (1-448) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*04 (81.0%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [9.10.13] (26-34.51-60.99-111))] (1-122) -*Homo sapiens*IGHG2*01 6-G2v94 CH2 Q30, Y85.2, L92, S115, S116, A124, CH3 Q11, V84, R88, E98, L125 (CH1 (123-220), hinge 1-15 (221-232), CH2 H30>Q (269), F85.2>Y (301), V92>L (310), A115>S (331), P116>S (332), T124>A (340) (233-341), CH3 R11>Q (356), M84>V (398), K88>R (410), Q98>E (420), P125>L (446) (342-446), CHS (447-448)) (123-448)], (136-217')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-217') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-39*01 (90.2%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.12] (27'-32'.50'-52'.89'-100')) (1'-110') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (156'), V101 (194')) (111'-217')]; dimer (224-224": 225-225":228-228":231-231")-tetrakisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
complement C5 factor inhibitor, immunomodulator

ascuprubart

immunoglobuline H-gamma2-4 chimérisotype G2[11aaG4]-kappa, anti-[*Homo sapiens* C5 (complément 5)]; anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde chimérisotype H-gamma2-4 G2[11aaG4] humanisée (1-448) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*04 (81.0%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [9.10.13] (26-34.51-60.99-111))] (1-122) -*Homo sapiens*IGHG2*01 6-G2v94 CH2 Q30, Y85.2, L92, S115, S116, A124, CH3 Q11, V84, R88, E98, L125 (CH1 (123-220), charnière 1-15 (221-232), CH2 H30>Q (269), F85.2>Y (301), V92>L (310), A115>S (331), P116>S (332), T124>A (340) (233-341), CH3 R11>Q (356), M84>V (398), K88>R (410), Q98>E (420), P125>L (446) (342-446), CHS (447-448)) (123-448)], (136-217')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-217') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-39*01 (90.2%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.12] (27'-32'.50'-52'.89'-100')) (1'-110') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (156'), V101 (194')) (111'-217')]; dimère (224-224": 225-225":228-228":231-231")-tétrakisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
inhibiteur du facteur C5 du complément, immunomodulateur

ascuprubart

inmunoglobulina H-gamma2-4 quimerisotipo G2[11aaG4]-kappa, anti-[*Homo sapiens* C5 (complemento 5)]; anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada quimerisotipo H-gamma2-4 G2[11aaG4] humanizada (1-448) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*04 (81.0%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [9.10.13] (26-34.51-60.99-111))] (1-122) -*Homo sapiens*IGHG2*01 6-G2v94 CH2 Q30, Y85.2, L92, S115, S116, A124, CH3 Q11, V84, R88, E98, L125 (CH1 (123-220), bisagra 1-15 (221-232), CH2 H30>Q (269), F85.2>Y (301), V92>L (310), A115>S (331), P116>S (332), T124>A (340) (233-341), CH3 R11>Q (356), M84>V (398), K88>R (410), Q98>E (420), P125>L (446) (342-446), CHS (447-448)) (123-448)], (136-217')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-217') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-39*01 (90.2%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.12] (27'-32'.50'-52'.89'-100')) (1'-110') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (156'), V101 (194')) (111'-217')]; dímero (224-224": 225-225":228-228":231-231")-tetraakisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa
inhibidor del factor C5 del complemento, inmunomodulador

3056020-15-3

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H ⁺)		
EVQLVESGGG	LVQPGGSLRL	SCAASGFSFS GRYWIQWVRQ APGKGLEWVA 50
SGWPGATGDT	NYANWAKGRF	TISRDDSKNT LYLQMNSLRA EDTAVYYCAR 100
EPVAWGGGLD	LWGQGLTLTV	SSASTKGPSV FPLAPCSRST SESTAALGCL 150
VKDYFPEPVT	VSWNSGALTS	GVHTFPAVLQ SSGLYSLSSV VTPSSNFGT 200
QTYTCNVDHK	PSNTKVDKTV	ERKCCVECPP CPAPPVAGPS VFLFPPKPKD 250
TLMISRTPEV	TCVVVDVSQE	DPEVQFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQFNST 300
YRVVSVLTVL	HQDWLNGKEY	KCKVSNKGLP SSIEKTISKA KGQPREPQVY 350
TLPPSQEEMT	KNQVSLTCLV	KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD 400
SDGSFFLYSR	LTVDKSRWQE	GNVFSCSVMH EALHNNHYTQK SLSLSLGLK 448
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L ⁺)		
DIQMTQSPSS	LSASVGDRV	ITCQASQSIN NQLSWYQQKP GKAPKLLIYY 50
ASTLASGVPS	RFGSGSGGTD	FTLTISSLQP EDFATYYCQG SYISGGWDYG 100
FGQGTKEVEIK	RTVAAPSVFI	FPPSDEQLKS GTASVVCLLN NFYPREAKVQ 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"-98" 149"-205" 262"-322" 368"-426"
22"-98" 149"-205" 262"-322" 368"-426"

Intra-L (C23-C104) 23"-88" 137"-197"
23"-88" 137"-197"

Inter-H-L (CH1-CL 126) 136"-217" 136"-217"

Inter-H-H (h 4, h 5, h 8, h 11) 224"-224" 225"-225" 228"-228" 231"-231"

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 biantennarios complejos fucosilados

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

atlacabtagenum autoleucelum #

atlacabtagene autoleucel

autologous T lymphocytes obtained from peripheral blood mononuclear cells, transduced with a self-inactivating, non-replicating lentiviral vector encoding a chimeric antigen receptor (CAR) targeting human B-lymphocyte antigen CD19. The expressed transgene comprises a granulocyte-macrophage colony-stimulating factor receptor(GM-CSFR) leader sequence, an anti-CD19 single-chain variable fragment (scFv) (derived from antibody FMC63), a CD28 hinge, a CD28 transmembrane and endodomain, the Toll/interleukin-1 receptor (TIR) domain of the Toll-like receptor 2 (TLR-2) and a CD3ζ signalling domain, under control of the human elongation factor 1α (EF-1α) promoter. The construct is flanked by 5' and 3' long terminal repeats (LTRs) and contains a ψ packaging signal, a Rev response element (RRE), a central polypurine tract (cPPT) sequence and a mutated Woodchuck hepatitis virus post transcriptional element (WPRE).

The peripheral blood mononuclear cells (PBMC) are selected and activated with anti-CD3 / anti-CD28 agonistic antibodies in growth media containing interleukin 2 (IL-2). The cells are then transduced with the lentiviral vector and expanded in growth media containing interleukin 2 (IL-2). The T lymphocytes (≥80% CD3+ cells; with ≤1% CD3-CD19+ and ≤1% CD3-CD22+ B lymphocytes), are positive for the transgene (≥5% CAR+), and after co-incubation with CD19-expressing target cells demonstrate interferon gamma (IFN-γ) secretion
cell-based gene therapy (antineoplastic)

atlacabtagène autoleucel lymphocytes T autologues obtenus à partir de cellules mononucléaires du sang périphérique, transduits par un vecteur lentiviral auto-inactivant et non répliquatif codant pour un récepteur antigénique chimérique (RAC) ciblant l'antigène CD19 des lymphocytes B humains. Le transgène exprimé comprend une séquence de tête du récepteur du facteur de stimulation des colonies de granulocytes et de macrophages (GM-CSFR), un fragment variable à chaîne unique anti-CD19 (scFv) dérivé de l'anticorps FMC63, une charnière CD28, un domaine transmembranaire et endodomaine CD28, le domaine Toll/récepteur de l'interleukine-1 (TIR) du récepteur 2 similaire à Toll (TLR-2) et un domaine de signalisation CD3ζ, sous le contrôle du promoteur du facteur d'élongation 1α (EF-1α) humain. La construction est flanquée de répétitions terminales longues (LTRs) 5' et 3' et contient un signal d'emballage ψ, un élément de réponse Rev (RRE), une séquence du tractus polypurine central (cPPT) et un élément post-transcriptionnel muté du virus de l'hépatite de la marmotte (WPRE). Les cellules mononucléaires du sang périphérique (CMSP) sont sélectionnées et activées par des anticorps agonistes anti-CD3/anti-CD28 dans un milieu de croissance contenant de l'interleukine 2 (IL-2). Les cellules sont ensuite transduites avec le vecteur lentiviral et expansées dans un milieu de croissance contenant de l'IL-2. Les lymphocytes T (≥80% de cellules CD3+; avec ≤1% de lymphocytes B CD3-CD19+ et ≤1% de CD3-CD22+) sont positifs pour le transgène (≥5% RAC positifs) et, après co-incubation avec des cellules cibles exprimant CD19, présentent une sécrétion d'interféron gamma (IFN-γ) *thérapie génique à base de cellules (antinéoplasique)*

atlacabtagén autoleucel linfocitos T autólogos obtenidos de células mononucleares de sangre periférica, transducidos con un vector lentiviral auto inactivante, no replicativo, que codifica un receptor de antígenos quimérico (CAR) dirigido al antígeno de linfocitos B humano CD19. El transgén expresado consta de una secuencia líder del receptor del factor estimulador de colonias granulocito-macrófagos (GM-CSF), un fragmento variable de cadena sencilla (scFv) anti-CD19 (derivado del anticuerpo FMC63), una bisagra de CD28, un dominio transmembrana y un endodominio de CD28, el dominio Toll/receptor de interleuquina-1 (TIR) del receptor 2 similar a Toll (TLR-2) y un dominio de señalización de CD3ζ, bajo el control del promotor del factor de elongación 1 alfa (EF-1α). El constructo está flanqueado por repeticiones terminales largas (LTRs) en 5' y 3' y contiene una señal de empaquetamiento ψ, un elemento de respuesta Rev (RRE), una secuencia de tracto de polipurina central (cPPT) y un elemento postranscripcional mutado del virus de la hepatitis de la marmota (WPRE). Las células mononucleares de sangre periférica (PBMC) se seleccionan y activan con anticuerpos agonistas anti-CD3/anti-CD28 en medio de crecimiento que contiene interleuquina 2 (IL-2). Las células se transducen después con el vector lentiviral y se expanden en medio de crecimiento que contiene IL-2. Los linfocitos T (≥80% células CD3+; ≤1% células B CD3-CD19+ y ≤1% CD3-CD22+), son positivos para el transgén (≥5% CAR+), y tras la coincubación con células diana que expresan CD19 muestran secreción de interferón gamma (IFN-γ) *terapia génica basada en células (antineoplásico)*

avigbagenum parvecum #

avigbagene parvec

recombinant non-replicating adeno-associated viral vector with an engineered liver specific capsid (rAAVS3) derived from AAV8/AAV3B encoding codon-optimised beta-glucocerebrosidase (GBA, acid β -glucosidase, lysosomal acid glucosylceramidase, GCase), variant (351-cysteine, 380-cysteine). The expressed transgene is under control of a liver-specific promoter derived from the human apolipoprotein E gene hepatic control region (HCR) enhancer and the α 1-antitrypsin (hAAT) (human trypsin inhibiting protein serpin A1) promoter, a simian virus 40 (SV40) intron, and a bovine growth hormone polyadenylation signal; flanked by adeno-associated virus 2 (AAV2) inverted terminal repeats (ITRs)

gene therapy (Gaucher disease)

avigbagène parvec

vecteur viral adéno-associé recombinant non réplcatif, doté d'une capsid hépatique spécifique (rAAVS3) dérivée de l'AAV8/AAV3B codant la bêta-glucocérébrosidase à codons optimisés (GBA, β -glucosidase acide, glucosylcéramidase acide lysosomale, GCase), variante (351-cystéine, 380-cystéine). Le transgène exprimé est sous le contrôle d'un promoteur hépatique spécifique dérivé de l'amplificateur de la région de contrôle hépatique (HCR) du gène de l'apolipoprotéine E humaine et du promoteur de l' α 1-antitrypsine (hAAT) (protéine inhibitrice de la trypsine humaine, serpine A1), d'un intron du virus simien 40 (SV40) et d'un signal de polyadénylation de l'hormone de croissance bovine; flanqué des répétitions terminales inversées (ITRs) du virus adéno-associé 2 (AAV2)

thérapie génique (maladie de Gaucher)

avigbagén parvec

vector de virus adenoasociado recombinante con una cápside diseñada específica del hígado (rAAVS3) derivada de AAV8/AAV3B, no replicativo, que codifica, con codones optimizados, la beta glucocerebrosidasa (GBA, β -glucosidase ácida, glucosilceramidasa ácida lisosomal, GCasa), variante (351-cisteina, 380-cisteina). El transgén expresado está bajo el control de un promotor específico de hígado derivado del potenciador de la región de control hepático (HCR) del gen de la apolipoproteína E humana y el promotor de la α 1-antitripsina (hAAT) (tripsina humana inhibidora de la proteína serpina A1), un intrón del virus simio 40 (SV40) y una señal de poliadenilación de la hormona de crecimiento bovina; flanqueado por repeticiones terminales invertidas (ITRs) del virus adenoasociado 2 (AAV2)

terapia génica (enfermedad de Gaucher)

3052952-55-0

balumorextonum

balumorexton

N-{[(6*R*)-7,7-difluoro-2-[5-fluoro-4-(2,4,6-trifluorophenyl)-1,2-benzoxazol-3-yl]-3-oxo-2,5,6,7-tetrahydro-3*H*-pyrrolo[1,2-*c*]imidazol-6-yl]}methanesulfonamide
orexin receptor agonist, narcolepsy

balumorexton

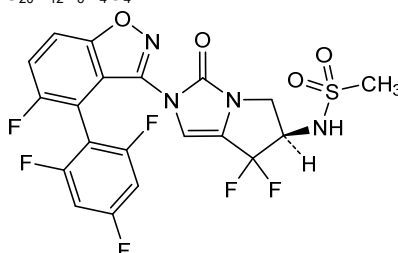
N-{[(6*R*)-7,7-difluoro-2-[5-fluoro-4-(2,4,6-trifluorophényl)-1,2-benzoxazol-3-yl]-3-oxo-2,5,6,7-tétrahydro-3*H*-pyrrolo[1,2-*c*]imidazol-6-yl]}méthanesulfonamide
agoniste du récepteur de l'orexine, narcolepsie

balumorextón

N-{[(6*R*)-7,7-difluoro-2-[5-fluoro-4-(2,4,6-trifluorofenil)-1,2-benzoxazol-3-il]-3-oxo-2,5,6,7-tetrahidro-3*H*-pirrolo[1,2-*c*]imidazol-6-il]}metanosulfonamida
agonista del receptor de la orexina, narcolepsia

C₂₀H₁₂F₆N₄O₄S

3037907-48-2

**bamileucelum**

bamileucel

human culture expanded and activated autologous lymphocytes derived from resected melanoma tumor tissue. The tumor fragments are digested with recombinant DNase I (*dornase alfa*) and collagenase. The isolated lymphocytes are then cultured in medium containing human serum and interleukin-2 (IL-2), followed by rapid expansion in medium containing human serum, IL-2, anti-CD3 (*muromonab-CD3*, OKT3) and irradiated allogeneic feeder cells. The final substance consists of viable CD3+CD45+ T lymphocytes (≥90%) and low levels of CD45- and CD19+ cells (< 1% each). The lymphocytes demonstrate anti-tumour reactivity, which is assessed using a surrogate assay based on interferon gamma (IFN-γ) release following CD3/CD28 stimulation *in vitro*
cell therapy (antineoplastic)

bamileucel

lymphocytes autologues humains, issus de tissus tumoraux de mélanome réséqués, expansés en culture et activés. Les fragments tumoraux sont digérés par de l'ADNase I recombinante (*dornase alfa*) et de la collagénase. Les lymphocytes isolés sont ensuite cultivés dans un milieu contenant du sérum humain et de l'interleukine-2 (IL-2), puis soumis à une expansion rapide dans un milieu contenant du sérum humain, de l'IL-2, des anti-CD3 (*muromonab-CD3*, OKT3) et des cellules nourricières allogéniques irradiées. Le produit final est constitué de lymphocytes T CD3+CD45+ viables (≥90%), et de faibles taux de cellules CD45- et CD19+ (< 1% chacune). Les lymphocytes présentent une réactivité antitumorale, évaluée par un test de substitution basé sur la libération d'interféron gamma (IFN-γ), après stimulation *in vitro* de CD3/CD28
thérapie cellulaire (antinéoplasique)

bamileucel linfocitos autólogos humanos expandidos en cultivo y activados derivados de tejido tumoral de melanoma resecado. Los fragmentos del tumor se digieren con DNasa I recombinante (*dornasa alfa*) y colagenasa. Los linfocitos aislados se cultivan después en medio que contiene suero humano e interleuquina-2 (IL-2), seguido por expansión rápida en medio que contiene suero humano, IL-2, anti-CD3 (*muromonab-CD3*, OKT3) y células alimentadoras alogénicas irradiadas. La sustancia final consiste en linfocitos T viables CD3+CD45+ (≥90%) y bajos niveles de células CD45- y CD19+ (< 1% cada una). Los linfocitos muestran reactividad antitumoral, la cual se mide usando un ensayo subrogado basado en la liberación de interferón gamma (IFN-γ) tras la estimulación CD3/CD28 *in vitro* **terapia celular (antineoplásico)**

batelintidium
batelintide S⁴,S⁹-cyclo[N-(19-carboxynonadecanoyl)-L-γ-glutamyl-L-lysyl-L-lysyl-L-cysteinyl-L-seryl-L-threonyl-L-alanyl-L-threonyl-L-cysteinyl-L-alanyl-L-threonyl-L-glutamyl-L-arginyl-L-leucyl-L-alanyl-L-α-glutamyl-L-α-glutamyl-L-leucyl-L-histidyl-L-lysyl-L-leucyl-L-glutamyl-L-threonyl-L-tyrosyl-L-prolyl-L-arginyl-L-threonyl-L-prolyl-L-valylglycyl-L-seryl-L-asparaginy-L-threonyl-L-prolinamide]
dual amylin/calcitonin receptor agonist, antidiabetic

batélintide S⁴,S⁹-cyclo[N-(19-carboxynonadécanoyl)-L-γ-glutamyl-L-lysyl-L-lysyl-L-cystéinyl-L-séryl-L-thréonyl-L-alanyl-L-thréonyl-L-cystéinyl-L-alanyl-L-thréonyl-L-glutamyl-L-arginyl-L-leucyl-L-alanyl-L-α-glutamyl-L-α-glutamyl-L-leucyl-L-histidyl-L-lysyl-L-leucyl-L-glutamyl-L-thréonyl-L-tyrosyl-L-prolyl-L-arginyl-L-thréonyl-L-prolyl-L-valylglycyl-L-séryl-L-asparaginy-L-thréonyl-L-prolinamide]
agoniste double des récepteurs de l'amyline et de la calcitonine, antidiabétique

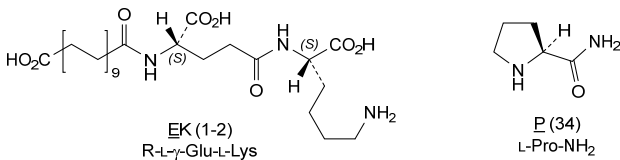
batelintida S⁴,S⁹-ciclo[N-(19-carboxinonadecanoil)-L-γ-glutamyl-L-lisil-L-lisil-L-cisteinil-L-seril-L-treonil-L-alanil-L-treonil-L-cisteinil-L-alanil-L-treonil-L-glutaminil-L-arginil-L-leucil-L-alanil-L-α-glutamyl-L-α-glutamyl-L-leucil-L-histidil-L-lisil-L-leucil-L-glutaminil-L-treonil-L-tirosil-L-prolil-L-arginil-L-treonil-L-prolil-L-valilglicil-L-seril-L-asparaginy-L-treonil-L-prolinamida]
agonista dual de los receptores de la amilina y de la calcitonina, antidiabético

C₁₇₉H₂₉₉N₄₉O₅₅S₂ 3034703-92-6

Sequence / Séquence / Secuencia

EKKCSTATCA TQRLAELHK LQTYPRTPVG SNTP 34

Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados



Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
4-9

beruzatatum #

beruzatatum

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ERBB3 (receptor tyrosin-protein kinase erbB-3, HER3)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;
 H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30-5*03 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ3*02 (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)], (222-214')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*01 (100%) -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

béruzatatum

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ERBB3 (récepteur tyrosine-protéine kinase erbB-3, HER3)]; anticorps monoclonal *Homo sapiens*;
 chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens* (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30-5*03 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ3*02 (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)], (222-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*01 (100%) -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

beruzatatum

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ERBB3 (receptor tirosina-proteína kinasa erbB-3, HER3)]; anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*;
 cadena pesada H-gamma1 *Homo sapiens* (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30-5*03 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ3*02 (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)], (222-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*01 (100%) -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

2948329-71-1

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

EVQLVESGGG VVQPGKSLRL SCAASGFTFS TYGMHWVRQA PGKGLEWVAV 50
 IWYDVSHKYY ADSVKGRTI SRDNSKNTLS LQMNSLRAED TAVYYCARDW 100
 GDPDAFDIWG QGTMVTVSSA STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
 YFPEPVTWSW NSGALTSGVH TFPVQLQSSG LYSLSVVTV PSSSLGTQTY 200
 ICNVNHKPSN TKVDKKVEPK SCDKTHTCPP CPAPELLGGP SVFLFPPKPK 250
 DTLMISRTPE VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
 TYRVVSVLTV LHQDNLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
 YTLPPSRDEL TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL 400
 DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 449

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

DIQLTQSPSF LSASVGDRTV ITCRASQGIS SYLAWYQKP GKAPKLLIYA 50
 ASTEQSGVPS RFGSGSGSTE FTLTISSLQP EDFATYYCQQ LNSYPLTFGG 100
 GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSSLTIT 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) 22-96 146-202 263-323 369-427
 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 biantenarijos complejos fucosilados

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

H CHS K2: 449, 449"

beruzatatum pelitecanum

beruzatatum pelitecan

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ERBB3 (receptor tyrosin-protein kinase erbB-3, HER3)], *Homo sapiens* monoclonal antibody, conjugated on an average of eight cysteinyl residues to *pelitecan*, comprising a linker and a camptothecin derivative; H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30-5*03 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ3*02 (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)], (222-214')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*01 (100%) -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 an average of eight L-cysteinyl residues among 222, 228, 231, 214', 222", 228", 231" 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*

bérúzatatug pélitécán	immunoglobuline G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> ERBB3 (récepteur tyrosine-protéine kinase erbB-3, HER3)]; anticorps monoclonal <i>Homo sapiens</i>, conjugué par huit résidus cystéinyle en moyenne au <i>pélitécán</i>, comprenant un coupleur et un dérivé de la camptothécine; chaîne lourde H-gamma1 <i>Homo sapiens</i> (1-449) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-30-5*03 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ3*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -<i>Homo sapiens</i> 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)], (222-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa <i>Homo sapiens</i> (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-9*01 (100%) -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 (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 d'une moyenne de huit résidus L-cystéinyle parmi 222, 228, 231, 214', 222", 228" 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-tétrazahénicos-20-yn-21-yl]pyrimidin-2-yle (<i>pélitécán</i>) <i>antineoplasique</i>
beruzataturug pelitecán	inmunoglobulina G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> ERBB3 (receptor tirosina-proteína kinasa erbB-3, HER3)]; anticuerpo monoclonal <i>Homo sapiens</i>, conjugado por ocho residuos cisteinilo por término medio con <i>pelitecán</i>, que comprende un conector y un derivado de la camptotecina; cadena pesada H-gamma1 <i>Homo sapiens</i> (1-449) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-30-5*03 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ3*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -<i>Homo sapiens</i> 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)], (222-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa <i>Homo sapiens</i> (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-9*01 (100%) -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 (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 un promedio de ocho residuos L-cisteinilo entre 222, 228, 231, 214', 222", 228", 231" and 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-tetraazahénicos-20-in-21-il]pirimidin-2-ilo (<i>pelitecán</i>) <i>antineoplásico</i>

2948329-91-5

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

```

EVQLVESGGG VVQPGKSLRL SCAASGFTFS TYGMHWVRQA PGKGLEWVAV 50
IWYDVSHKYY ADSVKGRTI SRDNSKNTLS LQMNSLRAED TAVYYCARDW 100
GDPDAFDIWG QGTMTVSSA STKGPSVFP LAPSSTSGG TAALGCLVKD 150
YFPEPVTVSW NSGALTSVH TFPVQLQSSG LYSLSVVTV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHKPSN TKVDKKEPK SCDKTHTCPP CPAPELLGGP SVFLFPPKPK 250
DTLMISRTP ETCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
YTLPPSRDEL TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL 400
DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 449

```

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

```

DIQLTQSPSF LSASVGDRVT ITCRASQGIS SYLAWYQQKP GKAPKLLIYA 50
ASTLQSGVPS RFSGSGSGTE FTLTISSLQP EDFATYYCQQ LNSYPLTFGG 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSSLT 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 four inter-chain disulfide bridges are not present, an average of eight cysteinyl are conjugated, each via a thioester bond, to a drug linker.

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

*Los cuatro puentes disulfuro intercatenarios no están presentes, un promedio de ocho 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: 299, 299"

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

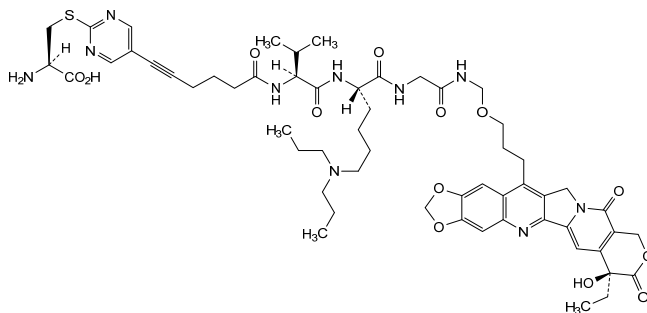
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: 449, 449"

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

C (222, 228, 231, 214', 222", 228", 231" and 214")

*(pelitecan:mAb ~ 8:1)



berzanoflastum

berzanoflast

(2S)-3-({4-[2-hydroxy-4-(trifluoromethyl)phenyl]phthalazin-1-yl}amino)propane-1,2-diol
NLRP3 inflammasome inhibitor, non-steroidal anti-inflammatory

berzanoflast

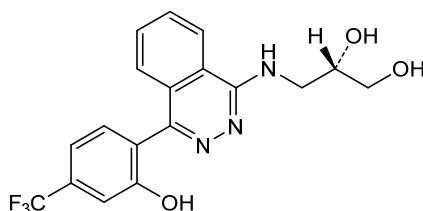
(2S)-3-({4-[2-hydroxy-4-(trifluorométhyl)phényl]phtalazin-1-yl}amino)propane-1,2-diol
inhibiteur de l'inflammasome NLRP3, anti-inflammatoire non stéroïdien

berzanoflast

(2S)-3-({4-[2-hidroxi-4-(trifluorometil)fenil]ftalazin-1-il}amino)propano-1,2-diol
inhibidor del inflammasoma NLRP3, antiinflamatorio no esteroide

C₁₈H₁₆F₃N₃O₃

2890191-41-8

**blidarvetugum #**

blidarvetug

immunoglobulin G2-lambda, anti-[*Canis lupus familiaris* MS4A1 (membrane-spanning 4-domains subfamily A member 1, CD20)], canine monoclonal antibody;
 H-gamma2 heavy chain canine (1-447) [VH (*Canis lupus familiaris* IGHV3-5*01 (93.9%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.5] (26-33.51-58.97-101)) (1-112) -*Canis lupus familiaris* IGHG2*01 (100%)(CH1 (113-209), hinge 1-19 (210-228), CH2 (229-338), CH3 (339-445), CHS (446-447)) (113-447)], (127-211')-disulfide with L-lambda5 light chain canine (1'-212') [V-LAMBDA (*Canis lupus familiaris* IGLV3-3*01 (97.9%) -IGLJ5*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (26-31.49-51.88-96)) (1'-106') -*Canis lupus familiaris* IGLC5*01 (100%) (C-LAMBDA5) (107'-212')]; dimer (224-224":227-227")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, glycoform alfa
antineoplastic (veterinary)

blidarvétug

immunoglobuline G2-lambda, anti-[*Canis lupus familiaris* MS4A1 (membre 1 de la sous-famille A à 4 domaines transmembranaires, CD20)], anticorps monoclonal canin;
 chaîne lourde H-gamma2 canine (1-447) [VH (*Canis lupus familiaris* IGHV3-5*01 (93.9%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.5] (26-33.51-58.97-101)) (1-112) -*Canis lupus familiaris* IGHG2*01 (100%)(CH1 (113-209), charnière 1-19 (210-228), CH2 (229-338), CH3 (339-445), CHS (446-447)) (113-447)], (127-211')-disulfure avec la chaîne légère L-lambda5 canine (1'-212') [V-LAMBDA (*Canis lupus familiaris* IGLV3-3*01 (97.9%) -IGLJ5*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (26-31.49-51.88-96)) (1'-106') -*Canis lupus familiaris* IGLC5*01 (100%) (C-LAMBDA5) (107'-212')]; dimère (224-224":227-227")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), ne présentant pas le gène de la glutamine synthétase (GS-KO), glycoforme alfa
antineoplasique (usage vétérinaire)

blidarvetug

inmunoglobulina G2-lambda, anti-[*Canis lupus familiaris* MS4A1 (miembro 1 de la subfamilia A con 4 dominios transmembranarios, CD20)], anticuerpo monoclonal canino; cadena pesada H-gamma2 canina (1-447) [VH (*Canis lupus familiaris* IGHV3-5*01 (93.9%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.5] (26-33.51-58.97-101)) (1-112) -*Canis lupus familiaris* IGHG2*01 (100%)(CH1 (113-209), bisagra 1-19 (210-228), CH2 (229-338), CH3 (339-445), CHS (446-447)) (113-447)], (127-211')-disulfuro con la cadena ligera L-lambda5 canina (1'-212') [V-LAMBDA (*Canis lupus familiaris* IGLV3-3*01 (97.9%) -IGLJ5*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (26-31.49-51.88-96)) (1'-106') -*Canis lupus familiaris* IGLC5*01 (100%) (C-LAMBDA5) (107'-212')]; dímero (224-224":227-227")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), en ausencia del gen glutamina sintetasa (GS-KO), forma glicosilada alfa *antineoplásico (uso veterinario)*

3056024-36-0

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H")
EMQLVESGGD LVKPGGSLRL SCVASGFTFS RYHMSWVRQA PGKGLQWVAY 50
INSGGSPNRY ADAPKGRFTI SRDPAKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCTTYD 100
QWGGTLLTVV SSASTTAPSV FFLAPSCGST SGSTVALACL VSGYFPEPVT 150
VSWNSGSLTS GVHTFPSVLQ SSGLYSLSSM VTPVSSRWPS ETFTCNVAHP 200
ASKTKVDKPV PKRENGRVRP PPDCKPCFAP EMLGGPSVFI FPPKPKDTLL 250
IARTPEVTCV VVDLDPEDPE VQISWFDVGK QMGTAKTQPR EEQFNGTYRV 300
VSVLPIGHQD WLKKGQFTCK VNNKALPSPI ERTISKARGQ AHQPSVYVLP 350
PSREELSNT VSLTCLIKDF FPPDIDVEWQ SNGQQEPESK YRTTPPOLDE 400
DGSYFLYSKL SVDKSRWQRG DTFICAVMHE ALHNHYTQKS LSHSPGK 447

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L")
SYVLTLQPSK SVTLKQPAHI TCGGDNIGSK SVHWYQQKLG QAPVLIYYD 50
SSRPTGIPER FSGANSGNTA TLTISGALAE DEADYYCQVW DTSANVFEGG 100
THLTVLGPQK ASFSVTLFPP SSEELGANKA TLVCLISDFY PSGVTVAWKA 150
DGSPITQGV ETKPSKQSNN KYAASSYLSL TPDKWKSHSS FSLCLVTHEGS 200
TVEKKVAPAE CS 212

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 139-195 259-319 365-425
22"-96" 139"-195" 259"-319" 365"-425"
Intra-L (C23-C104) 22'-87' 134'-193'
22"'-87'" 134"'-193'"
Inter-H-L (CH1 11-CL 126) 127-211' 127"-211"
Inter-H-H (h 15, h 18) 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: 447, 447"

brenipatidium
brenipatide

D-tyrosyl-2-methylalanyl-L-α-glutamylglycyl-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-aspartyl-L-lysyl-N⁶-[(22S)-22,42-dicarboxy-10,19,24-trioxo-3,6,12,15-tetraoxa-9,18,23-triazadotetracontan-1-oyl]-L-lysyl-L-alanyl-L-glutaminy-L-2-methylalanyl-L-α-glutamyl-L-phenylalanyl-L-isoleucyl-L-α-glutamyl-α-methyl-L-tyrosyl-L-leucyl-L-isoleucyl-L-alanylglycylglycyl-L-prolyl-L-seryl-L-serylglycyl-L-alanyl-L-prolyl-L-prolyl-L-prolyl-L-serinamide *gastric inhibitory polypeptide (GIP) and glucagon-like peptide 1 (GLP-1) receptor agonist, antidiabetic*

brénipatide

D-tyrosyl-2-méthylalanyl-L-α-glutamylglycyl-L-thréonyl-L-phénylalaniyl-L-thréonyl-L-séryl-L-α-aspartyl-L-tyrosyl-L-séryl-L-isoleucyl-2-méthyl-L-leucyl-L-leucyl-L-α-aspartyl-L-lysyl-N⁶-[(22S)-22,42-dicarboxy-10,19,24-trioxo-3,6,12,15-tétraoxa-9,18,23-triazadotétracontan-1-oyl]-L-lysyl-L-alanyl-L-glutaminy-2-méthylalanyl-L-α-glutamyl-L-phénylalaniyl-L-isoleucyl-L-α-glutamyl-α-méthyl-L-tyrosyl-L-leucyl-L-isoleucyl-L-alanyl-glycylglycyl-L-prolyl-L-séryl-L-sérylglycyl-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

brenipatida

D-tirosil-2-metilalanil-L-α-glutamilglicil-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-aspartil-L-lisil-N⁶-[(22S)-22,42-dicarboxi-10,19,24-trioxo-3,6,12,15-tetraoxa-9,18,23-triazadotetracontan-1-oi]-L-lisil-L-alanil-L-glutaminil-2-metilalanil-L-α-glutamil-L-fenilalanil-L-isoleucil-L-α-glutamil-α-metil-L-tirosil-L-leucil-L-isoleucil-L-alanilglicilglicil-L-proil-L-seril-L-serilglicil-L-alanil-L-proil-L-proil-L-proil-L-serinamida
agonista dual del receptor del polipéptido inhibidor gástrico (GIP) y del péptido 1 similar al glucagón (GLP-1), antidiabético

C₂₂₈H₃₅₄N₄₆O₇₂

2408921-49-1

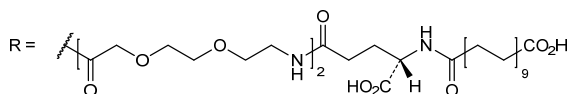
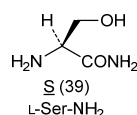
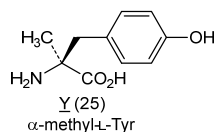
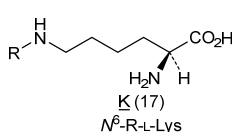
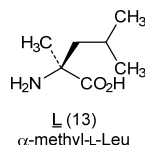
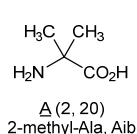
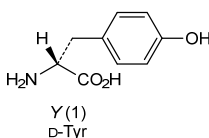
Sequence / Séquence / Secuencia

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-NH₂

N-acylation site / Site de N-acylation / Posición de N-acilación

K (17): N⁶-{(HO₂C-[CH₂]₁₈-CO)-L-₂-CH₂-O}₂-CH₂-CO-₁₂}-L-Lys

brezosiranum

brezosiran

all-P-ambo-2'-O-methyl-P-thioguanlyl-(3'→5')-2'-O-methyl-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-hexadecylcytidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorocytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroguanlyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroguanlyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyl-P-thioadenylyl-(3'→5')-2'-O-methyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-

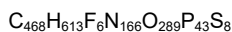
methyladenosine,
 duplex with *all-P-ambo-2'-O-methyl-P-thioguanlyl-(5'→3')-2'-O-methyl-P-thiocytidyl-(5'→3')-2'-O-methylcytidyl-(5'→3')-2'-O-methylguanyl-(5'→3')-2'-O-methylcytidyl-(5'→3')-2'-O-methyluridyl-(5'→3')-2'-O-methylguanyl-(5'→3')-2'-deoxyguanyl-(5'→3')-2'-O-methylguanyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroadenyl-(5'→3')-2'-O-methylcytidyl-(5'→3')-2'-deoxycytidyl-(5'→3')-2'-O-methyluridyl-(5'→3')-2'-O-methyluridyl-(5'→3')-2'-O-methyluridyl-(5'→3')-2'-O-methyluridyl-(5'→2')-cytidyl-(5'→3')-2'-O-methylguanyl-(5'→3')-2'-deoxyadenyl-(5'→3')-2'-O-methylcytidyl-(5'→3')-2'-O-methyl-P-thiouridyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoro-P-thioadenyl-(5'→3')-(5'E)-2'-O-methyl-5',C⁵-didehydro-O⁵-carba-5'-uridylic acid*
huntingtin synthesis reducer, Huntington's disease

brézosiran

tout-P-ambo-2'-O-méthyl-P-thioguanlyl-(3'→5')-2'-O-méthyl-P-thiocytidyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanyl-(3'→5')-2'-O-méthyladényl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-O-hexadécylcytidyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluorocytidyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroguanyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroguanyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroadényl-(3'→5')-2'-O-méthyladényl-(3'→5')-2'-O-méthyladényl-(3'→5')-2'-O-méthyladényl-(3'→5')-2'-O-méthylguanyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanyl-(3'→5')-2'-O-méthyl-P-thioadényl-(3'→5')-2'-O-méthyl-P-thiouridyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénosine,
 duplex avec l'acide *tout-P-ambo-2'-O-méthyl-P-thioguanlyl-(5'→3')-2'-O-méthyl-P-thiocytidyl-(5'→3')-2'-O-méthylcytidyl-(5'→3')-2'-O-méthylguanyl-(5'→3')-2'-O-méthylcytidyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridyl-(5'→3')-2'-O-méthylguanyl-(5'→3')-2'-désoxyguanyl-(5'→3')-2'-O-méthylguanyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoroadényl-(5'→3')-2'-O-méthylcytidyl-(5'→3')-2'-désoxycytidyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridyl-(5'→2')-cytidyl-(5'→3')-2'-O-méthylguanyl-(5'→3')-2'-désoxyadényl-(5'→3')-2'-O-méthylcytidyl-(5'→3')-2'-O-méthyl-P-thiouridyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoro-P-thioadényl-(5'→3')-(5'E)-2'-O-méthyl-5',C⁵-didéhydro-O⁵-carba-5'-uridylique*
réducteur de la synthèse de la huntingtine, maladie de Huntington

brezosirán

todo-P-ambo-2'-O-metil-P-tioguanilil-(3'→5')-2'-O-metil-P-tiocitidilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-hexadecilcitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorocitidilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroadenilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metil-P-tioadenilil-(3'→5')-2'-O-metil-P-tiouridilil-(3'→5')-2'-O-metiladenosina,
 dúplex con ácido *todo-P-ambo-2'-O-metil-P-tioguanilil-(5'→3')-2'-O-metil-P-tiocitidilil-(5'→3')-2'-O-metilcitidilil-(5'→3')-2'-O-metilguanilil-(5'→3')-2'-O-metilcitidilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→2')-citidilil-(5'→3')-2'-O-metilguanilil-(5'→3')-2'-desoxiadenilil (5'→3')-2'-O-metilcitidilil-(5'→3')-2'-O-metil-P-tiouridilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluoro-P-thioadenilil-(5'→3')-(5'E)-2'-O-metil-5',C⁵-didehidro-O⁵-carba-5'-uridílico*
reductor de la síntesis de huntingtina, enfermedad de Huntington



cefidelbazum

cefidelbaz

(6*R*,7*R*)-7-[(2*Z*)-2-(2-amino-1,3-thiazol-4-yl)-2-[[2-(2-carboxypropan-2-yl)oxy]imino]acetamido]-3-[[1-(3-{2-chloro-*N*-[3-(2-chloro-3,4-dihydroxybenzamido)propyl]-3,4-dihydroxybenzamido}propyl)pyrrolidin-1-ium-1-yl]methyl]-8-oxo-5-thia-1-azabicyclo[4.2.0]oct-2-ene-2-carboxylate
cefalosporin, antibacterial

céfidelbaz

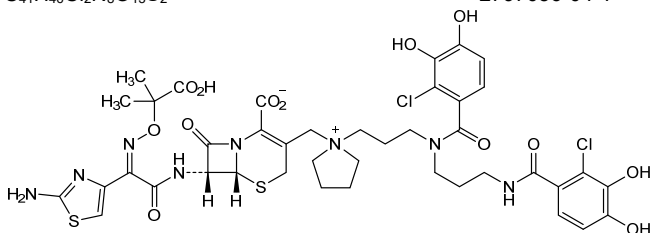
(6*R*,7*R*)-7-[(2*Z*)-2-(2-amino-1,3-thiazol-4-yl)-2-[[2-(2-carboxypropan-2-yl)oxy]imino]acétamido]-3-[[1-(3-{2-chloro-*N*-[3-(2-chloro-3,4-dihydroxybenzamido)propyl]-3,4-dihydroxybenzamido}propyl)pyrrolidin-1-ium-1-yl]méthyl]-8-oxo-5-thia-1-azabicyclo[4.2.0]oct-2-ène-2-carboxylate
céfalosporine, antibactérien

cefidelbaz

(6*R*,7*R*)-7-[(2*Z*)-2-(2-amino-1,3-tiazol-4-il)-2-[[2-(2-carboxipropan-2-il)oxil]imino]acetamido]-3-[[1-(3-{2-cloro-*N*-[3-(2-cloro-3,4-dihidroxibenzamido)propil]-3,4-dihidroxibenzamido}propil)pirrolidin-1-ium-1-il]metil]-8-oxo-5-tia-1-azabicyclo[4.2.0]oct-2-eno-2-carboxilato
cefalosporina, antibacteriano

C₄₁H₄₆Cl₂N₈O₁₃S₂

2797056-04-1

**cenopodlinum**

cenopodlin

N-[[[(1*S*)-3-amino-1-{3-[(1*R*)-1-amino-2-hydroxyethyl]-1,2,4-oxadiazol-5-yl}-3-oxopropyl]carbamoyl]-L-threonine
programmed cell death ligand 1 (PD-L1), antineoplastic

cénopodline

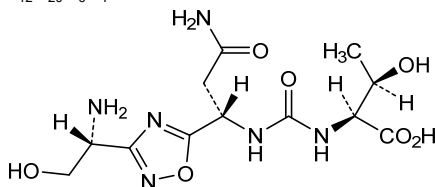
N-[[[(1*S*)-3-amino-1-{3-[(1*R*)-1-amino-2-hydroxyéthyl]-1,2,4-oxadiazol-5-yl}-3-oxopropyl]carbamoyl]-L-thréonine
ligand 1 de mort cellulaire programmée (PD-L1), antinéoplasique

cenopodlina

N-[[[(1*S*)-3-amino-1-{3-[(1*R*)-1-amino-2-hidroxietyl]-1,2,4-oxadiazol-5-il}-3-oxopropil]carbamoil]-L-treonina
ligando 1 de muerte celular programada (PD-L1), antineoplásico

C₁₂H₂₀N₆O₇

1673534-76-3



cetoquagenum parvecum #

cetoquagene parvec

recombinant non-replicating adeno-associated virus serotype 2 (rAAV2) vector encoding human aquaporin 1 (hAQP1) under control of the human cytomegalovirus (CMV) immediate early enhancer/promoter and the 3' untranslated region of the human hAQP1 gene as well as the simian virus 40 (SV40) small T antigen intron and polyadenylation signal
gene therapy (xerostomia)

cétoquagène parvec

vecteur recombinant non réplcatif du virus adéno-associé de sérotype 2 (rAAV2) codant l'aquaporine humaine 1 (hAQP1), sous le contrôle de l'amplificateur/promoteur précoce immédiat du cytomégalo virus humain (CMV) et de la région 3' non traduite du gène hAQP1 humain ainsi que l'intron de l'antigène T petit et le signal de polyadénylation du virus simien 40 (SV40)
thérapie génique (xérostomie)

cetocuagén parvec

vector de virus adenoasociado del serotipo 2 recombinante (rAAV2), no replicativo, que codifica la acuaporina 1 humana (hAQP1) bajo el control del potenciador/promotor inmediato temprano del citomegalovirus (CMV) humano y la región 3' no traducida del gen hAQP1 humano así como el intrón del antígeno T pequeño y la señal de poliadenilación del virus simio 40 (SV40)
terapia génica (xerostomía)

3056067-86-5

ciprocopanum

ciprocopan

4-[(2S,4R)-4-cyclopropyl-1-[[5-(²H₃)methoxy-7-methyl-1H-indol-4-yl]methyl]piperidin-2-yl]benzoic acid
complement factor B inhibitor

ciprocopan

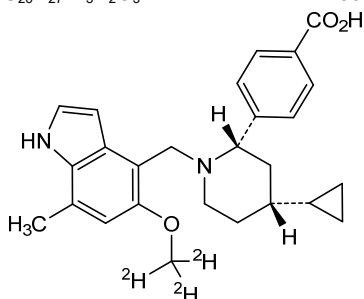
acide 4-[(2S,4R)-4-cyclopropyl-1-[[5-(²H₃)méthoxy-7-méthyl-1H-indol-4-yl]méthyl]pipéridin-2-yl]benzoïque
inhibiteur du facteur B du complément

ciprocopán

ácido 4-[(2S,4R)-4-ciclopropil-1-[[5-(²H₃)metoxi-7-metil-1H-indol-4-il]metil]piperidin-2-il]benzoico
inhibidor del factor B del complemento

C₂₆H₂₇²H₃N₂O₃

3053270-05-3



clifutinibum

clifutinib

N-(5-*tert*-butyl-1,2-oxazol-3-yl)-*N'*-[4-({4-[3-(morpholin-4-yl)propoxy]phenyl}ethynyl)phenyl]urea
tyrosine kinase inhibitor, antineoplastic

clifutinib

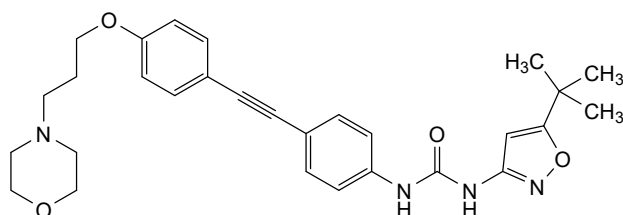
N-(5-*tert*-butyl-1,2-oxazol-3-yl)-*N'*-[4-({4-[3-(morpholin-4-yl)propoxy]phényl}éthynyl)phényl]urée
inhibiteur de tyrosine kinase, antinéoplasique

clifutinib

N-(5-*tert*-butil-1,2-oxazol-3-il)-*N'*-[4-({4-[3-(morfolin-4-il)propoxi]fenil}etinil)fenil]urea
inhibidor de la tirosina kinasa, antineoplásico

C₂₉H₃₄N₄O

1862226-99-0

**conveglipronum**

conveglipron

(10²*S*)-2³-fluoro-4-oxa-8(2,1)-[1,3]benzimidazola-5(2,6)-pyridina-6(4,1)-piperidina-1(3),10(2)-bisoxetana-2(1,4)-benzenadecaphane-8⁶-carboxylic acid
glucagon-like peptide 1 (GLP-1) receptor agonist, antidiabetic

convéglipron

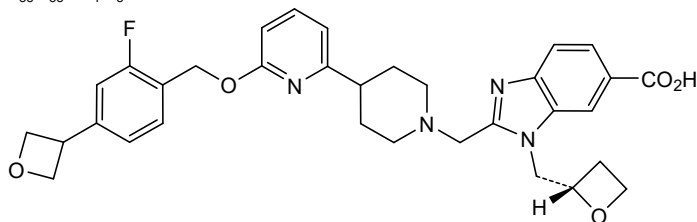
acide (10²*S*)-2³-fluoro-4-oxa-8(2,1)-[1,3]benzimidazola-5(2,6)-pyridina-6(4,1)-pipéridina-1(3),10(2)-bisoxétana-2(1,4)-benzénadécaphane-8⁶-carboxylique
agoniste du récepteur du peptide 1 de type glucagon (GLP-1), antidiabétique

convegliprón

ácido (10²*S*)-2³-fluoro-4-oxa-8(2,1)-[1,3]benzimidazola-5(2,6)-piridina-6(4,1)-piperidina-1(3),10(2)-bisoxetana-2(1,4)-bencenadecafano-8⁶-carboxílico
agonista del receptor del péptido 1 similar al glucagón (GLP-1), antidiabético

C₃₃H₃₅FN₄O₅

2886728-09-0

**corveldebartum**

corveldebart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ANGPTL4 (angiotensin-like 4)], humanized monoclonal antibody;

	H-gamma1 heavy chain humanized (1-449) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-46*01 (84.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 R120 (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237) (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 (<i>Homo sapiens</i> IGKV3-15*01 (80.0%) -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')]; dimer (228-228":231-231")-bisdisulfide, produced in a cell line of Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, glycoform alfa <i>immunomodulator</i>
corveldebart	immunoglobuline G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> ANGPTL4 (angiotensin-like 4)]; anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-449) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-46*01 (84.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 R120 (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237) (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 (<i>Homo sapiens</i> IGKV3-15*01 (80.0%) -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 (228-228":231-231")-bisdisulfure, produit dans une lignée cellulaire des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa <i>immunomodulateur</i>
corveldebart	immunoglobulina G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> ANGPTL4 (angiotensin-like 4)]; anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-449) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-46*01 (84.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 R120 (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237) (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 (<i>Homo sapiens</i> IGKV3-15*01 (80.0%) -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')]; dímero (228-228":231-231")-bisdisulfuro, producido en una línea celular de las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, forma glicosilada alfa <i>immunomodulador</i>

3062245-47-7

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H¹)
QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASAYTFT SSWMQWVRQA PGQGLEWMGE 50
IDPSDNYANY NQKFQGRVTL TVDTSTSTAY MELSSLRSDE TAVYYCASGS 100
YFSNFFDYWG QGTLVTVSSA STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFFAVLQSSG LYSLSVVTVV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHKPSN TKVDKRVEPK SCDKTHTCPP CPAPEAAGGP SVFLFPPKPK 250
DTLMISRTPV VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
YTLPPSREEM TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL 400
DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L¹)
EIVMTQSPAT LSVSPGERAT LSCASQDIG SNLNWLQKPK GQAPRRLIYA 50
VSNRGPPIPA RFGSGRSGSE YTLTISSLQS EDFAVYYCLQ YASSPWTFGQ 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIFFP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY 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"

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 biantenarios complejos fucosilados

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

cosadopgenum parvecum #
cosadopgene parvec

recombinant non-replicating adeno-associated virus serotype 2 (rAAV2) vector encoding human guanosine triphosphate cyclohydrolase I (GTP cyclohydrolase I, GTP-CH-I, GCH, GCH1) under control of a cytomegalovirus (CMV) immediate-early (IE) enhancer/promoter and a human β -globin intron and terminated by a human growth hormone polyadenylation signal; flanked by AAV2 inverted terminal repeats (ITRs)
gene therapy (Parkinson's disease)

cosadopgène parvec

vecteur recombinant non réplcatif du virus adéno-associé de sérotype 2 (rAAV2) codant la guanosine triphosphate cyclohydrolase I humaine (GTP cyclohydrolase I, GTP-CH-I, GCH, GCH1), sous le contrôle d'un activateur/promoteur immédiat précoce (IE) du cytomégalo virus (CMV) et d'un intron de β -globine humaine, et terminé par un signal de polyadénylation de l'hormone de croissance humaine; flanqué de répétitions terminales inversées (ITRs) d'AAV2
thérapie génique (maladie de Parkinson)

cosadopgén parvec

vector de virus adenoasociado del serotipo 2 recombinante (rAAV2), no replicativo, que codifica la guanosina trifosfato ciclohidrolasa I humana (GTP ciclohidrolasa I, GTP-CH-I, GCH, GCH1) bajo el control de un promotor/potenciador inmediato-temprano (IE) del citomegalovirus (CMV) y un intrón de la β -globina humana y terminado por una señal de poliadenilación de la hormona de crecimiento humana; flanqueado por repeticiones terminales invertidas (ITRs) del AAV2
terapia génica (enfermedad de Parkinson)

3053588-30-7

curcuminum

curcumin

(1E,6E)-1,7-bis(4-hydroxy-3-methoxyphenyl)hepta-1,6-diene-3,5-dione
antioxidant

curcumin

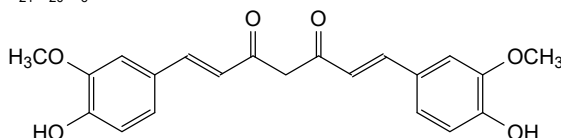
(1E,6E)-1,7-bis(4-hydroxy-3-méthoxyphényl)hepta-1,6-diène-3,5-dione
antioxydant

curcumina

(1E,6E)-1,7-bis(4-hidroxi-3-metoxifenil)hepta-1,6-dieno-3,5-diona
antioxidante

C₂₁H₂₀O₆

458-37-7

**dazupegleukinum #**

dazupegleukin

human interleukin 2 (IL2, IL-2, Uniprot: P60568) fragment (2-133, 1-132 in the current sequence) variant (L¹⁷>R, Q²¹>E, Q¹²⁵>K) modified at the α -amine group of the N-terminal proline with a 3-[[[(2RS)-2,3-bis[ω -methoxypoly(oxyethylene)- α -yl]propoxy]carbonyl]amino]propyl group, produced in *Escherichia coli* strain K12, not glycosylated
interleukin-2 derivative, antineoplastic

dazupegleukine

fragment de l'interleukine 2 humaine (IL2, IL-2, Uniprot: P60568) (2-133, 1-132 dans la séquence actuelle) variant (L¹⁷>R, Q²¹>E, Q¹²⁵>K) modifiée au niveau du groupe α -amine de la proline N-terminale par un groupe 3-[[[(2RS)-2,3-bis[ω -méthoxypoly(oxyéthylène)- α -yl]propoxy]carbonyl]amino]propyle, produite dans la souche K12 d'*Escherichia coli*, non glycosylée
dérivé de l'interleukine 2, antinéoplasique

dazupegleukina

fragmento de interleukina 2 humana (IL2, IL-2, Uniprot: P60568) (2-133, 1-132 en la secuencia actual) variante (L¹⁷>R, Q²¹>E, Q¹²⁵>K) modificada en el grupo α -amino de la prolina N-terminal mediante un grupo 3-[[[(2RS)-2,3-bis[ω metoxipoli(oxiétileno)- α -yl]propoxi]carbonil]amino]propilo, producida en la cepa K12 de *Escherichia coli*, no glicosilada
derivado de la interleukina 2, antineoplásico

3049254-88-5

Sequence / Séquence / Secuencia

PTSSSTKKTKQ LQLEHLRLDL **E**MILNGINNY KNPKLTRMLT KFYMPKKAT 50
 ELKHLQCLEE ELKPLEEVLN LAQSKNFHLR PRDLISINIV IVLELKGSET 100
 TFMCEYADET ATIVEFLNRW ITFC**K**SIIST LT 132

Mutation / Mutation / Mutación

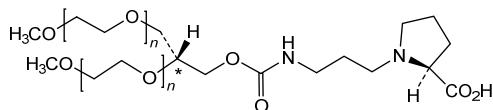
L¹⁷→**R**, Q²¹→**E**, Q¹²⁵→**K****Post-translational modifications**

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro 57-104

Modified residues / résidus modifiés / restos modificados

P (1)

PEG-Pro



and epimer at C*
 et l'épimère en C*
 y el epímero al C*

 $n = 450-500$ (20 kDa)**deudimethyltryptaminum**

deudimethyltryptamine

2-(1*H*-indol-3-yl)-*N,N*-di[(²H₃)methyl](1,1,2,2-²H₄)ethan-1-amine
 serotonin 5-HT_{2A} receptor agonist

deudiméthyltryptamine

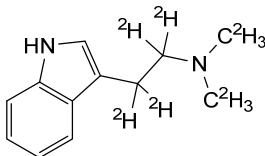
2-(1*H*-indol-3-yl)-*N,N*-di[(²H₃)méthyl](1,1,2,2-²H₄)éthan-1-amine
 agoniste des récepteurs de la sérotonine 5-HT_{2A}

deudimetiltriptamina

2-(1*H*-indol-3-il)-*N,N*-di[(²H₃)metil](1,1,2,2-²H₄)etan-1-amina
 agonista del receptor de serotonina 5-HT_{2A}

C₁₂H₆²H₁₀N₂

2742678-60-8

**dezandrodegum**

dezandrodeg

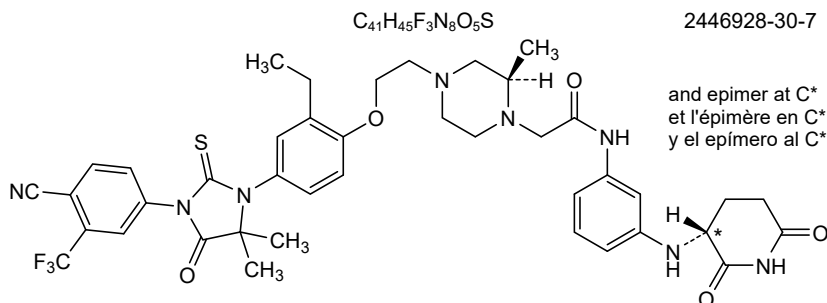
2-[(7³*R*)-1⁴-cyano-3³-ethyl-2⁴,2⁴,7³-trimethyl-2⁵-oxo-2²-sulfanylidene-1³-(trifluoromethyl)-4-oxa-7(1)-piperazina-2(1,3)-imidazolidina-1(1),3(1,4)-dibenzenaheptaphan-7⁴-yl]-*N*-(3-[(3*RS*)-2,6-dioxopiperidin-3-yl]amino)phenyl)acetamide
 androgen receptor degradation inducer, antineoplastic

dezandrodeg

2-[(7³*R*)-1⁴-cyano-3³-éthyl-2⁴,2⁴,7³-triméthyl-2⁵-oxo-2²-sulfanylidène-1³-(trifluorométhyl)-4-oxa-7(1)-pipérazina-2(1,3)-imidazolidina-1(1),3(1,4)-dibenzénaheptaphan-7⁴-yl]-*N*-(3-[(3*RS*)-2,6-dioxopipéridin-3-yl]amino)phényl)acétamide
 induction de la dégradation du récepteur aux androgènes,
 antinéoplasique

dezandrodeg

2-[(7^{3R})-1⁴-ciano-3³-etil-2⁴,2⁴,7³-trimetil-2⁵-oxo-2²-sulfanilideno-1³-(trifluorometil)-4-oxa-7(1)-piperazina-2(1,3)-imidazolidina-1(1),3(1,4)-dibencenaheptafan-7⁴-il]-N-(3-[[[(3^{RS})-2,6-dioxopiperidin-3-il]amino]fenil]acetamida
inductor de la degradación del receptor androgénico,
antineoplásico

**diazoxidum cholinum**

diazoxide choline

2-hydroxy-*N,N,N*-trimethylethan-1-aminium 7-chloro-3-methyl-1,1-dioxo-1λ⁶,2,4-benzothiadiazin-2(1*H*)-uide
potassium channel activator, Prader-Willi syndrome

diazoxide choline

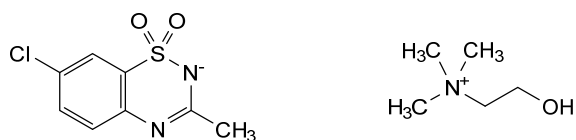
2-hydroxy-*N,N,N*-triméthyléthan-1-aminium 7-chloro-3-méthyl-1,1-dioxo-1λ⁶,2,4-benzothiadiazin-2(1*H*)-uide
activateur des canaux potassiques, syndrome de Prader-Willi

diazoxido colina

2-hidroxi-*N,N,N*-trimetiletan-1-aminium 7-cloro-3-metil-1,1-dioxo-1λ⁶,2,4-benzotiadiazin-2(1*H*)-uida
activador del canal de potasio, síndrome de Prader-Willi

 $C_8H_6ClN_2O_2S \cdot C_5H_{14}NO$

1098065-76-9

**dicocabtagenum autoleucelum #**

dicocabtagene autoleucel

autologous T lymphocytes obtained from peripheral blood mononuclear cells by leukapheresis, transduced with a self-inactivating, non-replicating lentiviral vector, encoding a CD19-specific chimeric antigen receptor (CAR) comprising a CD8α leader sequence, a murine anti-CD19 single chain variable fragment (scFv) (derived from the mouse hybridoma FMC63), a CD8α hinge and transmembrane domain, an intracellular 4-1BB (CD137) co-stimulatory domain and a CD3ζ signalling domain and is under control of the elongation factor 1 alpha (EF-1α) core promoter. The construct is flanked by 5' and 3' long terminal repeats (LTRs) and also contains a human immunodeficiency virus 1 (HIV-1) ψ packaging signal, a Rev response element (RRE), a central polypurine tract (cPPT) and central

termination sequence (CTS) and a mutated Woodchuck hepatitis virus post transcriptional regulatory element (WPRE mut6). The vector is pseudotyped with vesicular stomatitis virus (VSV) glycoprotein G. The peripheral blood mononuclear cells (PBMC) are selected and activated with anti-CD3/anti-CD28 agonistic antibodies in growth media containing interleukin 2 (IL-2). The cells are then transduced with the lentiviral vector and expanded in growth media containing IL-2. The T lymphocytes ($\geq 90\%$) are positive for the transgene ($\geq 5\%$ CAR+), and after co-incubation with CD19-expressing target cells demonstrate cytotoxicity and secrete interferon gamma (IFN- γ) and IL-2
cell-based gene therapy (antineoplastic)

dicocabtagène autoleucel

lymphocytes T autologues obtenus à partir de cellules mononucléaires du sang périphérique (CMSP) par leucaphérèse, transduits avec un vecteur lentiviral auto-inactivant et non réplcatif, codant un récepteur antigénique chimérique (RAC) spécifique de CD19 comprenant une séquence de tête CD8 α , un fragment variable à chaîne unique anti-CD19 murin (scFv) (dérivé de l'hybridome de souris FMC63), un domaine charnière et transmembranaire CD8 α , un domaine co-stimulateur intracellulaire 4-1BB (CD137) et un domaine de signalisation CD3 ζ , et est sous le contrôle du promoteur principal du facteur d'élongation 1 alpha (EF-1 α). La construction est flanquée de répétitions terminales (LTR) de 5' et 3' et contient également un signal d'empaquetage ψ du virus de l'immunodéficience humaine de type 1 (VIH-1), un élément de réponse Rev (RRE), un tractus polypurine central (cPPT), une séquence de terminaison centrale (CTS) et un élément de régulation post-transcriptionnelle muté du virus de l'hépatite de la marmotte (WPRE mut 6). Le vecteur est pseudotypé avec la glycoprotéine G du virus de la stomatite vésiculaire (VSV). Les cellules mononucléaires du sang périphérique (CMSP) sont sélectionnées et activées par des anticorps agonistes anti-CD3/anti-CD28 dans un milieu de culture contenant de l'interleukine 2 (IL-2). Les cellules sont ensuite transduites avec le vecteur lentiviral et expansées dans un milieu de culture contenant de l'IL-2. Les lymphocytes T ($\geq 90\%$) sont positifs pour le transgène ($\geq 5\%$ RAC+) et, après co-incubation avec des cellules cibles exprimant CD19, présentent une cytotoxicité et sécrètent de l'interféron gamma (IFN- γ) et de l'IL-2
thérapie génique à base de cellules (antinéoplasique)

dicocabtagén autoleucel

linfocitos T autólogos obtenidos de células mononucleares de sangre periférica por leucoaféresis, transducidos con un vector lentiviral auto inactivante, no replicativo, que codifica un receptor de antígenos quimérico (CAR) específico de CD19 que consta de una secuencia líder de CD8 α , un fragmento variable de cadena sencilla (scFv) murino anti-CD19 (derivado del hibridoma de ratón FMC63) una bisagra y un dominio transmembrana de CD8 α , un dominio coestimulador intracelular de 4-1BB (CD137) y un dominio de señalización de CD3 ζ y está bajo el control del promotor central 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 del virus de la inmunodeficiencia humana 1 (VIH-1), un elemento de respuesta Rev (RRE), una secuencia de tracto de polipurina (cPPT) y secuencia de terminación central (CTS) y un elemento regulador post-transcripcional del virus de la hepatitis de la marmota mutado (WPRE mut6). El vector está pseudotipado con la glicoproteína G del virus de la estomatitis vesicular (VSV). Las células mononucleares de sangre periférica (PBMC) se seleccionan y activan con anticuerpos agonistas anti-CD3/anti-CD28 en medio de crecimiento que contiene interleuquina 2 (IL-2). Las células se transducen después con el vector lentiviral y se expanden en medio de crecimiento que contiene IL-2. Los linfocitos T ($\geq 90\%$) son positivos para el transgén ($\geq 5\%$ CAR+), y tras la coincubación con células diana que expresan CD19 muestran citotoxicidad y secretan interferón gamma (IFN- γ) e IL-2

terapia génica basada en células (antineoplásico)

dimovarsenum

dimovarsen

all-P-ambo-2'-deoxy-P-thioadenylyl-(3'→5')-5-methyl-2'-O,4'-C-methylene-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-2'-O,4'-C-methylene-P-thioguanilyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thiocytidylyl-(3'→5')-5-methyl-2'-O,4'-C-methylene-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-5-methyl-2'-O,4'-C-methylene-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenylyl-(3'→5')-2'-O,4'-C-methylene-P-thioguanilyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thiocytidylyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-5-methyl-2'-O,4'-C-methylene-P-thiouridylyl-(3'→5')-5-methyl-2'-O,4'-C-methyleneuridine micro RNA-132 inhibitor, heart failure

dimovarsen

tout-P-ambo-2'-désoxy-P-thioadénylyl-(3'→5')-5-méthyl-2'-O,4'-C-méthylène-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-2'-O,4'-C-méthylène-P-thioguanilyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thiocytidylyl-(3'→5')-5-méthyl-2'-O,4'-C-méthylène-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-5-méthyl-2'-O,4'-C-méthylène-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioadénylyl-(3'→5')-2'-O,4'-C-méthylène-P-thioguanilyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioadénylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thiocytidylyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-5-méthyl-2'-O,4'-C-méthylène-P-thiouridylyl-(3'→5')-5-méthyl-2'-O,4'-C-méthylèneuridine inhibiteur du micro ARN-132, insuffisance cardiaque

dimovarsén

todo-P-ambo-2'-desoxi-P-tioadenilil-(3'→5')-5-metil-2'-O,4'-C-metileno-P-tiouridilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioguanilil-(3'→5')-2'-O,4'-C-metileno-P-tioguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tiocitidilil-(3'→5')-5-metil-2'-O,4'-C-metileno-P-tiouridilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioguanilil-(3'→5')-5-metil-2'-O,4'-C-metileno-P-tiouridilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioadenilil-(3'→5')-2'-O,4'-C-metileno-P-tioguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioadenilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tiocitidilil-(3'→5')-P-tiotimidilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioguanilil-(3'→5')-5-metil-2'-O,4'-C-metileno-P-tiouridilil-(3'→5')-5-metil-2'-O,4'-C-metilenouridina inhibidor del micro RNA-132, insuficiencia cardíaca

$C_{165}H_{199}N_{58}O_{89}P_{15}S_{15}$

2568631-54-7

Sequence / Séquence / Secuencia

5' $A=\underline{U}=G=\underline{G}=C=\underline{U}=G=\underline{U}=A=\underline{G}=A=C=T=G=\underline{U}=\underline{U}$ 3' (1-16)

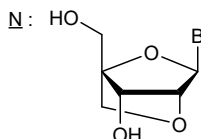
N : nucleoside / nucléoside / nucleósido

B : nucleobase / nucléobase / nucleobase

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

 $\underline{N}$: 2'-O,4'-methylene-N / 2'-O,4'-C-méthylène-N / 2'-O,4'-C-metileno-N $\underline{N}$: 5-methyl-N / 5-méthyl-N / 5-metil-N

=: -PO(SH)-

**dinifedritonum**

dinifedriton

5-[(2,4-dinitrophenoxy)methyl]-1-methyl-2-nitro-1*H*-imidazole
mitochondrial uncoupler, metabolic disorders

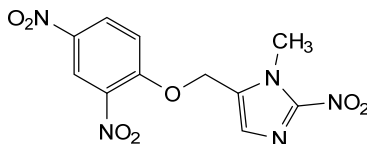
dinifédriton

5-[(2,4-dinitrophénoxy)méthyl]-1-méthyl-2-nitro-1*H*-imidazole
découpleur mitochondrial, désordres métaboliques

dinifedritón

5-[(2,4-dinitrofenoxi)metil]-1-metil-2-nitro-1*H*-imidazol
desacoplante mitocondrial, alteraciones metabólicas $C_{11}H_9N_5O_7$

2231311-68-3

**dubodencelum**

dubodencel

autologous dendritic cells (DCs) derived from a mobilized leukocytes apheresis collection obtained from glioblastoma or pancreatic ductal adenocarcinoma (PDAC) patients. Tumor tissue is obtained from the patient and processed to produce a patient-specific tumour cell lysate and amplified tumour mRNA. The monocytes are separated from the leukocyte apheresis material using counterflow centrifugal elutriation and are cultured in the presence of granulocyte macrophage colony-stimulating factor (GM-CSF) and interleukin-4 (IL-4) to generate immature dendritic cells. Then, amplified tumour mRNA is delivered to the immature dendritic cells by electroporation after which the cells are cultured with the tumour lysate. Finally, the dendritic cells are matured through culture in media containing GM-CSF, IL-4, IL-1 β , IL-6, tumour necrosis factor (TNF) and prostaglandin E₂ (PGE₂).

The final cell suspension contains predominantly dendritic cells (CD11c+, HLA-DR+; at least >40%), with a low percentage of

CD3+/CD11c- lymphocytes. The dendritic cells express CD83 antigen (>40%) as a marker of cell activation
cell therapy (antineoplastic)

dubodencel

cellules dendritiques (DCs) autologues issues d'une collection de leucocytes mobilisés par aphérèse, obtenue chez des patients atteints de glioblastome ou d'adénocarcinome canalaire pancréatique (PDAC). Le tissu tumoral est prélevé chez le patient et traité pour produire un lysat de cellules tumorales et de l'ARNm tumoral amplifié spécifiques au patient. Les monocytes sont séparés du matériel d'aphérèse leucocytaire par élutriation centrifuge à contre-courant et cultivés en présence de facteur de stimulation des colonies de granulocytes et de macrophages (GM-CSF) et d'interleukine-4 (IL-4) pour générer des cellules dendritiques immatures. L'ARNm tumoral amplifié est ensuite délivré aux cellules dendritiques immatures par électroporation, après quoi les cellules sont cultivées avec le lysat tumoral. Enfin, les cellules dendritiques sont maturées par culture dans des milieux contenant du GM-CSF, de l'IL-4, de l'IL-1 β , de l'IL-6, du facteur de nécrose tumorale (TNF) et de la prostaglandine E₂ (PGE₂). La suspension cellulaire finale contient principalement des cellules dendritiques (CD11c+, HLA-DR+; au moins >40%), avec un faible pourcentage de lymphocytes CD3+/CD11c-. Les cellules dendritiques expriment l'antigène CD83 (>40%) comme marqueur d'activation cellulaire
thérapie cellulaire (antinéoplasique)

dubodencel

células dendríticas (DCs) autólogas derivadas de leucocitos movilizados recogidos por aféresis obtenidas de pacientes con glioblastoma o adenocarcinoma ductal pancreático (PDAC). El tejido tumoral se obtiene del paciente y se procesa para producir un lisado celular tumoral y ARNm tumoral amplificado, específicos del paciente. Los monocitos se separan del material de aféresis leucocitario usando elutriación centrifuga a contraflujo y se cultivan en presencia de factor estimulador de colonias granulocito macrófagos (GM-CSF) e interleuquina-4 (IL-4) para generar células dendríticas inmaduras. Luego, el ARNm tumoral amplificado se administra a las células dendríticas inmaduras por electroporación, tras lo cual las células se cultivan con lisado tumoral. Finalmente, las células dendríticas se maduran a través de cultivo en medio que contiene GM-CSF, IL-4, IL-1 β , IL-6, factor de necrosis tumoral (TNF) y prostaglandina E₂ (PGE₂). La suspensión celular final contiene predominantemente células dendríticas (CD11c+, HLA-DR+; al menos >40%), con un bajo porcentaje de linfocitos CD3+/CD11c-. Las células dendríticas expresan el antígeno CD83 (>40%) como marcador de activación celular
terapia celular (antineoplásico)

dulpatatugum #
dulpatatug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ERBB2 (receptor tyrosine-protein kinase erbB-2, epidermal growth factor receptor 2, EGFR2, HER2, HER-2, p185c-erbB2, NEU, CD340)], humanized monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain humanized (1-449) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*04 (89.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT

	[8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -<i>Homo sapiens</i> 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)], (222-214')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1D-16*01 (87.2%) - 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')]; dimer (228-228":231-231")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-S, glycoform alfa <i>antineoplastic</i>
dulpatatug	immunoglobuline G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> ERBB2 (récepteur tyrosine-protéine kinase erbB-2, récepteur 2 du facteur de croissance épidermique, EGFR2, HER2, HER-2, p185c-erbB2, NEU, CD340)]; anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-449) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-23*04 (89.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -<i>Homo sapiens</i> 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)], (222-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1D-16*01 (87.2%) -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 (228-228":231-231")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-S, glycoforme alfa <i>antineoplasique</i>
dulpatatug	immunoglobulina G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> ERBB2 (receptor tirosina-proteína kinasa erbB-2, receptor 2 del factor de crecimiento epidérmico, EGFR2, HER2, HER-2, p185c-erbB2, NEU, CD340)]; anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-449) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-23*04 (89.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -<i>Homo sapiens</i> 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)], (222-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1D-16*01 (87.2%) -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')]; dímero (228-228":231-231")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-S, forma glicosilada alfa <i>antineoplásico</i>

3058433-18-1

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H^{''})
EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS SYTMSWVRQA PGKGLEWVAY 50
ISAGGGSTYY PDTVKGRFTI SRDNAKNSLY LQMNSLRAED TAVYYCARHL 100
GGTASFDYWG QGTLVTVSSA STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
YFPEPVTWSV NSGALTSGVH TFPAVLQSSG LYSLSVVTV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHKPSN TKVDKKVEPK SCDKTHTCPP CPAPELLGSP SVFLFPPKPK 250
DTLMISRTPV VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
YTLPPSRDEL TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL 400
DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSCSVM HEALHNNHTQ KSLSLSPGK 449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L^{''})
DIQMTQSPSS LSASVGDRTV ITCLASQTIG TWLAWYQQKP GKAPKLLIYV 50
ATSLADGVPS RFSGSGSGTD FTLTISSLQP EDFATYYCQQ NAYAPWTFGQ 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150
DNLQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSSLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGENC 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 biantenarios complejos fucosilados

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

H CHS K2: 449, 449"

edaravosidum
edaravoside

3-methyl-1-phenyl-1*H*-pyrazol-5-yl β-D-glucopyranoside
free radical scavenger, ischemic stroke

édaravoside

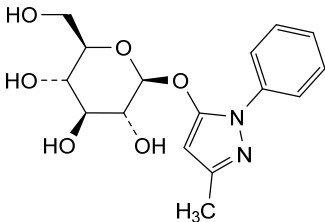
3-méthyl-1-phényl-1*H*-pyrazol-5-yl β-D-glucopyranoside
piégeur de radicaux libres, accident vasculaire cérébral ischémique

edaravosida

3-metil-1-fenil-1*H*-pirazol-5-il β-D-glucopiranosído
eliminador de radicales libres, accidente cerebrovascular isquémico

C₁₆H₂₀N₂O₆

3052029-05-4



edeltresgenum autogeuleucelum #

edeltresgene autogeuleucel autologous T lymphocytes obtained from peripheral blood via leukapheresis, electroporated with three CRISPR/Cas9 (clustered regularly interspaced short palindromic repeats/CRISPR-associated protein 9) /guide RNA (gRNA) nucleoprotein complexes to disrupt the T cell receptor alpha chain constant

(*TRAC*), the T cell receptor beta constant (*TRBC*) 1 and 2, and the TGF-beta receptor type-2 (*TGFBR2*) loci. At the same time, the cells are electroporated with linear, closed-end, double-stranded DNA (lc-dsDNA), encoding an HLA-A*02:01-restricted T cell receptor (TCR) targeting cellular tumour antigen p53 (TP53) variant R175H, which leads to site-specific integration of the dsDNA at the *TRAC* locus via homologous recombination. The TCR transgene consists of TCR β and TCR α chains separated by self-cleaving 2A peptide sequences and by a modified dihydrofolate reductase (DHFR).

The apheresis material is enriched via immunomagnetic selection of CD4 and CD8 expressing cells and activated using anti-CD3 and anti-CD28 antibodies in growth media containing recombinant cytokines interleukin 7 (IL-7) and IL-15. The cells are then electroporated with the constructs before further expansion in media containing IL-7 and IL-15. During culture, the cells also undergo an enrichment of transgene positive T lymphocytes via chemoselection with methotrexate (MTX).

The T lymphocytes (sum of CD4⁺ plus CD8⁺ $\geq$ 80%) are enriched for CD8⁺ cells, with subsets of T helper

lymphocytes (CD4⁺). The CD4⁺ subset is predominately composed of CD27⁺CD28⁺ and CD45RA⁺CCR7⁺ populations, whereas the CD8⁺ subset is a mixture of CD27⁺CD28⁺, CD45RA⁺CCR7⁺, CD45RA⁺CCR7⁻, and CD45RA⁺CD62L⁺ populations. The transgene (neoantigen specific TCR) expression in the final substance is $\geq$ 40%, and the knock-out efficiencies for *TRAC*, *TRBC* and *TGFBR2* are measured by digital PCR. Following co-culture of the T lymphocytes with tumour target cell lines the lymphocytes proliferate, are cytotoxic and secrete interferon gamma (IFN- γ) and IL-2 in response to antigen stimulation *cell-based gene therapy (antineoplastic)*

édeltresgène autogéleucel

lymphocytes T autologues obtenus à partir de sang périphérique par leucaphérèse, électroporés avec trois complexes nucléoprotéiques CRISPR/Cas9 (courtes répétitions palindromiques groupées et régulièrement espacées/protéine 9 associée à CRISPR) /ARN guide (ARNg) pour perturber le locus du gène de la chaîne constante alpha du récepteur des lymphocytes T (*TRAC*), celui de la chaîne constante bêta du récepteur des lymphocytes T (*TRBC*) 1 et 2 et celui du récepteur TGF-bêta de type 2 (*TGFBR2*). Dans le même temps, les cellules sont électroporées avec de l'ADN double brin linéaire, fermé (lc-dsDNA), codant un récepteur des cellules T (TCR) restreint par HLA-A*02:01 ciblant la variante R175H de l'antigène tumoral cellulaire p53 (TP53), ce qui conduit à l'intégration spécifique du site de l'ADNdb au locus *TRAC* via la recombinaison homologue. Le transgène TCR est constitué de chaînes TCR β et TCR α séparées par des séquences peptidiques 2A auto-clivantes et par une dihydrofolate réductase modifiée (DHFR).

Le matériel d'aphérèse est enrichi par sélection immunomagnétique des cellules exprimant CD4 et CD8, puis activé par des anticorps anti-CD3 et anti-CD28 dans un milieu de croissance contenant des cytokines recombinantes interleukine-7 (IL-7) et IL-15. Les cellules sont ensuite électroporées avec ces constructions avant d'être à nouveau développées dans un milieu contenant de l'IL-7 et de l'IL-15. Pendant la culture, les cellules subissent également un enrichissement en lymphocytes T positifs au transgène par chimiosélection au méthotrexate (MTX).

Les lymphocytes T (somme CD4⁺ et CD8⁺ $\geq$ 80%) sont enrichis en cellules CD8⁺, avec des sous-populations de lymphocytes T auxiliaires (CD4⁺). La sous-population CD4⁺ est principalement

composée des populations CD27+CD28+ et CD45RA-CCR7-, tandis que la sous-population CD8+ est un mélange des populations CD27+CD28+, CD45RA-CCR7-, CD45RA+CCR7-, et CD45RA+CD62L+. L'expression du transgène (TCR spécifique du néoantigène) dans la substance finale est $\geq 40\%$, et les efficacités d'inactivation de *TRAC*, *TRBC* et *TGFB2* sont mesurées par PCR numérique. Après coculture des lymphocytes T avec des lignées cellulaires cibles tumorales, les lymphocytes prolifèrent, ils sont cytotoxiques et sécrètent de l'interféron gamma (IFN- γ) et de l'IL-2 en réponse à la stimulation antigénique
thérapie génique à base de cellules (antineoplasique)

edeltresgén autogeuleucel

linfocitos T autólogos obtenidos de sangre periférica por leucoaféresis, electroporados con tres complejos de nucleoproteína de CRISPR/Cas 9 (repeticiones palindrómicas agrupadas y espaciadas regularmente/proteína asociada a CRISPR 9) /ARN guía (ARNg) para interrumpir el locus del gen de la cadena constante alfa del receptor de linfocitos T (*TRAC*), el de la cadena constante beta del receptor de células T (*TRBC*) 1 y 2 y el del receptor de TGF-beta tipo 2 (*TGFB2*). Al mismo tiempo, las células se electroporan con un ADN de doble cadena, linear, cerrado en los extremos (lc-dsADN), que codifica un receptor de células T (TCR) restringido por HLA-A*02:01 dirigido a la variante R175H del antígeno celular tumoral p53 (TP53), lo que conduce a una integración específica de sitio del dsADN en el locus *TRAC* mediante recombinación homóloga. El transgén del TCR consta de cadenas TCR β y TCR α separadas por secuencias del péptido de auto escisión 2A y por una dihidrofolato reductasa (DHFR) modificada. El material de aféresis se enriquece por selección inmunomagnética de células que expresan CD4 y CD8 y se activan usando anticuerpos anti-CD3 y anti-CD28 en medio de crecimiento que contiene las citoquinas recombinantes interleuquina 7 (IL-7) e IL-15. Las células se electroporan después con los constructos antes de más expansión en medio que contiene IL-7 e IL-15. Durante el cultivo, las células también experimentan un enriquecimiento de linfocitos T positivos para el transgén mediante quimioselección con metotrexato (MTX). Los linfocitos T (suma de CD4+ más CD8+ $\geq 80\%$) están enriquecidos para células CD8+, con subtipos de linfocitos T colaboradores (CD4+). El subtipo de CD4+ está compuesto predominantemente por las poblaciones CD27+CD28+ y CD45RA-CCR7-, mientras que el subtipo CD8+ es una mezcla de las poblaciones CD27+CD28+, CD45RA-CCR7-, CD45RA+CCR7-, y CD45RA+CD62L+. La expresión del transgén (TCR específico del neoantígeno) en la sustancia final es de $\geq 40\%$, y las eficiencias de las eliminaciones de *TRAC*, *TRBC* y *TGFB2*, se miden por PCR digital. Tras el cocultivo de los linfocitos T con líneas de células tumorales diana, los linfocitos proliferan, son citotóxicos y secretan interferón gamma (IFN- γ) e IL-2 en respuesta a la estimulación antigénica
terapia génica basada en células (antineoplásico)

efadirelaxiumn alfa #
efadirelaxin alfa

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 ²²⁸GGG²³⁰ to a

	human relaxin B-chain fragment (Uniprot: P04090) (1-27, 231-257 in the current sequence) variant (M ⁴ >Q ²³⁴ , M ²⁵ >K ²⁵⁵ , ²⁸ WS ²⁹ >del) fused via peptide linker ²⁵⁸ ASDAAGAEAEAGA ²⁷¹ to human relaxin A-chain (Uniprot: P04090) (1-24, 272-295 in the current sequence) variant (R ²² >Q ²⁹³), dimer (6-6':9-9')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO), cell line CHO-K1, glycoform alfa <i>relaxin analogue</i>
éfadiréloxine alfa	fragment Fc d'immunoglobuline G1 (IgG1) humaine (domaines h-CH2-CH3-CHS) (1-227) [<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01 (charnière (1-10), CH2 L ¹⁴ >A, L ¹⁵ >A, P ¹⁰⁹ >A (11-120), CH3 M ²⁰⁸ >L, N ²¹⁴ >S (121-225), CHS (226-227))], fusionné avec le coupleur peptidique ²²⁸ GGs ²³⁰ à un fragment de chaîne B de relaxine humaine (Uniprot: P04090) (1-27, 231-257 dans la séquence actuelle) variant (M ⁴ >Q ²³⁴ , M ²⁵ >K ²⁵⁵ , ²⁸ WS ²⁹ >del) fusionné à l'aide du coupleur peptidique ²⁵⁸ ASDAAGAEAEAGA ²⁷¹ à la chaîne A de relaxine humaine (Uniprot: P04090) (1-24, 272-295 dans la séquence actuelle) variante (R ²² >Q ²⁹³), dimère (6-6':9-9')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa <i>analogue de la relaxine</i>
efadireloxina alfa	fragmento Fc de inmunoglobulina G1 (IgG1) humana (dominios h-CH2-CH3-CHS) (1-227) [<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01 (bisagra (1-10), CH2 L ¹⁴ >A, L ¹⁵ >A, P ¹⁰⁹ >A (11-120), CH3 M ²⁰⁸ >L, N ²¹⁴ >S (121-225), CHS (226-227))], fusionado con el conector peptídico ²²⁸ GGs ²³⁰ a un fragmento de cadena B de relaxina humana (Uniprot: P04090) (1-27, 231-257 en la secuencia actual) variante (M ⁴ >Q ²³⁴ , M ²⁵ >K ²⁵⁵ , ²⁸ WS ²⁹ >del) fusionado mediante el conector peptídico ²⁵⁸ ASDAAGAEAEAGA ²⁷¹ a la cadena A de relaxina humana (Uniprot: P04090) (1-24, 272-295 en la secuencia actual) variante (R ²² >Q ²⁹³), dímero (6-6':9-9')-bisulfuro, producido en células ováricas de hámster chino (CHO), linaje celular CHO-K1, glicoforma alfa <i>análogo de la relaxina</i>

3061442-66-5

Sequence / Séquence / Secuencia	
DKTHTCPPCP APEAAAGGPSV FLFPPKPKDT LMISRTPEVT CVVVDVSHED	50
PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYNSTY RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK	100
CKVSNKALAA PIEKTISKAK GQPREPQVYT LPPSRDELTK NQVSLTCLVK	150
GFYPDSIAVE WESNGQPENN YKTTTPVLDS DGSFFLYSKL TVDKSRWQQG	200
NVFSCSVLHE ALHSHYTQKS LSLSPGKGGG DSWQEEVIKL CGRELVRQAI	250
AICGKSTASD AAGAEAEAGA RQLYSALANK CCHVGCTKRS LAQFC	295

Mutation / Mutation / Mutación
Fc: L¹⁴>A, L¹⁵>A, P¹⁰⁹>A, M²⁰⁸>L, N²¹⁴>S
Relaxin B chain: M⁴>Q²³⁴, M²⁵>K²⁵⁵, ²⁸WS²⁹>del
Relaxin A chain: R²²>Q²⁹³

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión
²²⁸GGs²³⁰, ²⁵⁸ASDAAGAEAEAGA²⁷¹

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-chain: 41-101, 147-205, 241-282, 253-295, 281-286
41'-101', 147'-205', 241'-282', 253'-295', 281'-286'
Inter-chain: 6-6', 9-9'

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
N77, N77'

eftezirleukinum alfa #

eftezirleukin alfa

human immunoglobulin G4 (IgG4) Fc fragment (h-CH2-CH3-CHS domains) (1-228) [*Homo sapiens* IGHG4*01 (hinge S¹⁰>P (1-12), CH2 F¹⁶>A, L¹⁷>A (13-122), CH3 T¹⁴⁸>W (123-227), CHS K²²⁹>del (228-228))] fused via peptide linker ²²⁹(GGGGS)₄²⁴⁸ to human interleukin-2 (IL-2, IL2, Uniprot: P60568) fragment (6-133, 249-376 in the current sequence) variant (R³⁸>G²⁸¹, F⁴²>A²⁸⁵, E⁶²>A³⁰⁵, C¹²⁵>S³⁶⁸), (8-8':11-11')-bisdisulfide with human immunoglobulin G4 (IgG4) Fc fragment (h-CH2-CH3-CHS domains) (1'-229') [*Homo sapiens* IGHG4*01 (hinge S¹⁰>P (1'-12'), CH2 F¹⁶>A, L¹⁷>A (13'-122'), CH3 T¹⁴⁸>S, L¹⁵⁰>A, Y¹⁸⁹>V, H²¹⁷>R, Y²¹⁸>F (123'-227'), CHS (228'-229'))], produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-ZN, glycoform alfa
interleukin-2 derivative, antineoplastic

eftézirleukine alfa

fragment Fc d'immunoglobuline G4 (IgG4) humaine (domaines h-CH2-CH3-CHS) (1-228) [*Homo sapiens* IGHG4*01 (charnière S¹⁰>P (1-12), CH2 F¹⁶>A, L¹⁷>A (13-122), CH3 T¹⁴⁸>W (123-227), CHS K²²⁹>dél (228-228))] fusionné à l'aide du coupleur peptidique ²²⁹(GGGGS)₄²⁴⁸ au fragment d'interleukine-2 humaine (IL-2, IL2, Uniprot: P60568) (6-133, 249-376 dans la séquence actuelle) variant (R³⁸>G²⁸¹, F⁴²>A²⁸⁵, E⁶²>A³⁰⁵, C¹²⁵>S³⁶⁸), (8-8':11-11')-bisdisulfure, avec fragment Fc d'immunoglobuline humaine G4 (IgG4) (domaines h-CH2-CH3-CHS) (1'-229') [*Homo sapiens* IGHG4*01 (charnière S¹⁰>P (1'-12'), CH2 F¹⁶>A, L¹⁷>A (13'-122'), CH3 T¹⁴⁸>S, L¹⁵⁰>A, Y¹⁸⁹>V, H²¹⁷>R, Y²¹⁸>F (123'-227'), CHS (228'-229'))], produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-ZN, glycoforme alfa
dérivé de l'interleukine 2, antinéoplasique

eftezirleukina alfa

fragmento Fc de inmunoglobulina G4 (IgG4) humana (dominios h-CH2-CH3-CHS) (1-228) [*Homo sapiens* IGHG4*01 (bisagra S¹⁰>P (1-12), CH2 F¹⁶>A, L¹⁷>A (13-122), CH3 T¹⁴⁸>W (123-227), CHS K²²⁹>del (228-228))] fusionado mediante el acoplamiento peptídico ²²⁹(GGGGS)₄²⁴⁸ al fragmento de interleukina-2 humana (IL-2, IL2, Uniprot: P60568) (6-133, 249-376 en la secuencia actual) variante (R³⁸>G²⁸¹, F⁴²>A²⁸⁵, E⁶²>A³⁰⁵, C¹²⁵>S³⁶⁸), (8-8':11-11')-bisdisulfuro, con fragmento Fc de inmunoglobulina humana G4 (IgG4) (dominios h-CH2-CH3-CHS) (1'-229') [*Homo sapiens* IGHG4*01 (bisagra S¹⁰>P (1'-12'), CH2 F¹⁶>A, L¹⁷>A (13'-122'), CH3 T¹⁴⁸>S, L¹⁵⁰>A, Y¹⁸⁹>V, H²¹⁷>R, Y²¹⁸>F (123'-227'), CHS (228'-229'))], producido en células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-ZN, glicoforma alfa
derivado de la interleukina 2, antineoplásico

3055295-61-6

Sequence / Séquence / Secuencia
Heavy chain: Fc-IL-2
ESKYGPPCPP CPAPEAAGGP SVFLFPPKPK DTLMISRTPE VTCVVVDVSQ 50
EDPEVQFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQFNS TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE 100
YKCKVSNKGL PSSIEKTISK AKGQPREPQV YTLPPSQEEM TKNQVSLWCL 150
VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTPPV L DSDGSFFLYS RLTVDKSRWQ 200
EGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSLGGG GGSGGGGGSGG GGSGGGGSST 250
KKTQQLQLEHL LLDLQMLNG INNYKNPKLT QMLTAKFYMP KKATELKLHLQ 300
CLEEALKPLE EVLNLAQSKN FHLRPDLIS NINVIVLELK GSETTFMCEY 350
ADETATIVEF LNRWITFSQS IISTLT 376

Light chain: Fc'
ESKYGPPCPP CPAPEAAGGP SVFLFPPKPK DTLMISRTPE VTCVVVDVSQ 50
EDPEVQFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQFNS TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE 100
YKCKVSNKGL PSSIEKTISK AKGQPREPQV YTLPPSQEEM TKNQVSLSCA 150
VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTPPV L DSDGSFFLVS RLTVDKSRWQ 200
EGNVFSCSVM HEALHNRFTQ KSLSLSLGK 229

Mutation / Mutation / Mutación
Fc-IL2: S¹⁰>P, F¹⁶>A, L¹⁷>A, T¹⁴⁸>W, K¹²⁹>del, R²⁸¹>G, F²⁸⁵>A, E³⁰⁵>A, C³⁶⁸>S
Fc': S¹⁰>P, F¹⁶>A, L¹⁷>A, T¹⁴⁸>S, L¹⁵⁰>A, Y¹⁸⁹>Y, H²¹⁷>R, Y²¹⁸>F

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión
²²⁹GGGSGGGSGGGSGGGSGGGG²⁴⁸

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-chain Fc-IL2: 43-103, 149-207, 301-348
Fc': 43'-103', 149'-207'
Inter-chain Fc-IL2-Fc': 8-8', 11-11'

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
N79, N79'

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: K229'

- elbaretgenum parvecum #

elbaretgene parvec

recombinant, non-replicating adeno-associated virus serotype 8 (rAAV8) vector encoding codon-optimised human cytochrome P450 family 4 subfamily V member 2 (CYP4V2) preceded by a Kozak sequence, under control of a CAG promoter (cytomegalovirus [CMV] enhancer/chicken β-actin promoter with exon 1 and intron 1/rabbit β-globin splice acceptor), a Woodchuck hepatitis virus post-transcriptional regulatory element (WPRE) and a simian virus 40 (SV40) polyadenylation signal; flanked by adeno-associated virus 2 (AAV2) inverted terminal repeats (ITRs) *gene therapy (Bietti's crystalline dystrophy)*
- elbaretgène parvec

vecteur recombinant non réplcatif du virus adéno-associé de sérotype 8 (rAAV8) codant le membre 2 de la sous-famille V de la famille 4 du cytochrome P450 humain, à codons optimisés (CYP4V2), précédé d'une séquence Kozak, sous le contrôle d'un promoteur CAG (amplificateur du cytomégalo­virus [CMV]/promoteur de la β-actine de poulet avec exon 1 et intron 1/accepteur d'épissage de la β-globine de lapin), un élément régulateur post-transcriptionnel du virus de l'hépatite de la marmotte (WPRE), et un signal de polyadénylation du virus simien 40 (SV40); flanqué de répétitions terminales inversées (ITRs) du virus adéno-associé 2 (AAV2) *thérapie génique (dystrophie cristalline de Bietti)*
- elbaretgén parvec

vector de virus adenoasociado del serotipo 8 recombinante (rAAV8), no replicativo, que codifica, con codones optimizados, el miembro 2 de la subfamilia V de la familia 4 del citocromo P450 humano (CYP4V2)

precedido por una secuencia Kozak bajo el control de un promotor CAG (potenciador de citomegalovirus [CMV]/promotor de la β -actina de pollo con exón 1 e intrón 1/aceptor de procesamiento de la β -globina de conejo), un elemento regulador post-transcripcional del virus de la hepatitis de la marmota (WPRE) y una señal de poliadenilación del virus simio 40 (SV40); flanqueado por repeticiones terminales invertidas (ITRs) del AAV2
terapia génica (distrofia cristalina de Bietti)

3059403-37-8

elfetabartum #
 elfetabart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD276 (B7H3, B7-H3, B7-related protein 2, B7RP2, B7RP-2, B7 homolog 3, B7 homologue 3)], humanized monoclonal antibody;
 H-gamma1 heavy chain humanized (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-30-4*09 (86.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (100%), CDR-IMGT [9.7.12] (26-34.52-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 R120 (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237) (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-220')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (94.1%) -IGKJ4*01 (100%), 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 (228-228'':231'-231'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
antineoplastic

elfétabart

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD276 (B7H3, B7-H3, protéine 2 liée à B7, B7RP2, B7RP-2, B7 homolog 3, B7 homologue 3)]; anticorps monoclonal humanisé;
 chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-30-4*09 (86.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (100%), CDR-IMGT [9.7.12] (26-34.52-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 R120 (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237) (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-220')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (94.1%) -IGKJ4*01 (100%), 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 (228-228'':231'-231'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
antinéoplasique

elfetabart

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD276 (B7H3, B7-H3, proteína 2 relacionada con B7, B7RP2, B7RP-2, B7 homólogo 3, B7 homólogo 3)]; anticuerpo monoclonal humanizado;
 cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-30-4*09 (86.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (100%), CDR-IMGT [9.7.12] (26-34.52-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 R120 (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237) (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-220')-disulfuro con la cadena ligera

L-kappa humanizada (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (94.1%) -IGKJ4*01 (100%), 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 (228-228":231-231")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa
antineoplásico

3061153-83-8

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

QVQLQESGPG LVKPSQTLST TCTVTDYSIT GDYAWNWIHQ HPGKGLEWIG 50
YISYSGSTSY NPSLQSRVTI SRDTSKNQFS LKLSSTVTAAD TAVYFCARSL 100
GRRWYFVWVG QGTTVTVSSA STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFPVAVLQSSG LYSLSSTVTV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHKPSN TKVDKRVEPK SCDKTHCTPP CPAPEAAAGP SVFLFPPKPK 250
DTLMISRTPE VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
YTLPPSREEM TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL 400
DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 449

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

DIVMTQSPDS LAVSLGERAT INCKSSQSL LQSSNQKNYLA WYQQKPGQPP 50
KLLIYFASTR ESGVPDRFSG SSGTDFTLT ISSLQAEDVA VYYCQQHYSA 100
PWTFGGGTKV EIKRTVAAPS VFIFPPSDEQ LKSGTASVVC LLNFFYPREA 150
KVQWKVDNAL QSGNSQESVT EQDSKDSYTS 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) 22-96 146-202 263-323 369-427

22"-96" 146"-202" 263"-323" 369"-427"

Intra-L (C23-C104) 23'-94' 140"-200"

23'"-94'" 140'"-200'"

Inter-H-L (h 5-CL 126) 222-220' 222"-220"

Inter-H-H (h 11, h 14) 228-228" 231-231"

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: 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"

elfetabartum drozuntecanum #

elfetabart drozuntecan

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD276 (B7H3, B7-H3, B7-related protein 2, B7RP2, B7RP-2, B7 homolog 3, B7 homologue 3)], humanized monoclonal antibody, conjugated on an average of six cysteinyl residues to *drozuntecan*, comprising a cleavable linker and a camptothecin derivative (*exatecan*);

H-gamma1 heavy chain humanized (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-30-4*09 (86.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (100%), CDR-IMGT [9.7.12] (26-34.52-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 R120 (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237) (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447),

CHS (448-449)) (120-449)), (222-220')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (94.1%) -IGKJ4*01 (100%), 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 (228-228'':231-231'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa; substituted at the sulfur atoms of an average of six L-cysteinyl residues among 222, 228, 231, 220', 222'', 228'', 231'' and 220''' with (3*RS*)-1-[(3*S*,11*S*)-11-benzyl-1-[[[(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]amino]-3-methyl-1,7,10,13,16,19-hexaoxo-4-oxa-6,9,12,15,18-pentaazatetracosan-24-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (*drozuntecan*) groups
antineoplastic

elfetabart drozuntecán immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD276 (B7H3, B7-H3, protéine 2 liée à B7, B7RP2, B7RP-2, B7 homolog 3, B7 homologue 3)]; anticorps monoclonal humanisé, conjugué par six résidus cystéinyles en moyenne au *drozuntecán*, comprenant un coupleur clivable et un dérivé de la camptothécine (*exatecán*); chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-30-4*09 (86.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (100%), CDR-IMGT [9.7.12] (26-34.52-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 R120 (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237) (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)), (222-220')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (94.1%) -IGKJ4*01 (100%), 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 (228-228'':231-231'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa; substitué sur les atomes de soufre d'une moyenne de six résidus L-cystéinyle parmi 222, 228, 231, 220', 222'', 228'', 231'' and 220''' avec des groupes (3*RS*)-1-[(3*S*,11*S*)-11-benzyl-1-[[[(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]amino]-3-méthyl-1,7,10,13,16,19-hexaoxo-4-oxa-6,9,12,15,18-pentaazatétracosan-24-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (*drozuntecán*)
antiinéoplasique

elfetabart drozuntecán inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD276 (B7H3, B7-H3, proteína 2 relacionada con B7, B7RP2, B7RP-2, B7 homólogo 3, B7 homólogo 3)], anticuerpo monoclonal humanizado, conjugado por seis residuos de cisteinilo por término medio con *drozuntecán*, que comprende un conector escindible y un derivado de la camptotecina (*exatecán*); cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-30-4*09 (86.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (100%), CDR-IMGT [9.7.12] (26-34.52-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 R120 (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237) (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)), (222-220')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (94.1%) -IGKJ4*01 (100%), 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 (228-228'':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 un promedio de seis residuos de L-cisteinilo entre 222, 228, 231, 220', 222'', 228'', 231'' and 220''' con grupos (3*RS*)-1-[(3*S*,11*S*)-11-bencil-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)-3-metil-1,7,10,13,16,19-hexaoxo-4-oxa-6,9,12,15,18-pentaazatetracosan-24-il]-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo (*drozuntecán*)
antineoplásico

3061153-84-9

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

```

QVQLQESGPG LVKPSQTLST TCTVTDYSIT GDYAWNWIRO HPGKGLEWIG 50
YISYSGSTSY NPSLQSRVTI SRDTSKNQFS LKLSSVTAAD TAVYFCARSL 100
GRRWYFVWVG QGTTVTVSSA STKGPSVFPFL APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
YFPEFVTVSW NSGALTSGVH TFPAYLQSSG LYSLSVVTVV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHKPSN TKVDKRVPEK SCDKTHTCP CPAPAEAGGP SVFLFPPKPK 250
DTLMISRTPV VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
YTLPPSREEM TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL 400
DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSPFGK 449

```

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

```

DIVMTQSPDS LAVSLGERAT INCKSSQSL LQSSNQKNYLA WYQKPGQPP 50
KLLIYFASTR ESGVPDRFSG SGSGTDFTLT ISSLQAEDVA VYQCQHYSA 100
PWTFGGGTKV EIKRTVAAPS VFIFPPSDEQ LKSGTASVVC LLNNFYPREA 150
KVQWKVDNAL QSGNSQESVT EQDSKDTYS LSSTLTLSKA DYKHKVYAC 200
EVTHQGLSSP VTKSFNRGEC 220

```

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-96 146-202 263-323 369-427
22''-96'' 146''-202'' 263''-323'' 369''-427''

Intra-L (C23-C104) 23'-94' 140'-200'
23'''-94''' 140'''-200'''

Inter-H-L (h 5-CL 126)* 222-220' 222''-220''

Inter-H-H (h 11, h 14)* 228-228'' 231-231''

*Three inter-chain disulfide bridges are not present, an average of six cysteinyl are conjugated, each via a thioester 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 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-oxoprolilo)

H VH Q1: 1, 1''

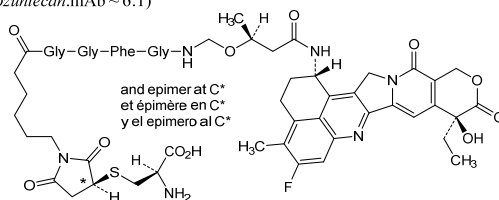
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

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 biantenarios 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, 220', 222'', 228'', 231'' and 220''')*(*drozuntecán*:mAb ~ 6:1)

elfritatugum #

elfritatug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* HLA-G (human leucocyte antigen G, class I major histocompatibility (MH1) antigen G) C-like domain], humanized monoclonal antibody; H-gamma1 heavy chain humanized (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (85.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%) M123>L (112), CDR-IMGT [8.7.11] (26-33.51-57.96-106))] (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)], (220-217')-disulfide with kappa light chain humanized (1'-217') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (92.1%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.12] (27-32.50-52.89-100)) (1'-110') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (156'), V101 (194') (111'-217')]; dimer (226-226":229-229")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DG44, lacking the enzyme dihydrofolate reductase (DHFR) and the enzyme alpha-(1,6)-fucosyltransferase (FUT8-KO), glycoform alfa *antineoplastique*

elfritatug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* HLA-G (antigène G leucocytaire humain, antigène G d'histocompatibilité majeure de classe I (MH1)) domaine C-like], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (85.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%) M123>L (112), CDR-IMGT [8.7.11] (26-33.51-57.96-106))] (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)], (220-217')-disulfure avec la chaîne légère kappa humanisée (1'-217') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (92.1%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.12] (27-32.50-52.89-100)) (1'-110') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (156'), V101 (194') (111'-217')]; dimère (226-226":229-229")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DG44, ne présentant pas l'enzyme dihydrofolate réductase (DHFR) et l'enzyme alpha-(1,6)-fucosyltransférase (FUT8-KO), glycoforme alfa *antineoplasique*

elfritatug

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* HLA-G (antígeno G leucocitario humano, antígeno G de histocompatibilidad mayor de clase I (MH1)) dominio C-like], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (85.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%) M123>L (112), CDR-IMGT [8.7.11] (26-33.51-57.96-106))] (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)], (220-217')-disulfuro con la cadena ligera kappa humanizada (1'-217') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (92.1%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.12] (27-32.50-52.89-100)) (1'-110') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (156'), V101 (194') (111'-217')]; dímero (226-226":229-229")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DG44, en ausencia de la enzima dihidrofolato reductasa (DHFR) y la enzima alfa-1,6-fucosiltransferasa (FUT8-KO), forma glicosilada alfa *antineoplásico*

3058391-18-4

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H")
EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGIDLS SNAMSWVRQA PGKGLEWIGT 50
ISSGGRITYYA SWAKGRFTIS KDNSKNTVYL QMNSLRAEDT AVYYCARGDG 100
ATGFINIWQG TLVTVSSAST 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
LPPSRDELTK NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTTTPPVLD 400
DGSFFLYSKL TVDKSRWQGG NVFSCSVMHE ALHNHYTQKS LSLSPGK 447

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L")
AIVLTQSPSS LSASVGDRVT ITCQASQSIY SYLSWYQQKP GKAPKLLIYK 50
ASTLASGVPS RFGSGSGGTD FTLTISSLQP EDFATYYCQN HNWVGGNGWP 100
FGGGTKVEIK RTVAAPSVFI FPPSDEQLKS GTASVVCLLN NFYPREAKVQ 150
WKVDNALQSG NSQESVTEQD SKDSTYLSLS 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) 22-95 144-200 261-321 367-425
22"-95" 144"-200" 261"-321" 367"-425"
Intra-L (C23-C104) 23'-88' 137'-197'
23'''-88''' 137'''-197'''
Inter-H-L (h 5-CL 126) 220-217" 220"-217"
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"
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: 447, 447"

eliroptamigum #
eliroptamig

immunoglobulin (VH-prodomain-scFvhl-L-kappa)_VH-G1(CH1-h5),
anti-[*Homo sapiens* ALB (albumin, human serum albumin, HSA)], anti-
[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)] and anti-[*Homo sapiens*
FOLH1 (folate hydrolase, prostate specific membrane antigen, PSMA)],
humanized, chimeric and *Homo sapiens* monoclonal antibody,
trispesific, trivalent;
fused heavy chain VH-prodomain-scFvhl-L-kappa (VH anti-ALB
humanized, scFvhl anti-CD3E (chimeric and *Homo sapiens*, L-kappa
anti-FOLH1 *Homo sapiens* (H) (1-645) [VH anti-ALB humanized (*Homo*
sapiens IGHV3-23*04 (81.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT
[8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124)-prodomain (125-177) [9-mer
tetraglycyl-seryl-triglycyl-seryl linker (125-133) -16-mer
GGVYCGPEFDES VGCM mask (134-149) -8-mer tetraglycyl-seryl-
triglycyl linker (150-157) -16-mer LSGRSDAGSPLGLAGS cleavable
linker (158-173) -4-mer triglycyl-seryl linker (174-177)] -scFvhl anti-
CD3E chimeric (178-426) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus*
IGHV10-1*04 (92.0%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (86.7%)/*Homo sapiens*
IGHV3-73*01 (87.0%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (100%), CDR-IMGT
[8.10.16] (203-210.228-237.276-291)) (178-302) -15-mer
tris(tetraglycyl-seryl) linker (303-317) -V-LAMBDA (*Homo sapiens*
IGLV7-43*01 (85.1%) -IGLJ3*02 (100%), CDR-IMGT [9.3.9] (343-
351.369-371.408-416)) (318-426)] -5-mer tetraglycyl-seryl linker (427-
431) -L-KAPPA anti-FOLH1 *Homo sapiens* (432-645) [V-KAPPA
(*Homo sapiens* IGKV1-27*01 (94.7%) -IGKJ3*01 (100%), CDR-IMGT
[6.3.9] (458-463.481-483.520-528)) (432-538)) -*Homo sapiens*
IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (584), V101

	(622)) (539-645)]], (645-226') -disulfide with VH-G1(CH1-h5) light chain anti-FOLH1 <i>Homo sapiens</i> (L') (1'-226') [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-33*01 (96.9%) -IGKJ6*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.16] (26'-33'.51'-58'.97'-112')) (1'-123') - <i>Homo sapiens</i> IGHG1*01 G1(CH1-h5) (CH1 G1m17, CH1 K120 (220') (124'-221'), hinge 1-5 (222'-226')) (124'-226')], produced in a cell line of Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, non-glycosylated <i>antineoplastic</i>
éliroptamig	immunoglobuline (VH-prodomaine-scFvhl-L-kappa)_VH-G1(CH1-h5), anti-[<i>Homo sapiens</i> ALB (albumine, sérum albumine humaine, SAH)], anti-[<i>Homo sapiens</i> CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)] et anti-[<i>Homo sapiens</i> FOLH1 (folate hydrolase, antigène membranaire spécifique de la prostate, PSMA)], anticorps monoclonal humanisé, chimérique et <i>Homo sapiens</i> , trispécifique, trivalent; chaîne lourde fusionnée VH-prodomaine-scFvhl-L-kappa (VH anti-ALB humanisé, scFvhl anti-CD3E (chimérique et <i>Homo sapiens</i> , L-kappa anti-FOLH1 <i>Homo sapiens</i> (H) (1-645) [VH anti-ALB humanisé (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-23*04 (81.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124)- prodomain (125-177) [9-mer tétraglycyl-séryl-triglycyl-séryl coupleur (125-133) -16-mer GGVCYCGPEFDESVCVM masque (134-149) -8-mer tétraglycyl-séryl-triglycyl coupleur (150-157) -16-mer LSGRSDAGSPLGLAGS cleavable coupleur (158-173) -4-mer triglycyl-séryl coupleur (174-177) -scFvhl anti-CD3E chimérique (178-426) [VH Musmus/Homsap (<i>Mus musculus</i> IGHV10-1*04 (92.0%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (86.7%)/ <i>Homo sapiens</i> IGHV3-73*01 (87.0%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (100%), CDR-IMGT [8.10.16] (203-210.228-237.276-291)) (178-302) -15-mer tris(tétraglycyl-séryl) coupleur (303-317) -V-LAMBDA (<i>Homo sapiens</i> IGLV7-43*01 (85.1%) -IGLJ3*02 (100%), CDR-IMGT [9.3.9] (343-351.369-371.408-416)) (318-426)] -5-mer tétraglycyl-séryl coupleur (427-431) -L-KAPPA anti-FOLH1 <i>Homo sapiens</i> (432-645) [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-27*01 (94.7%) -IGKJ3*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (458-463.481-483.520-528)) (432-538)) - <i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (584), V101 (622)) (539-645)]], (645-226')-disulfure avec la chaîne légère VH-G1(CH1-h) anti-FOLH1 <i>Homo sapiens</i> (L') (1'-226') [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-33*01 (96.9%) -IGKJ6*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.16] (26'-33'.51'-58'.97'-112')) (1'-123') - <i>Homo sapiens</i> IGHG1*01 G1(CH1-h5) (CH1 G1m17, CH1 K120 (220') (124'-221'), charnière 1-5 (222'-226')) (124'-226')], produit dans une lignée cellulaire des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, non-glycosylé <i>antinéoplasique</i>
eliroptamig	inmunoglobulina (VH-prodominio-scFvhl-L-kappa)_VH-G1(CH1-h5), anti-[<i>Homo sapiens</i> ALB (albúmina, albúmina sérica humana, SAH)], anti-[<i>Homo sapiens</i> CD3E (CD3 épsilon, Leu-4)] y anti-[<i>Homo sapiens</i> FOLH1 (hidrolasa folato, antígeno membranario específico de la próstata, PSMA)], anticuerpo monoclonal humanizado, quimérico y <i>Homo sapiens</i> , triespecífico, trivalente; cadena pesada fusionada VH-prodominio-scFvhl-L-kappa (VH anti-ALB humanizado, scFvhl anti-CD3E (quimérico y <i>Homo sapiens</i> , L-kappa anti-FOLH1 <i>Homo sapiens</i> (H) (1-645) [VH anti-ALB humanizado (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-23*04 (81.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124)- prodominio (125-177) [9-mer tetraglicil-seril-triglicil-seril enlace (125-133) -16-mer GGVCYCGPEFDESVCVM máscara (134-149) -8-mer tetraglicil-seril-triglicil enlace (150-157) -16-mer LSGRSDAGSPLGLAGS enlace escindible (158-173) -4-mer triglicil-seril enlace (174-177) -scFvhl anti-CD3E quimérico (178-426) [VH

Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV10-1*04 (92.0%) -(IGHD) - IGHJ3*01 (86.7%)/*Homo sapiens* IGHV3-73*01 (87.0%) -(IGHD) - IGHJ5*01 (100%), CDR-IMGT [8.10.16] (203-210.228-237.276-291)) (178-302) -15-mer tris(tetraglicil-seril) enlace (303-317) -V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV7-43*01 (85.1%) -IGLJ3*02 (100%), CDR-IMGT [9.3.9] (343-351.369-371.408-416)) (318-426)] -5-mer tetraglicil-seril enlace (427-431) -L-KAPPA anti-FOLH1 *Homo sapiens* (432-645) [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-27*01 (94.7%)-IGKJ3*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (458-463.481-483.520-528)) (432-538))] -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (584), V101 (622)) (539-645)]], (645-226')-disulfuro con la cadena ligera VH-G1(CH1-h) anti-FOLH1 *Homo sapiens* (L') (1'-226') [VH (*Homo sapiens* IGHV3-33*01 (96.9%) -IGKJ6*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.16] (26'-33'.51'-58'.97'-112')) (1'-123') -*Homo sapiens* IGHG1*01 G1(CH1-h5) (CH1 G1m17, CH1 K120 (220') (124'-221'), bisagra 1-5 (222'-226')) (124'-226')], producido en una línea celular de las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, no glicosilado antineoplásico

3064817-30-4

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: fused heavy chain VH anti-ALB -prodomain-scFvH anti-CD3E -L-kappa anti-FOLH1 (H)

EVQLVESGGG	LVQPGGSLRL	SCAASGSTFY	TAVMGWVRQA	PGKGLEWVAA	50
IRWTALTTSY	ADSVKGRFTI	SRDGAKTTLT	LQMNSLRPED	TAVYYCAARG	100
TLGLFTTADS	YDYWGQGLTV	TVSSGGGGSG	GGSGGVYCGP	EFDESVMGCMG	150
GGSGGGGLSG	RSDAGSPLGL	AGSGGGSEVQ	LVESGGGLVQ	PGGSLKLSCA	200
ASGFTFNKYA	MNWVRQAPGK	GLEWVARIRS	KYNNYATYYA	DSVKDRFTIS	250
RDDSKNTAYL	QMNILKTEDT	AVYYCVRHGN	FGNSYISYWA	YWGQGLTVTV	300
SSGGGGSGGG	QSGGGGSQTV	VTQEPSTLVS	PGGTVTLTCT	SSTGAVTSGN	350
YPNWVQKPG	QAPRLIGGT	KFLAPGTPAR	FSGSLLGKA	ALTLSGVQPE	400
DEAEYYCVLW	YSNRWVFGGG	TKLTVLGGGG	SDIQMTQSPS	SLSASVGDRV	450
TITCRASQGI	SNYLAWYQQK	TGKVPKFLIY	EASTLQSGVP	SRFSGGGSGT	500
DFTLTISSLQ	PEDVATYYCQ	NYNSAPFTFG	PGTKVDIKRT	VAAPSVFIFP	550
PSDEQLKSGT	ASVCLLNMF	YPREAKVQWK	VDNALQSGNS	QESVTEQDSK	600
DSTYSLSSSTL	TLSKADYEKH	KVYACEVTHQ	GLSSPVTKSF	NRGEC	645

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: VH-G1(CH1-h5) anti-FOLH1 (L')

QVQLVESGGG	VVQPGGSLRL	SCAASGFAFS	RYGMHWVRQA	PGKGLEWVAV	50
IWYDGSNKYY	ADSVKGRFTI	SRDNSKNTQY	LQMNSLRAED	TAVYYCARGG	100
DFLYYYYYGM	DVWGQGTIVT	VSSASTKGPS	VFPLAPSSKS	TSGGTAALGC	150
LVKDYFPEPV	TVSWNSGALT	SGVHTFPAVL	QSSGLYSLSS	VVTVPSSSLG	200
TQTYICNVNH	KPSNTKVDKK	VEPKSC			226

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-96 199-275 339-407 454-519 565-625

Intra-H prodomain mask (C5-C15) 138-148

Intra-L (C23-C104) 22'-96' 150'-206'

Inter-H-L (CL 126-h 5) 645-226'

No N-glycosylation sites / pas de sites de N-glycosylation / ningún posición de N-glicosilación

elticertinibum
elticertinib

(7²R)-1³-chloro-7¹-[(2E)-4-(dimethylamino)but-2-enoyl]-1²-methoxy-7²-methyl-3¹,3⁵,3⁶,3⁷-tetrahydro-3⁴H-2-aza-3(3,2)-pyrrolo[3,2-c]pyridina-4(4,3)-pyridina-7(2)-pyrrolidina-1(1)-benzenaheptaphan-5-yn-3⁴-one
epidermal growth factor receptor tyrosine kinase inhibitor, antineoplastic

elticertinib

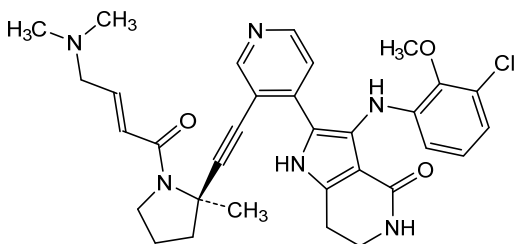
(7²R)-1³-chloro-7¹-[(2E)-4-(diméthylamino)but-2-énoyl]-1²-méthoxy-7²-méthyl-3¹,3⁵,3⁶,3⁷-tétrahydro-3⁴H-2-aza-3(3,2)-pyrrolo[3,2-c]pyridina-4(4,3)-pyridina-7(2)-pyrrolidina-1(1)-benzènaheptaphan-5-yn-3⁴-one
inhibiteur de la tyrosine kinase du récepteur du facteur de croissance épidermique, antinéoplasique

elticertinib

(7²R)-1³-cloro-7¹-[(2E)-4-(dimetilamino)but-2-enoil]-1²-metoxi-7²-metil-3¹,3⁵,3⁶,3⁷-tetrahidro-3⁴H-2-aza-3(3,2)-pirrolo[3,2-c]piridina-4(4,3)-piridina-7(2)-pirrolidina-1(1)-bencenaheptafan-5-in-3⁴-ona
inhibidor de la tirosina kinasa del receptor del factor de crecimiento epidérmico, antineoplásico

C₃₂H₃₅ClN₆O₃

2765525-82-2



embibatinibum
 embibatinib

N-{4-[chlorodi(fluoro)methoxy]phenyl}-2-(difluoromethyl)-1-[(2R)-1-hydroxypropan-2-yl]-7-(pyrimidin-5-yl)-1H-1,3-benzimidazole-5-carboxamide
tyrosine-protein kinase ABL1 allosteric inhibitor, antineoplastic

embibatinib

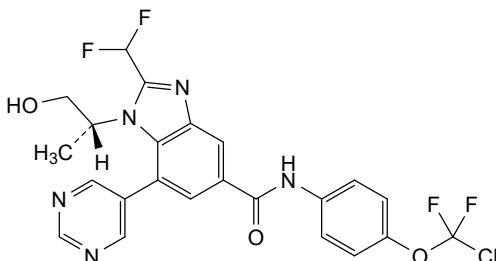
N-{4-[chlorodi(fluoro)méthoxy]phényl}-2-(difluorométhyl)-1-[(2R)-1-hydroxypropan-2-yl]-7-(pyrimidin-5-yl)-1H-1,3-benzimidazole-5-carboxamide
inhibiteur allostérique de la tyrosine-protéine kinase ABL1, antinéoplasique

embibatinib

N-{4-[clorodi(fluoro)metoxi]fenil}-2-(difluorometil)-1-[(2R)-1-hidroxiopropan-2-il]-7-(pirimidin-5-il)-1H-1,3-benzimidazol-5-carboxamida
inhibidor alostérico de la tirosina proteina kinasa ABL-1, antineoplásico

C₂₃H₁₈ClF₄N₅O₃

2412966-86-8



enfiborolum

enfiborole

[6-(trifluoromethyl)pyridin-3-yl]methyl (2S)-2-(1-hydroxy-7-methyl-1,3-dihydro-2,1-benzoxaborole-6-carboxamido)-3-methylbutanoate
antiparasitic (veterinary)

enfiborole

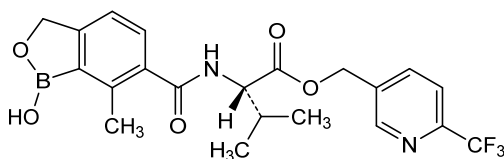
[6-(trifluorométhyl)pyridin-3-yl]méthyl (2S)-2-(1-hydroxy-7-méthyl-1,3-dihydro-2,1-benzoxaborole-6-carboxamido)-3-méthylbutanoate
antiparasitaire (vétérinaire)

enfiborol

[6-(trifluorometil)piridin-3-il]metil (2S)-2-(1-hidroxi-7-metil-1,3-dihidro-2,1-benzoxaborolo-6-carboxamido)-3-metilbutanoato
antiparasitario (uso veterinario)

 $C_{21}H_{22}BF_3N_2O_5$

2152662-88-7

**erzemdutidum**

erzemdutide

L-histidyl-2-methylalanyl-L-glutaminylglycyl-L-threonyl-L-phenylalanyl-L-threonyl-L-seryl-L- α -aspartyl-L-valyl-L-seryl-L-lysyl- α -methyl-L-phenylalanyl-L-leucyl-L- α -aspartyl-L-threonyl- N^6 -[(2S)-22,40-dicarboxy-10,19,24-trioxo-3,6,12,15-tetraoxa-9,18,23-triazatetracontan-1-oyl]-L-lysyl-L-arginyl-L-alanyl-L-arginyl-L- α -aspartyl-L-phenylalanyl-L-valyl-L-glutaminyl-L-tryptophyl-L-leucyl-L-leucyl-L- α -glutamyl-2-methylalanylglycine
glucagon and glucagon-like peptide 1 (GLP-1) receptor agonist, obesity

erzemdutide

L-histidyl-2-méthylalanyl-L-glutaminylglycyl-L-thréonyl-L-phénylalanyl-L-thréonyl-L-séryl-L- α -aspartyl-L-valyl-L-séryl-L-lysyl- α -méthyl-L-phénylalanyl-L-leucyl-L- α -aspartyl-L-thréonyl- N^6 -[(2S)-22,40-dicarboxy-10,19,24-trioxo-3,6,12,15-tétraoxa-9,18,23-triazatétracontan-1-oyl]-L-lysyl-L-arginyl-L-alanyl-L-arginyl-L- α -aspartyl-L-phénylalanyl-L-valyl-L-glutaminyl-L-tryptophyl-L-leucyl-L-leucyl-L- α -glutamyl-2-méthylalanylglycine
agoniste des récepteurs du glucagon et du peptide 1 de type glucagon (GLP-1), obésité

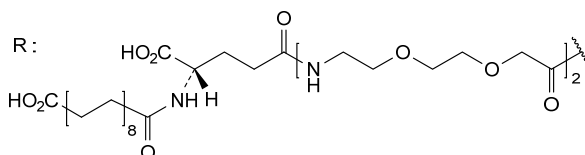
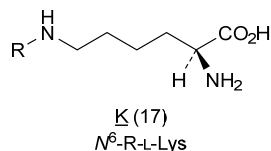
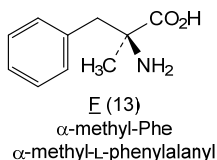
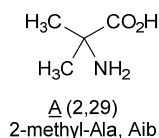
erzemdutida

L-histidil-2-metilalanil-L-glutaminilglicil-L-treonil-L-fenilalanil-L-treonil-L-seril-L- α -aspartil-L-valil-L-seril-L-lisil- α -metil-L-fenilalanil-L-leucil-L- α -aspartil-L-treonil- N^6 -[(2S)-22,40-dicarboxi-10,19,24-trioxo-3,6,12,15-tetraoxa-9,18,23-triazatetracontan-1-oil]-L-lisil-L-arginil-L-alanil-L-arginil-L- α -aspartil-L-fenilalanil-L-valil-L-glutaminil-L-triptofil-L-leucil-L-leucil-L- α -glutamil-2-metilalanilglicina
agonista de los receptores de glucagón y del péptido 1 similar al glucagón (GLP-1), obesidad

$C_{192}H_{302}N_{46}O_{58}$

3061135-14-3

Sequence / Séquence / Secuencia

HAQGTF^UTS^USDV SKFLDT^UK^URAR DFVQWLLEAG 30

etaroleucelum

etaroleucel

autologous polyclonal regulatory T lymphocytes (CD4+CD25+CD127lo/-FOXP3+; Tregs) derived from the peripheral blood of patients with brittle type 1 diabetes. The peripheral blood mononuclear cells are isolated and subjected to immunomagnetic depletion of CD8⁺ cells and positive selection of CD25⁺ using monoclonal antibodies. The isolated cells are expanded using media containing supernatant from interferon gamma (IFN-γ) activated allogeneic perinatal tissue-derived cells (PTDC) and interleukin 2 (IL-2) and are stimulated with anti-CD3/anti-CD28 monoclonal antibody-coated magnetic microbeads. The final substance consists of polyclonal Tregs (≥60% CD4⁺, CD25⁺, FOXP3⁺ cells; ≤5% CD8⁺ cells) that demonstrate the ability to suppress the proliferation of activated effector T lymphocytes
cell therapy (immunomodulator)

étaroleucel

lymphocytes T régulateurs polyclonaux autologues (CD4+CD25+CD127lo/-FOXP3+; Treg) issus du sang périphérique de patients atteints de diabète de type 1 fragile. Les cellules mononucléaires du sang périphérique sont isolées et soumises à une déplétion immunomagnétique des cellules CD8⁺ et à une sélection positive des cellules CD25⁺ à l'aide d'anticorps monoclonaux. Les cellules isolées sont expansées dans un milieu contenant du surnageant de cellules dérivées de tissus périnataux allogéniques (PTDC) activées par l'interféron gamma (IFN-γ) et de l'interleukine 2 (IL-2), puis stimulées par des microbilles magnétiques recouvertes d'anticorps monoclonaux anti-CD3/anti-CD28. Le produit final est constitué de Treg polyclonaux (≥60% de cellules CD4⁺, CD25⁺, FOXP3⁺; ≤5% de cellules CD8⁺) capables de supprimer la prolifération des lymphocytes T effecteurs activés
thérapie cellulaire (immunomodulateur)

etaroleucel

linfocitos T reguladores policlonales autólogos (CD4+CD25+CD127lo/-FOXP3+; Tregs) derivados de sangre periférica de pacientes con diabetes tipo 1 lábil. Las células mononucleares de sangre periférica se aíslan y someten a depleción inmunomagnética de células CD8⁺ y selección positiva de CD25⁺ usando anticuerpos monoclonales. Las células aisladas se expanden usando medio que contiene sobrenadante de células alogénicas activadas con interferón gamma (IFN-γ) derivadas

de tejido perinatal (PTDC) e interleuquina 2 (IL-2) y se estimulan con microbolas magnéticas forradas con anticuerpos monoclonales anti-CD3/anti-CD28.

La substancia final consiste en Tregs policlonales ($\geq 60\%$ células CD4⁺, CD25⁺, FOXP3⁺; $\leq 5\%$ células CD8⁺) que muestran capacidad para suprimir la proliferación de linfocitos T efectores activados

terapia celular (inmunomodulador)

evabosmigum

evabosmig

immunoglobulin (H-gamma4_L-kappa) (H-gamma4_L-kappa), anti-[*Homo sapiens* SOST (sclerostin)] and anti-[*Homo sapiens* DKK1 (dickkopf Wnt signaling pathway inhibitor 1, SK, DKK-1)], humanized monoclonal antibody, bispecific, bivalent; H-gamma4 heavy chain anti-SOST humanized hole (H) (1-442) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-18*01 (84.4%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (90.9%) L123>T (110), CDR-IMGT [8.8.8] (26-33.51-58.97-104)) (1-115) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 14-G4v33 CH3 S22, A24, V86 (hole), 10-G4v83 CH3 R115, F116 (CH1 (116-213), hinge 1-12 S10>P (223) (214-225), CH2 L92 (304) (226-335), CH3 T22>S (361), L24>A (363), Y86>V (402), H115>R (430), Y116>F (431) (336-440), CHS (441-442)) (116-442)], (129-219')-disulfide with L-kappa light chain anti-SOST humanized (L') (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (79.0%) -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')];

H-gamma4 heavy chain anti-DKK1 humanized knob (H") (1"-447") [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*01 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ4*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, 12-G4v17 CH1 S10, 14-G4v32 CH3 W22 (knob), 17-G4v57-4 CH1 S10, C84(CH1 C10>S (134), V84>C (176) (121"-218"), hinge 1-12 S10>P (228")) (219"-230"), CH2 L92 (309") (231"-340"), CH3 T22>W (366) (341"-445"), CHS (446"-447")) (121"-447")], (176"-160"")-disulfide with L-kappa light chain anti-DKK1 humanized (L'") (1""-214'") [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1D-43*01 (88.3%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27""-32""-50""-52""-89""-97'')) (1""-107'") -*Homo sapiens* IGKC*01 (99.1%) Km3 A45.1, V101, 17-KCv57-4 C79, S126 (C-KAPPA A45.1 (153''), V101 (191''), Q79>C (160''), C126>S (214'')) (108'""-214'')]; dimer (221-226'':224-229'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
immunomodulator, osteoporosis

évabosmig

immunoglobuline (H-gamma4_L-kappa)_(H-gamma4_L-kappa), anti-[*Homo sapiens* SOST (sclérostine)] et anti-[*Homo sapiens* DKK1 (inhibiteur dickkopf 1 de la voie de signalisation Wnt, SK, DKK-1)], anticorps monoclonal humanisé, bispécifique, bivalent; chaîne lourde H-gamma4 anti-SOST humanisée (H) (1-442) hole [VH (*Homo sapiens* IGHV1-18*01 (84.4%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (90.9%) L123>T (110), CDR-IMGT [8.8.8] (26-33.51-58.97-104)) (1-115) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 14-G4v33 CH3 S22, A24, V86 (hole), 10-G4v83 CH3 R115, F116 (CH1 (116-213), charnière 1-12 S10>P (223) (214-225), CH2 L92 (304) (226-335), CH3 T22>S (361), L24>A (363), Y86>V (402), H115>R (430), Y116>F (431) (336-440), CHS (441-442)) (116-442)], (129-219')-disulfure avec la chaîne légère

L-kappa anti-SOST humanisée (L') (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (79.0%) -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')];
 chaîne lourde H-gamma4 anti-DKK1 humanisée (H'') (1"-447") knob [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*01 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ4*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, 12-G4v17 CH1 S10, 14-G4v32 CH3 W22 (knob) 17-G4v57-4 CH1 S10, C84 (CH1 C10>S (134), V84>C (176) (121"-218''), charnière 1-12 S10>P (228'') (219"-230''), CH2 L92 (309'') (231"-340''), CH3 T22>W (366) (341"-445''), CHS (446"-447'') (121"-447'')], (176"-160'')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa anti-DKK1 humanisée (L''') (1'''-214''') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1D-43*01 (88.3%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'''-32'''-50'''-52'''-89'''-97''')) (1'''-107''') -*Homo sapiens* IGKC*01 (99.1%) Km3 A45.1, V101, 17-KCv57-4 C79, S126 (C-KAPPA A45.1 (153'''), V101 (191'''), Q79>C (160'''), C126>S (214''')) (108'''-214''')]; dimère (221-226'':224-229'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
immunomodulateur, ostéoporose

evabosmig

inmunoglobulina (H-gamma4_L-kappa)_ (H-gamma4_L-kappa), anti-[*Homo sapiens* SOST (esclerostina)] y anti-[*Homo sapiens* DKK1 (inhibidor dickkopf 1 de la vía de señalización Wnt, SK, DKK-1)], anticuerpo monoclonal humanizado, biespecifico, bivalente;
 cadena pesada H-gamma4 anti-SOST humanizada (H) (1-442) hole [VH (*Homo sapiens* IGHV1-18*01 (84.4%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (90.9%) L123>T (110), CDR-IMGT [8.8.8] (26-33.51-58.97-104)) (1-115) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 14-G4v33 CH3 S22, A24, V86 (hole), 10-G4v83 CH3 R115, F116 (CH1 (116-213), bisagra 1-12 S10>P (223) (214-225), CH2 L92 (304) (226-335), CH3 T22>S (361), L24>A (363), Y86>V (402), H115>R (430), Y116>F (431) (336-440), CHS (441-442)) (116-442)], (129-219')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa anti-SOST humanizada (L') (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (79.0%) -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')];
 cadena pesada H-gamma4 anti-DKK1 humanizada (H'') (1"-447'') knob [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*01 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ4*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, 12-G4v17 CH1 S10, 14-G4v32 CH3 W22 (knob) 17-G4v57-4 CH1 S10, C84 (CH1 C10>S (134), V84>C (176) (121"-218''), bisagra 1-12 S10>P (228'') (219"-230''), CH2 L92 (309'') (231"-340''), CH3 T22>W (366) (341"-445''), CHS (446"-447'') (121"-447'')], (176"-160'')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa anti-DKK1 humanizada (L''') (1'''-214''') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1D-43*01 (88.3%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'''-32'''-50'''-52'''-89'''-97''')) (1'''-107''') -*Homo sapiens* IGKC*01 (99.1%) Km3 A45.1, V101, 17-KCv57-4 C79, S126 (C-KAPPA A45.1 (153'''), V101 (191'''), Q79>C (160'''), C126>S (214''')) (108'''-214''')]; dímero (221-226'':224-229'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa
immunomodulador, osteoporosis

3061142-96-6

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

EVQLVQSGAE	VKKPGASVKV	SCKASGYTFT	DYEIHWVRQA	PGKGLEWMGA	50
IDPETGGTAY	NQKFKGRVTM	TTDTSTSTAY	MELRSLRSD	TAVYYCYSD	100
YVTYWGQGT	VTVSSASTKG	PSVFPLAPCS	RSTSESTAAL	GCLVKDYFPE	150
PVTVSWNSGA	LTSGVHTFPA	VLQSSGLYSL	SSVVTVPSSS	LGTKTYTCNV	200
DKHKPSNTKVD	KRVESKYGPP	CPPCPAPEFL	GGPSVFLFPP	KPKDTLMISR	250
TPEVTCVVVD	VSQEDPEVQF	NWYVDGVEVH	NAKTKPREEQ	FNSTYRVVSV	300
LTVLHQDLNL	GKEYCKVSN	KGLPSSIEKT	ISKAKQPRE	PQVYTLPPSQ	350
EEMTKNQVSL	SCAVKGFYPS	DIAVEWESNG	QPENNYKTTT	PVLDSGDSFF	400
LVSRLTVDKS	RWQEGNVFSC	SVMHEALHNR	FTQKSLSLSL	GK	442

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

DIQMTQSPSS	LSASVGDRVT	ITCRSSQSLL	YSDGRTYLNW	YQQKPGKSPK	50
RLTIYLVSKLD	SGVPDRFSGS	GSQTDFTLTI	SSLQPEDFAT	YYCWQGTTHLP	100
HTFGGGTKVE	IKRTVAAPSV	FIFPPSDEQL	SGKTASVVC	LNNFYPREAK	150
VQWKVDNALQ	SGNSQESVTE	QDSKDYSTSL	SSTLTLSKAD	YEKHKVYACE	200
VTHQGLSSPV	TKSFNRGEC				219

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: H-gamma4 anti-DKK1 (knob) (H'')

EVQLVESGGG	VVQPRSLRL	SCAASGFTFS	DYAMAWVRQA	PGKGLEWVAT	50
IYDGSSTYY	RDSVKGRFTI	SRDNSKNTLY	LQMNSLRAED	TAVYYCATGL	100
GIATDYFDY	GQGLTVTVSS	ASTKGPSVFP	LAPSSRSTSE	STAALGCLVK	150
DYFPEPVTVS	WNSGALTSKV	HTFPACLQSS	GLYSLSSVVT	VPSSSLGTTK	200
YTCNVDHKPS	NTKVDKRVES	KYGPPCPPCP	APEFLGGPSV	FLFPPKPKDT	250
LMISRTPEVT	CVVVDVSQED	PEVQFNWYVD	GVEVHNAKTK	PREEQFNSTY	300
RVVSVLTVLH	QDNLNGKEYK	CKVSNKGLPS	SIEKTISKAK	GQPREPQVYT	350
LPPSQEEMTK	NQVSLWCLVK	GFYPDSIAVE	WESNGQPENN	YKTTTPVLD	400
DGSFFLYSRL	TVDKSRWQEG	NVFSCSVMHE	ALHNNHYTQKS	LSLSLGLK	447

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: L-kappa anti-DKK1 (L''')

DIRMTQSPFS	LSASVGDRVT	ITCLASEDIY	SDLAWYQQKP	AKAPKFLFIYN	50
ANSLQNGVPS	RFGSGSGTD	YTLTISSLQP	EDFATYYCQQ	YNNYPPTFGG	100
GTKVEIKRTV	AAPSVFIFPP	SDEQLKSGTA	SVVCLLNNFY	PREAKVQWKV	150
DNALQSGNSC	ESVTEQDSKD	STYLSLSTLT	LSKADYEKKH	VYACEVTHQG	200
LSSPVTKSFN	RGES				214

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104)	22-96	142-198	256-316	362-420
Intra-H' (C23-C104)	22"-96"	147"-203"	261"-321"	367"-425"
Intra-L' (C23-C104)	23'-93'	139'-199'		
Intra-L''' (C23-C104)	23'''-88'''	134'''-194'''		
Inter-H-L' (CH1 10-CL 126)	129-219'			
Inter-H-L''' (CH1 C84-CL C79)	176"-160"			
Inter-H-H' (h 8, h 11)	221-226"	224-229"		

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

H CH2 N84.4: 292, 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: 442, 447"

faziprumigum #

faziprumig

immunoglobulin single chain VH-scFvkh-scFvkh, anti-[*Homo sapiens* ALB (albumin, human serum albumin, HSA)], anti-[*Homo sapiens* CD19 (B lymphocyte surface antigen B4, Leu-12)] and anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], humanized monoclonal antibody, trispecific;

IG single chain VH-scFvkh-scFvkh humanized (1-625) [VH anti-ALB humanized (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (90.6%) -IGHD -IGHJ1*01 (80.0%) W118>S (105), G119>S (106), CDR-IMGT [8.8.8] (26-33.51-58.97-104)) (1-115) -9-mer tetraglycyl-seryl-triglycyl-seryl linker (116-124) -scFvkh anti-CD19 humanized (125-365) [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3D-11*02 (85.9%) -IGKJ2*02 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (151-155.173-175.212-220)) (125-230) -15-mer tris(tetraglycyl-seryl) linker (231-245) -VH (*Homo sapiens* IGHV4-30-4*09 (82.8%) -IGHD -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [10.7.12] (271-280.298-304.343-354)) (246-365)] -9-mer tetraglycyl-seryl-triglycyl-seryl linker (366-374)-scFvkh anti-CD3E humanized (375-625) [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (91.9%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.8] (401-412.430-432.469-476)) (375-486) -20-mer tetrakis(tetraglycyl-seryl) linker (487-506) -VH (*Homo sapiens* IGHV1-3*01 (86.7%) -IGHD -IGHJ3*01 (85.7%) M123>L (620), CDR-IMGT [8.8.12] (532-539.557-564.603-614)) (507-625)], produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DG44, non-glycosylated immunomodulator

faziprumig

immunoglobuline à chaîne unique VH-scFvkh-scFvkh, anti-[*Homo sapiens* ALB (albumine, sérum albumine humaine, SAH)], anti-[*Homo sapiens* CD19 (antigène de surface B4 des lymphocytes B, Leu-12)] et anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], anticorps monoclonal humanisé, trispécifique;

IG à chaîne unique VH-scFvkh-scFvkh humanisée (1-625) [VH anti-ALB humanisé (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (90.6%) -IGHD -IGHJ1*01 (80.0%) W118>S (105), G119>S (106), CDR-IMGT [8.8.8] (26-33.51-58.97-104)) (1-115) -9-mer tétraglycyl-séryl-triglycyl-séryl coupleur (116-124) -scFvkh anti-CD19 humanisé (125-365) [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3D-11*02 (85.9%) -IGKJ2*02 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (151-155.173-175.212-220)) (125-230) -15-mer tris(tétraglycyl-séryl) coupleur (231-245) -VH (*Homo sapiens* IGHV4-30-4*09 (82.8%) -IGHD -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [10.7.12] (271-280.298-304.343-354)) (246-365)] -9-mer tetraglycyl-seryl-triglycyl-seryl coupleur (366-374)-scFvkh anti-CD3E humanisé (375-625) [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (91.9%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.8] (401-412.430-432.469-476)) (375-486) -20-mer tétrakis(tétraglycyl-séryl) coupleur (487-506) -VH (*Homo sapiens* IGHV1-3*01 (86.7%) -IGHD -IGHJ3*01 (85.7%) M123>L (620), CDR-IMGT [8.8.12] (532-539.557-564.603-614)) (507-625)], produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DG44, non-glycosylé immunomodulateur

faziprumig

Inmunoglobulina con cadena única VH-scFvkh-scFvkh, anti-[*Homo sapiens* ALB (albúmina, albúmina sérica humana, SAH)], anti-[*Homo sapiens* CD19 (antígeno de superficie B4 de los linfocitos B, Leu-12)] y anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 épsilon, Leu-4)], anticuerpo monoclonal humanizado, triespecífico; IG con cadena única, VH-scFvkh-scFvkh humanizada (1-625) [VH anti-ALB humanizado (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (90.6%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (80.0%) W118>S (105), G119>S (106), CDR-IMGT [8.8.8] (26-33.51-58.97-104)) (1-115) -9-mer tetraglicil-seril-triglicil-seril enlace (116-124) -scFvkh anti-CD19 humanizado (125-365) [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3D-11*02 (85.9%) -IGKJ2*02 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (151-155.173-175.212-220)) (125-230) -15-mer tris(tetraglicil-seril) enlace (231-245) -VH (*Homo sapiens* IGHV4-30-4*09 (82.8%) -IGHD -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [10.7.12] (271-280.298-304.343-354)) (246-365)] -9-mer tetraglicil-seril-triglicil-seril enlace (366-374) -scFvkh anti-CD3E humanizado (375-625) [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (91.9%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.8] (401-412.430-432.469-476)) (375-486) -20-mer tetrakis(tetraglicil-seril) enlace (487-506) -VH (*Homo sapiens* IGHV1-3*01 (86.7%) -IGHD -IGHJ3*01 (85.7%) M123>L (620), CDR-IMGT [8.8.12] (532-539.557-564.603-614)) (507-625)], producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DG44, no glicosilado
inmunomodulador

3059485-32-1

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: fused VH anti-ALB -scFvkh anti-CD19 -scFvkh anti-CD3E (H)
KVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS SFGMTWVRQA PGKGLEWVSS 50
ISGSGSDTLY ADSVRGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCTIGG 100
SLSPSSQGT L VTVSSGGGGS GGGSEIVLTQ SPATLSLSPG ERATLSCSAS 150
SSVGYMHWYQ QKPGQAPRL L IYDTSKLASG IPARFSGSGS GTDFTLTISS 200
LEPEDFAVYY CFQGSVYPFT FGQGTKLEIK GGGSGGGGS GGGGSQVQLQ 250
ESGPGLVKPS QTLSTLTCTVS GGSISTSTMG VGWIRQHPGK GLEWIGFIWW 300
DDDKRYNPNL KSRVTMSVDT SKNQFSLKLS SVTAADTAVY YCARMELWSY 350
YFDYWGGQTL VTVSSGGGGS GGGSDIVMTQ SPDSLAVSLG ERATINCKSS 400
QSLLNARTGK NYLAWYQQKP GQPPKLLIYW ASTRESGVDP RFGSGSGGTD 450
FTLTISLQA EDVAVYYCKQ SYSRRTFSGG TKVEIKGGGG SGGGGSGGGG 500
SGGGGSQVQL VQSGAEVKKP GASVKVSCA SGFNIKDYIM HWVRQAPGQR 550
LEWMGWIDLE NANTIIDAKF QGRVTITRDT SASTAYMELS SLRSEDVAVY 600
YCARDAYGRY FYDVWGGQTL VTVSS 625

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 147-211 267-342 397-468 528-602

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

fimsosertibum
fimsosertib

4-{3-[[{2-amino-5-[2-(1-methylpiperidin-4-yl)-1,3-thiazol-5-yl]pyridin-3-yl]oxy)methyl]phenyl}-2-methylbut-3-yn-2-ol
antineoplastic

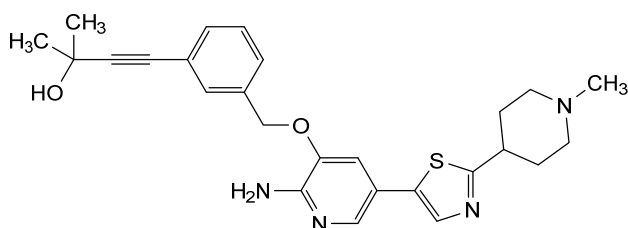
fimsosertib

4-{3-[[{2-amino-5-[2-(1-méthylpipéridin-4-yl)-1,3-thiazol-5-yl]pyridin-3-yl]oxy)méthyl]phényl}-2-méthylbut-3-yn-2-ol
antineoplasique

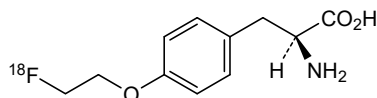
fimsosertib

4-{3-[[{2-amino-5-[2-(1-metilpiperidin-4-il)-1,3-tiazol-5-il]piridin-3-il]oxi)metil]fenil}-2-metilbut-3-in-2-ol
antineoplásico

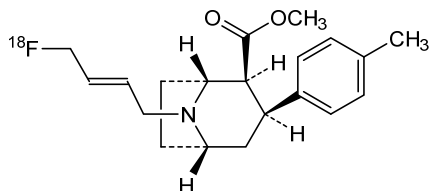
2380300-79-6

 $C_{26}H_{30}N_4O_2S$ **floretyrosinum (^{18}F)**floretyrosine (^{18}F)O-[2-(^{18}F)fluoroethyl]-L-tyrosine
*radiodiagnostic agent*florétyrosine (^{18}F)O-[2-(^{18}F)fluoroéthyl]-L-tyrosine
*agent de radiodiagnostic*floreirosina (^{18}F)O-[2-(^{18}F)fluoroetil]-L-tirosina
agente de radiodiagnóstico $C_{11}H_{14}^{18}FNO_3$

178433-03-9

**flutoltropoatum (^{18}F)**flutoltropoate (^{18}F)methyl (1*R*,2*S*,3*S*,5*S*)-8-[(2*E*)-4-(^{18}F)fluorobut-2-en-1-yl]-3-(4-methylphenyl)-8-azabicyclo[3.2.1]octane-2-carboxylate
*radiodiagnostic agent*flutoltropoate (^{18}F)(1*R*,2*S*,3*S*,5*S*)-8-[(2*E*)-4-(^{18}F)fluorobut-2-én-1-yl]-3-(4-méthylphényl)-8-azabicyclo[3.2.1]octane-2-carboxylate de méthyle
*agent de radiodiagnostic*flutoltropoato (^{18}F)(1*R*,2*S*,3*S*,5*S*)-8-[(2*E*)-4-(^{18}F)fluorobut-2-en-1-il]-3-(4-metilfenil)-8-azabicyclo[3.2.1]octano-2-carboxilato de metilo
agente de radiodiagnóstico $C_{20}H_{26}^{18}FNO_2$

940949-46-2



forazapadinum

forazapadin

(3*S*)-1-methyl-5-oxopyrrolidin-3-yl 4-{3-[2-(cyclopropyloxy)pyridin-3-yl]pyrazolo[1,5-*a*]pyrimidin-5-yl}piperazine-1-carboxylate
adaptor-associated kinase 1 (AAK1) inhibitor, Duchenne muscular dystrophy

forazapadine

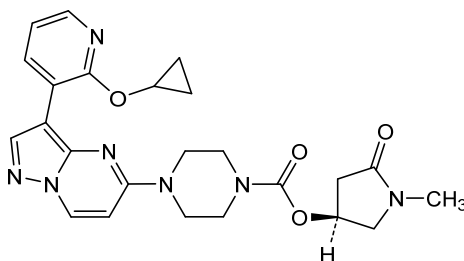
4-{3-[2-(cyclopropyloxy)pyridin-3-yl]pyrazolo[1,5-*a*]pyrimidin-5-yl}pipérazine-1-carboxylate de (3*S*)-1-méthyl-5-oxopyrrolidin-3-yle
inhibiteur de la kinase 1 associée à l'adaptateur (AAK1), dystrophie musculaire de Duchenne

forazapadina

4-{3-[2-(ciclopropiloxi)piridin-3-il]pirazolo[1,5-*a*]pirimidin-5-il]piperazina-1-carboxilato de (3*S*)-1-metil-5-oxopirrolidin-3-ilo
inhibidor de la quinasa 1 asociada al adaptador (AAK1), distrofia muscular de Duchenne

C₂₄H₂₇N₇O₄

3061827-86-6

**funopixantum**

funopixant

2-[2-cyano-5-oxo-8-(trifluoromethyl)pyrazolo[1,5-*a*]pyrido[3,2-*e*]pyrimidin-4(5*H*)-yl]-*N*-(5-fluoropyridin-2-yl)acetamide
purinoreceptor (P2X) antagonist, chronic cough

funopixant

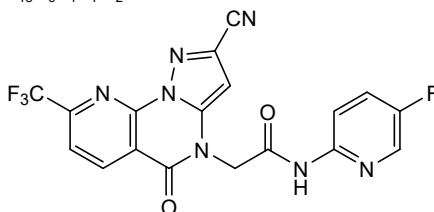
2-[2-cyano-5-oxo-8-(trifluorométhyl)pyrazolo[1,5-*a*]pyrido[3,2-*e*]pyrimidin-4(5*H*)-yl]-*N*-(5-fluoropyridin-2-yl)acétamide
antagoniste du purinorécepteur (P2X), toux chronique

funopixant

2-[2-ciano-5-oxo-8-(trifluorometil)pirazolo[1,5-*a*]pirido[3,2-*e*]pirimidin-4(5*H*)-il]-*N*-(5-fluoropiridin-2-il)acetamida
antagonista del purinoreceptore (P2X), tos crónica

C₁₈H₉F₄N₇O₂

2649318-40-9



furtisetabartum #

furtisetabart

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* BSG (basigin, Ok blood group antigen, extracellular matrix metalloproteinase inducer, EMMPRIN, CD147)], humanized monoclonal antibody; H-gamma4 heavy chain humanized (1-444) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*02 (89.8%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (90.9%) 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)], (131-214')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (88.4%) -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 (223-223":226-226")-bisdisulfide, produced in a cell line derived from Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa
antineoplastico

furtisétabart

immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* BSG (basigine, antigène du groupe sanguin Ok, inducteur de la métalloprotéinase de la matrice extracellulaire, EMMPRIN, CD147)], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde H-gamma4 humanisée (1-444) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*02 (89.8%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (90.9%) 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 (443-444)) (118-444)], (131-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (88.4%) -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 (223-223":226-226")-bisdisulfure, produite dans une lignée cellulaire dérivée des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa
antineoplasique

furtisetabart

inmunoglobulina G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* BSG (basigina, antígeno de grupo sanguíneo Ok, inductor de la metaloproteínasa de la matriz extracelular, EMMPRIN, CD147)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada H-gamma4 humanizada (1-444) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*02 (89.8%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (90.9%) 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)], (131-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (88.4%) -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 (223-223":226-226")-bisdisulfuro, producido en una línea celular derivada de las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa
antineoplásico

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H')
QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT SDFMHWVRQA PGQGLEWMGW 50
IYPGDGDEY NQKFQGRVTL TRDTSISTAY MELSLRSD TAVYYCARGR 100
GYVMDAWGQG TTVTVSSAST KGPSVFPLAP CSRSTSESTA ALGCLVKDYF 150
PEPVTVSWNS GALTSGVHTF PAVLQSSGLY SLSSVVTVPSSSLGKTYTC 200
NVDHKPSNTK VDKRVESEYK PPCPPCPAPE FLGGPSVFLF PPKPKDTLMI 250
SRTPEVTCTCV VDVSEDEPEV QFNWYVDGVE VHNAKTKPRE EQFNSTYRVV 300
SVLTVLHQDW LNKKEYKCKV SNKGLPSSIE KTISKAKGQP REPQVYTLPP 350
SQEEMTKNQV SLTCLVKGFY PSDIAVEWES NGQPENNYKT TPPVLDSDGS 400
FFLYSRITVD KSRWQEGNVF SCSVMHEALH NHYTQKSLSL SLGK 444

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L', L'')
DIQMTQSPSS LSASVGDRVT ITCRASQGIS NYLWVYQQKP GKAIKPLIYY 50
TSNLQSGVPS RFSGSGSGTD YTLTISSLQF EDFATYFCQQ YDSSPRTFGG 100
GKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY BREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSTLT 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"-96 144"-200 258"-318 364"-422
22"-96" 144"-200" 258"-318" 364"-422"
Intra-L (C23-C104) 23'-88' 134'-194'
23"-88"" 134""-194""
Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 131"-214' 131"-214"
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 > 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: 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"

gamsitabartum #
gamsitabart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* GD2 (disialoganglioside GD2)], monoclonal antibody;
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
antineoplastic

gamsitabart

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* GD2 (disialoganglioside GD2)]; anticorps monoclonal; 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 antinéoplasique

gamsitabart

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* GD2 (disialogangliósido GD2)]; anticuerpo monoclonal; 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 antineoplásico

3040339-17-8

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H")
EVQLVQSGAE VEKPGASVKI SCKASGSSFT GYNMNVWRQN IGKSLEWIGA 50
IDPYYGGTSY NQKFKGRATL TVDKSTSTAY MHLKSLRSED TAVYICVSGM 100
EYWQQTSTVT VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYFFPEPV 150
TVSWNSGALT SGVHTFPAPV QSSGLYSLS S VVTVPSSSLG TQTYICNVNH 200
KPSNTKVDKR VEPKSCDKTH TCPPCPAPPV AGPSVFLFPP KPKDTLMISR 250
TPEVTCVVVD VSHEDPEVKF NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ YNSTYRVVSV 300
LTVLHQDWLN GKEYKCAVSN KALPSSIEKT ISKAKQPRE PQVYTLPPSR 350
EEMTKNQVSL TCLVKGFPYS DIAVEWESNG QPENNYKTP PVLDSGGSFF 400
LYSKLTVDKS RWQQGNVFSC SVMHEALHNN YTQKSLSLSP G 441

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L")
DVVMTQTPLS LPVTPGEPAS ISCRSSQSLV HRNGNTYLHW YLQKPGQSPK 50
LLIHKNSRNF SGVPDRFSGS GSGTDFTLKI SRVEADLGV YFCSQSTHVP 100
PLTFTGAGTKL ELKRTVAAPS VFIFPPSDEQ LKSGTASVVC LLNNFYPREA 150
KVQWKVDNAL QSGNSQESVT EQDSKDSSTYS LSSTLTLSKA DYEEKHVYAC 200
EVTHQGLSSP VTKSFNRGEC 220

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 140-196 256-316 362-420
22"-96" 140"-196" 256"-316" 362"-420"
Intra-L (C23-C104) 23'-93' 140'-200'
23'''-93''' 140'''-200'''
Inter-H-L (h 5-CL 126) 216-220" 216"-220"
Inter-H-H (h 11, h 14) 222-222" 225-225"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4; 292, 292"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires
complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados

gamsitabartum tocentecanum #

gamsitabart tocentecan 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%) L12>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 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
antineoplastic

gamsitabart tocentécan

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* GD2 (disialoganglioside GD2)]; anticorps monoclonal, conjugué par huit résidus cystéinyle en moyenne au *tocentécan*, 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 1-{3-[(2-{5-[(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]quinolin-1-yl]carbamoyl}oxy)méthyl]-2-(β-D-glucopyranuronosyloxy)anilino]-2-oxoéthyl}amino]-3-oxopropyl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (*tocentécan*) antinéoplasique

gamsitabart tocentecán

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* GD2 (disialogangliósido GD2)]; anticuerpo monoclonal, conjugado por ocho residuos cisteinilo en promedio con *tocentecán*, que comprende un conector y un derivado de la camptotecina (*exatecán*); 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 1-{3-[(2-{5-[(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]quinolin-1-il]carbamoyl}oxi)metil]-2-(β-D-glucopirranuronosiloxi)anilino]-2-oxoetil}amino]-3-oxopropil]-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo (*tocentecán*) antineoplásico

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

```

EVQLVQSGAE VEKPGASVKI SCKASGSSFT GYNMNVWRQN IGKSLEWIGA 50
IDPYYGGTSY NQKFKGRATL TVDKSTSTAY MHLKSLRSED TAVIYCVSGM 100
EYWGGQTSVT VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYFPEPV 150
TVSWNSGALT SGVHTFPAVL QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH 200
KPSNTKVDKR VEPKSCDKTH TCPPCPAPPV AGPSVFLFPP KPKDTLMISR 250
TPEVTCVVVD VSHEDPEVKF NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ YNSTYRVVSV 300
LTVLHQDWLN GKEYKCAVSN KALPSSIEKT ISKAKGQPRE PQVYTLPPSR 350
EEMTKNQVSL TCLVKGFYPS DIAVEWESNG QPENNYKTTT PVLDSGDSFF 400
LYSKLTVDKS RWQQGNVFSC SVMHEALHNN YTQKSLSLSP G 441

```

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

```

DVVMTQTPLS LPVTPGEPAS ISCRSSQSLV HRNGNTYLHW YLQKPGQSPK 50
LLIHKVSNRF SGVPDRFSGS GSGTDFTLKI SRVEAEDLGV YFCSQSTHVP 100
PLTIFGAGTKL ELKRTVAAPS VFIFPPSDEQ LKSGTASVVC LLNNFYPREA 150
KVQWKVDNAL QSGNSQESVT EQDSKDSSTYS 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) 22-96 140-196 256-316 362-420
 22"-96" 140"-196" 256"-316" 362"-420"

Intra-L (C23-C104) 23'-93' 140'-200'
 23'''-93''' 140'''-200'''

Inter-H-L (h 5-CL 126)* 216-220' 216"-220'''

Inter-H-H (h 11, h 14)* 222-222" 225-225"

*The four inter-chain disulfide bridges are not present, an average of eight cysteinyl are conjugated, each via a thioester bond, to a drug linker.

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

*Los cuatro puentes disulfuro intercatenarios no están presentes, un promedio de ocho cisteinilo están conjugados, cada uno a través de un enlace tioéter, a un conector de fármaco.

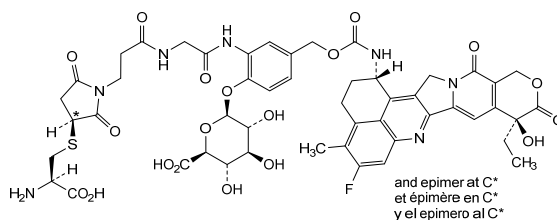
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 292, 292"

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 (216, 222, 225, 220', 216", 222", 225" and 220''')

*(tocentecan: mAb ~ 8:1)



gosicalcetidum
 gosicalcetide

N-acetyl-S-(L-cystein-S-yl)-D-cysteinyl-D-arginyl-D-arginyl-(2*R*)-2-aminobutanoyl-D-arginyl-D-alanyl-D-argininamide
calcium sensing receptor agonist

gosicalcétide

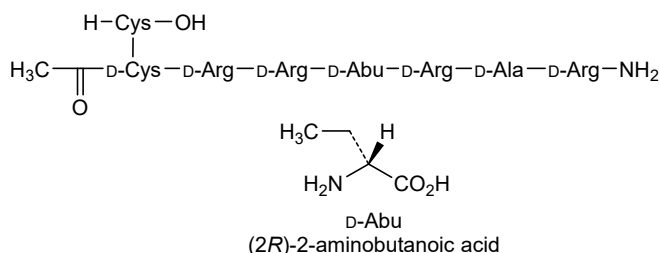
N-acétyl-S-(L-cystéin-S-yl)-D-cystéinyl-D-arginyl-D-arginyl-(2*R*)-2-aminobutanoyl-D-arginyl-D-alanyl-D-argininamide
agoniste du récepteur sensible au calcium

gosicalcetida

N-acetil-S-(L-cistein-S-il)-D-cisteinil-D-arginil-D-arginil-(2*R*)-2-aminobutanoil-D-arginil-D-alanil-D-argininamida
agonista del receptor sensor de calcio

$C_{39}H_{75}N_{21}O_{10}S_2$

2650595-42-7

**ibrilparantum**

ibrilparant

4-({2-[(cyclopropyloxy)methyl]-3'-ethoxy-2'-methyl[1,1'-biphenyl]-4-yl}amino)oxane-4-carboxylic acid
lysophosphatidic acid receptor 1 (LPAR1) antagonist, pulmonary fibrosis

ibrilparant

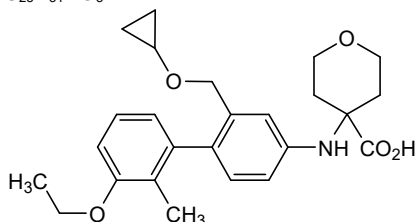
acide 4-({2-[(cyclopropyloxy)méthyl]-3'-éthoxy-2'-méthyl[1,1'-biphényl]-4-yl}amino)oxane-4-carboxylique
antagoniste du récepteur 1 de l'acide lysophosphatidique (LPAR1), fibrose pulmonaire

ibrilparant

ácido 4-({2-[(ciclopropiloxy)metil]-3'-etoxi-2'-metil[1,1'-bifenil]-4-il}amino)oxano-4-carboxílico
antagonista del receptor 1 del ácido lisofosfatídico (LPAR1), fibrosis pulmonar

 $C_{25}H_{31}NO_5$

2978107-47-8

**idapegfilgrastimum #**

idapegfilgrastim

human L-methionyl granulocyte colony-stimulating factor (Uniprot: Q6FH65) modified with one 4-[α-methylpoly(oxyethylene)-ω-oxy]butyl group at N2 of the N-terminal methionine, produced in *Escherichia coli* strain BL21 (DE3), not glycosylated
granulocyte colony-stimulating factor (G-CSF)

idapegfilgrastim

facteur de stimulation des colonies de granulocytes L-méthionyl humain (Uniprot: Q6FH65) modifié par un groupe 4-[α-méthylpoly(oxyéthylène)-ω-oxy]butyle au niveau du N2 de la méthionine N-terminale, produit dans la souche *Escherichia coli* BL21 (DE3), non glycosylé
facteur de stimulation des colonies de granulocytes (G-CSF)

idapegfilgrastim

factor estimulante de colonias de granulocitos L-metionil humano (Uniprot: Q6FH65), modificado con un grupo 4-[α-metilpoli(oxietileno)-ω-oxi]butilo en el N2 de la metionina N-terminal, producida en la cepa *Escherichia coli* BL21 (DE3), no glicosilada
factor estimulante de las colonias de granulocitos (G-CSF)

3060009-81-3

Sequence / Séquence / Secuencia

MTPLGPASSL PQSFLKCLE QVRKIQGDGA ALQEKLCATY KLCHPEELVL 50
 LGHSLGIPWA PLSSCPSQAL QLAGCLSQLH SGLFLYQGLL QALEGISPGL 100
 GPTLDTLQLD VADFATTIWQ QMEELGMAPA LQPTQGAMPA FASAFQRRAG 150
 GVLVASHLQS FLEVSRYVLR HLAQP 175

Mutation / Mutation / Mutación

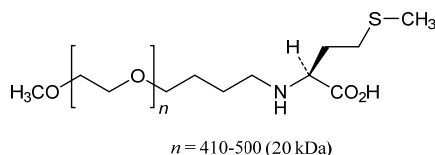
N-L-methionyl added (**M**¹)**Post-translational modifications**

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
 37-43, 65-75

Modified residues / résidus modifiés / restos modificados

M (1)

PEG-Met

**insulinum desanicum**

insulin desanic

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, Pedersen15,21,24,30,33,39,42,48,51-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)
hypoglycaemic

insuline désanic

insuline humaine (Uniprot: P01308) chaîne B, variante (T^{B30}>dél) liée avec un pont 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-oyl]-B30-dés-L-thréonine-insuline (humaine)
hypoglycémiant

insulina desanic

insulina humana (Uniprot: P01308) cadena B, variante (T^{B30}>del) unida mediante un puente 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-treonina-insulina (humana)
hipoglucemiante

C₃₁₆H₄₈₉N₇₁O₉₉S₆

3031417-92-9

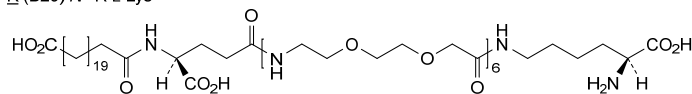
Sequence / Séquence / Secuencia

chain A / chaîne A / cadena A	GIVEQCCTSI	CSLYQLENYC	N	21
chain B / chaîne B / cadena B	FVNQHLCGSH	LVEALYLVCG	ERGFFYTPK	29

Mutation / Mutation / Mutación

T^{B30}>del

Modified residue / Résidu modifié / Residuo modificado

K (B29) N⁶-R-L-Lys**Post-translational modifications**

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

Inter-chain: insulin chain B → chain A: 7-7, 19-20

Intra-chain: insulin chain A: 6-11

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

None

insulinum ludefenum

insulin ludefen human insulin (Uniprot: P01308) B chain, variant (Y^{B16}>H, F^{B25}>H, T^{B30}>del) disulfide bridged to human insulin A chain, variant (Y^{A14}>E) modified at the C-terminus of the B chain with N^{6.B29}-[N-(21-carboxyhenicosanoyl)-L-γ-glutamyl-dodecakis[2-(2-aminoethoxy)ethoxy]acetyl]], produced in *Escherichia coli* strain W3110, not glycosylated

N^{6.B29}-[N-(21-carboxyhenicosanoyl)-L-γ-glutamyl-dodecakis[2-(2-aminoethoxy)ethoxy]acetyl]][Y^{A14}>E, Y^{B16}>H, F^{B25}>H]-B30-des-L-threonine-insulin (human hypoglycaemic

insuline ludéfen insuline humaine (Uniprot: P01308) chaîne B, variante (Y^{B16}>H, F^{B25}>H, T^{B30}>del) pontée par une liaison 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-glutamyl-dodécakis[2-(2-aminoéthoxy)éthoxy]acétyle]], produite dans la souche *Escherichia coli* W3110, non glycosylée

N^{6.B29}-[N-(21-carboxyhénicosanoyl)-L-γ-glutamyl-dodécakis[2-(2-aminoéthoxy)éthoxy]acétyle]][Y^{A14}>E, Y^{B16}>H, F^{B25}>H]-B30-dés-L-thréonine-insuline (humaine hypoglycémiant

insulina ludefén insulina humana (Uniprot: P01308) cadena B, variante (Y^{B16}>H, F^{B25}>H, T^{B30}>del) unida por un puente 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-glutamyl-dodecakis[2-(2-aminoetoxi)etoxi]acetilo]], producida en la cepa *Escherichia coli* W3110, no glicosilada

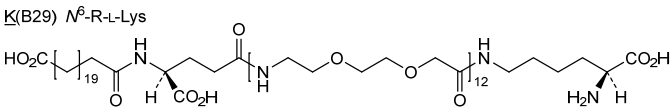
N^{6.B29}-[N-(21-carboxihenicosanoil)-L-γ-glutamildodecakis[2-(2-aminoetoxi)etoxi]acetil]][Y^{A14}>E, Y^{B16}>H, F^{B25}>H]-B30-des-L-treonina-insulina (humana hipoglucemiante

C₃₄₂H₅₄₉N₈₁O₁₁₇S₆ 2975655-22-0
Sequence / Séquence / Secuencia

chain A / chaîne A / cadena A GIVEQCCTSI CSLEOLENYC N 21
chain B / chaîne B / cadena B FVNQHLCGSH LVEALHLVCG ERGEHYTPK 29

Mutation / Mutation / Mutación
Y^{A14}>E, Y^{B16}>H, F^{B25}>H, T^{B30}>del

Modified residue / Résidu modifié / Residuo modificado



Post-translational modifications

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

Inter-chain: insulin chain B → chain A: 7-7, 19-20

Intra-chain: insulin chain A: 6-11

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
None

iptocigistatum
iptocigistat

4-[(1,3-dimethoxypropan-2-yl)amino]-3-methoxy-N-[5-(5-methyl-1H-pyrazol-1-yl)-1,3,4-thiadiazol-2-yl]-2-oxo-2H-pyran-6-carboxamide
cyclic GMP-AMP synthase (cGAS) inhibitor, anti-inflammatory

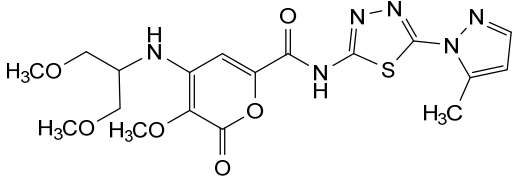
iptocigistat

4-[(1,3-diméthoxypropan-2-yl)amino]-3-méthoxy-N-[5-(5-méthyl-1H-pyrazol-1-yl)-1,3,4-thiadiazol-2-yl]-2-oxo-2H-pyran-6-carboxamide
inhibiteur de la synthèse de GMP-AMP cyclique (cGAS), anti-inflammatoire

iptocigistat

4-[(1,3-dimetoxipropan-2-il)amino]-3-metoxi-N-[5-(5-metil-1H-pirazol-1-il)-1,3,4-tiadiazol-2-il]-2-oxo-2H-piran-6-carboxamida
inhibidor de la sintasa de GMP-AMP cíclico (cGAS), antiinflamatorio

C₁₈H₂₂N₆O₆S 3047739-67-0



iteretgenum parvecum #
iteretgene parvec

recombinant non-replicating adeno-associated virus serotype 2 (rAAV2) vector encoding codon-optimised human retinal pigment epithelium-specific 65 kDa protein (RPE65; retinoid isomerohydrolase) under control of the human ubiquitin C promoter and a chimeric human ubiquitin C/rabbit β-globin intron, and a human growth hormone polyadenylation signal; flanked by AAV2 inverted terminal repeats (ITRs)
gene therapy (retinal dystrophy)

itéretgène parvec

vecteur recombinant non réplcatif du virus adéno-associé de sérotype 2 (rAAV2) codant, avec des codons optimisés, une protéine de 65 kDa spécifique de l'épithélium pigmentaire de la rétine humaine (RPE65; isomérohydrolase rétinolide) sous le contrôle du promoteur de l'ubiquitine C humaine et d'un intron chimérique d'ubiquitine C humaine/ β -globine de lapin, et d'un signal de polyadénylation de l'hormone de croissance humaine; flanqué de répétitions terminales inversées (ITRs) d'AAV2
thérapie génique (dystrophie rétinienne)

iteretgén parvec

vector de virus adenoasociado del serotipo 2 recombinante (rAAV2), no replicativo, que codifica, con codones optimizados, la proteína de 65 kDa específica del epitelio pigmentario de la retina humana (RPE65; isomerohidrolasa retinoide) bajo el control del promotor de la ubiquitina C humana y un intrón quimérico de la ubiquitina C humana/ β -globina de conejo, y una señal de poliadenilación de la hormona de crecimiento humana; flanqueado por repeticiones terminales invertidas (ITRs) del AAV2
terapia génica (distrofia retiniana)

2964417-31-8

ivuparibum

ivuparib

(4aR)-3-[(7-ethyl-6-oxo-5,6-dihydro-1,5-naphthyridin-3-yl)methyl]-N-methyl-1,2,3,4,4a,5-hexahydro-7H-pyrazino[2,1-c]pyrido[3,2-e][1,4]oxazepine-9-carboxamide
poly (ADP-ribose) polymerase (PARP) inhibitor, antineoplastic

ivuparib

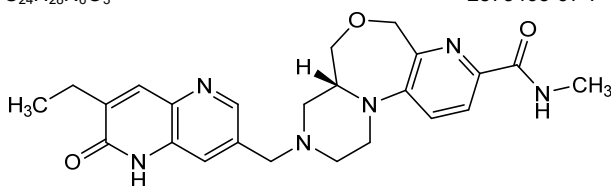
(4aR)-3-[(7-éthyl-6-oxo-5,6-dihydro-1,5-naphtyridin-3-yl)méthyl]-N-méthyl-1,2,3,4,4a,5-hexahydro-7H-pyrazino[2,1-c]pyrido[3,2-e][1,4]oxazépine-9-carboxamide
inhibiteur de poly-ADP-ribose polymérase (PARP), antinéoplasique

ivuparib

(4aR)-3-[(7-etil-6-oxo-5,6-dihidro-1,5-naftiridin-3-il)metil]-N-metil-1,2,3,4,4a,5-hexahidro-7H-pirazino[2,1-c]pirido[3,2-e][1,4]oxazepina-9-carboxamida
inhibidor de poli-ADP-ribosa polimerasa (PARP), antineoplásico

 $C_{24}H_{28}N_6O_3$

2873463-97-7

**ladarutatumum #**

ladarutatum

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* AXL (AXL receptor tyrosine kinase, tyrosine-protein kinase receptor UFO)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-444) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*21 (86.0%) -(IGHD) -IGHJ3*02 (86.7%) Q120>E (108), M123>L (111), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116) - *Homo sapiens* IGHG1*01v, G1m17,1>G1m3,1 CH1 R120, CH3 D12,

L14 (CH1 R120 (213) (117-214), hinge 1-15 (215-229), CH2 (230-339), CH3 D12 (355), L14 (357) (340-444), CHS G1>del, K2>del) (117-444)], (219-220')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (85.1%) -IGKJ1*01 (91.7%) Q120>S (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 (225-225": 228-228")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-S, glycoform alfa
antineoplastic

ladarutatug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* AXL (récepteur tyrosine kinase AXL, récepteur tyrosine-protéine kinase UFO)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;
chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens* (1-444) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*21 (86.0%) -(IGHD) -IGHJ3*02 (86.7%) Q120>E (108), M123>L (111), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116) -*Homo sapiens* IGHG1*01v, G1m17,1>G1m3,1 CH1 R120, CH3 D12, L14 (CH1 R120 (213) (117-214), charnière 1-15 (215-229), CH2 (230-339), CH3 D12 (355), L14 (357) (340-444), CHS G1>del, K2>del) (117-444)], (219-220')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (85.1%) -IGKJ1*01 (91.7%) Q120>S (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 (225-225": 228-228")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-S, glycoforme alfa
antinéoplasique

ladarutatug

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* AXL (receptor tirosina kinasa AXL, receptor tirosina-protéina kinasa UFO)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*;
cadena pesada H-gamma1 *Homo sapiens* (1-444) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*21 (86.0%) -(IGHD) -IGHJ3*02 (86.7%) Q120>E (108), M123>L (111), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116) -*Homo sapiens* IGHG1*01v, G1m17,1>G1m3,1 CH1 R120, CH3 D12, L14 (CH1 R120 (213) (117-214), bisagra 1-15 (215-229), CH2 (230-339), CH3 D12 (355), L14 (357) (340-444), CHS G1>del, K2>del) (117-444)], (219-220')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa *Homo sapiens* (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (85.1%) -IGKJ1*01 (91.7%) Q120>S (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 (225-225": 228-228")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-S, forma glicosilada alfa
antineoplásico

3075939-11-3

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H")
QVQLVQSGGG VVQPGRLRL SCAASGFSFS FFGIHWIRQA PGKGLEWVAF 50
TSRDGNDKYY ADSVKGRFTI SKDNSKNTVY LQMNSLRAED TAVYYCGRGN 100
LAFDIWGGEG LVTVSSASTK GPSVFPLAPS SKSTSGGTAA LGCLVKDYFP 150
EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP AVLQSSGLYS LSSVVTVPSS SLGTQTYICN 200
VNHKPSNTKV DKRVEPKSCD KTHTCPPCPA PELLGGPSVF LFPPKPKDTL 250
MISRTPEVTC VVVDVSHEDP EVKFNWYVDG VEVHNAKTTP REEQYNSTYR 300
VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC KVSNKALPAP IEKTISKAKG QPREPQVYTL 350
PPSRDELTKN QVSLTCLVKG FYPSDIAVEW ESNQGPENNY KTTFPVLDS 400
GSFFLYSKLT VDKSRWQQGN VFSCSVMHEA LHNHYTQKSL SLSP 444

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L', L'")
DIVMTQSPDS LTASAGERAT INCKSSQSVL LSAHQKNYLA WYQKPGQSP 50
RLLIYWASTR ESGVDPDRFSG SGSGTDFTLT ISNLQPEDAA VYYCHQGYTL 100
PWTFGSGTKV EIKRTVAAPS VFIFPPSDEQ LKSGTASVVC LLNNFYPREA 150
KVQWKVDNAL QSGNSQESVT EQDSKDTYS 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) 22-96 143-199 260-320 366-424
22"-96" 143"-199" 260"-320" 366"-424"
Intra-L (C23-C104) 23"-94" 140"-200"
23"-94" 140"-200"
Inter-H-L (h 5-CL 126) 219-220' 219"-220"
Inter-H-H (h 11, h 14) 225-225" 228-228"

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-oxoprolylo)
HVVH 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

lanosteroli salicylas
lanosterol salicylate

lanosta-8,24-dien-3β-yl 2-hydroxybenzoate
protein aggregation inhibitor

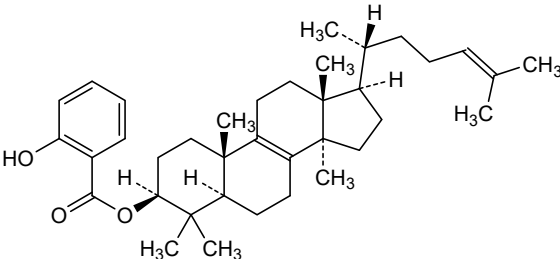
salicylate de lanostérol

2-hydroxybenzoate de lanosta-8,24-dién-3β-yle
inhibiteur d'agrégation protéique

salicilato de lanosterol

2-hidroxibenzoato de lanosta-8,24-dien-3β-ilo
inhibidor de la agregación de proteínas

C₃₇H₅₄O₃ 2241299-91-0



lemiretprocelum
lemiretprocel

allogeneic human induced pluripotent stem cell (iPSC)-derived photoreceptor precursor (PRP) cells. The iPSCs were obtained via the reprogramming of allogeneic human peripheral blood mononuclear cells (PBMCs) using episomal DNA plasmids, and culture expanded.

The process starts with iPSCs from a cryopreserved working cell bank, expanded on vitronectin-coated vessels in basal medium containing a rho-kinase (ROCK) inhibitor. The cells are then cultured in basal medium containing an anaplastic lymphoma kinase (ALK) inhibitor, a casein kinase 1 (CK1) inhibitor, a mitogen-activated protein kinase (MEK) inhibitor and insulin-like growth factor 1 (IGF-1), first in the presence of a bone morphogenic protein (BMP) inhibitor and then in the same medium but without the inhibitor (ectoderm and retinal differentiation). Subsequently, the cells are expanded in medium containing a recombinant endonuclease, niacinamide and a myosin II inhibitor (retinal progenitor aggregate formation). The cells eventually undergo a commitment towards neural retinal patterning in medium supplemented with niacinamide and a gamma secretase inhibitor (DAPT) followed by medium without DAPT. The retinal progenitor cells are then further expanded on human laminin-coated vessels, matured by niacinamide and DAPT, and cultured sequentially first in medium with a selective cyclin D kinase (CDK) 4 and 6 inhibitor and then in medium without CDK inhibitor. Ultimately, the cells are enriched through immunoselection for CD133-positive cells, before being placed back in culture to generate cell aggregates.

The final cell population comprises photoreceptor precursor cells that are ≥90% positive for aryl hydrocarbon receptor interacting protein like 1 (AHL1) and ≥90% positive for recoverin (RCVRN). The differentiated photoreceptors express ≥20% and ≤60% protein phosphatase 4 regulatory subunit 4 (PPP4R4) and are positive for the nuclear receptor subfamily 2 group E member 3 (NR2E3). The cells have low levels of contaminating retinal cells (Ceh-10 homeodomain-containing homolog [CHX10] ≤7%; paired box protein Pax-6 [PAX6] ≤7%; tyrosine related protein 1 [TYRP1] ≤0.5%; and Ki-67 ≤0.5%). Residual iPSCs are below the detection limit as analyzed by droplet digital polymerase chain reaction (ddPCR) analysis
cell therapy (retinal dystrophies)

lémiretprocel

cellules précurseurs de photorécepteurs (PRP) dérivées de cellules souches pluripotentes induites humaines allogéniques (CSPi). Les CSPi ont été obtenues par reprogrammation de cellules mononucléaires du sang périphérique (CMSP) humaines allogéniques à l'aide de plasmides d'ADN épisomique, puis multipliées en culture. Le processus commence avec des CSPi issues d'une banque de cellules fonctionnelles cryoconservées, multipliées sur des vaisseaux recouverts de vitronectine dans un milieu de base contenant un inhibiteur de la protéine kinase associée à Rho (ROCK). Les cellules sont ensuite cultivées dans un milieu de base contenant un inhibiteur de la kinase du lymphome anaplasique (ALK), un inhibiteur de la caséine kinase 1 (CK1), un inhibiteur de la protéine kinase activée par les mitogènes (MEK) et du facteur de croissance analogue à l'insuline 1 (IGF-1), d'abord en présence d'un inhibiteur de la protéine morphogénique osseuse (BMP), puis dans le même milieu, mais sans cet inhibiteur (différenciation ectodermique et rétinienne). Par la suite, les cellules sont multipliées dans un milieu contenant une endonucléase recombinante, du niacinamide et un inhibiteur de la myosine II (formation d'agrégats de progéniteurs rétiniens). Les cellules s'engagent subséquemment vers une structuration rétinienne neuronale dans un milieu supplémenté en niacinamide et en inhibiteur de la gamma-sécrétase (DAPT), puis dans un milieu sans DAPT. Les cellules progénitrices rétiniennes sont ensuite multipliées sur des vaisseaux recouverts de laminine humains, maturées par niacinamide et DAPT, puis cultivées séquentiellement, d'abord dans un milieu contenant un inhibiteur sélectif des cyclines D kinases (CDK) 4 et 6, puis dans un milieu sans inhibiteur de CDK. Enfin, les cellules sont

enrichies par immunosélection pour les cellules CD133-positives, avant d'être remises en culture pour générer des agrégats cellulaires. La population cellulaire finale comprend des cellules précurseurs de photorécepteurs, positives à $\geq 90\%$ pour la protéine interagissant avec les récepteurs des aryl-hydrocarbures (AIPL1) et à $\geq 90\%$ pour la recoverine (RCVRN). Les photorécepteurs différenciés expriment $\geq 20\%$ et $\leq 60\%$ de la sous-unité régulatrice 4 de la protéine phosphatase 4 (PPP4R4), et sont positifs pour le membre 3 du groupe E de la sous-famille 2 des récepteurs nucléaires (NR2E3). Les cellules présentent de faibles niveaux de cellules rétinienne contaminantes (homologue contenant l'homéodomaine Ceh-10 [CHX10] $\leq 7\%$; protéine à boîte appariée Pax-6 [PAX6] $\leq 7\%$; protéine apparentée à la tyrosine 1 [TYRP1] $\leq 0.5\%$; et Ki-67 $\leq 0.5\%$). Les CSPi résiduelles sont inférieures à la limite de détection, telles qu'analysées par réaction en chaîne par polymérase numérique en gouttelettes (ddPCR)

thérapie cellulaire (dystrophies rétiniennes)

lemiretprocel

células precursoras de fotorreceptores (PRP) derivadas de células madre pluripotentes inducidas (iPSC) humanas alogénicas. Las iPSC se obtuvieron mediante reprogramación de células mononucleares de sangre periférica (PBMCs) usando plásmidos de ADN episomales y expandiéndolas en cultivo. El proceso empieza con iPSCs de un banco de células de trabajo criopreservadas, expandidas en recipientes forrados de vitronectina en medio basal que contiene inhibidor de la rho-quinasa (ROCK). A continuación, las células se cultivan en medio basal que contiene un inhibidor de la quinasa del linfoma anaplásico (ALK), un inhibidor de la caseína quinasa 1 (CK1), un inhibidor de la proteína quinasa activada por mitógeno (MEK) y factor de crecimiento similar a insulina 1 (IGF-1), primero en presencia de un inhibidor de la proteína morfogénica de hueso (BMP) y después en el mismo medio pero sin el inhibidor (diferenciación ectodérmica y retinal). Las células subsecuentemente se expanden en medio que contiene una endonucleasa recombinante, niacinamida y un inhibidor de miosina II (formación de agregados de progenitores retinianos). Posteriormente, las células experimentan un compromiso al patrón retinal neural en medio suplementado con niacinamida y un inhibidor de la gamma secretasa (DAPT) seguido por medio sin DAPT. Las células progenitoras retinales a continuación se expanden más en recipientes forrados de laminina humana, se maduran con niacinamida y DAPT y se cultivan secuencialmente primero en medio con un inhibidor selectivo de ciclina D quinasa (CDK) 4 y 6 y después en medio sin inhibidor de CDK. Por último, las células se enriquecen mediante inmunoselección de células CD133 positivas antes de ser colocadas de nuevo en cultivo para generar agregados celulares. La población celular final consta de células precursoras de fotorreceptores que son $\geq 90\%$ positivas para la proteína tipo 1 de interacción con el receptor de hidrocarburos de arilo (AIPL1) y $\geq 90\%$ positivas para recoverina (RCVRN). Los fotorreceptores diferenciados expresan $\geq 20\%$ y $\leq 60\%$ la subunidad reguladora 4 de la proteína fosfatasa 4 (PPP4R4) y son positivas para el miembro 3 grupo E de la subfamilia 2 del receptor nuclear (NR2E3). Las células tienen bajos niveles de células retinales contaminantes ($\leq 7\%$ homólogo que contiene un homeodominio Ceh-10 [CHX10]; $\leq 7\%$ proteína de caja pareada Pax-6 [PAX6]; $\leq 0.5\%$ proteína relacionada con tirosina 1 [TYRP1]; y $\leq 0.5\%$ Ki-67). Las iPSC residuales están por debajo del límite de detección analizadas por reacción en cadena de la polimerasa digital de gotas (ddPCR)

terapia celular (distrofia retiniana)

lemuplamor

lemuplamor

(2*S*)-2,5-bis[(2*R*,3*S*)-2-[(3*E*)-4,8-dimethylnona-3,7-dien-1-yl]-3,5-dihydroxy-2-methyl-7-oxo-3,4,7,9-tetrahydropyrano[2,3-*e*]isoindol-8(2*H*)-yl]pentanoic acid;
orniabin (*Stachybotrys microspora* triprenylphenol 7, SMTP-7)
plasminogen positive modulator, ischaemic stroke

lémuplamor

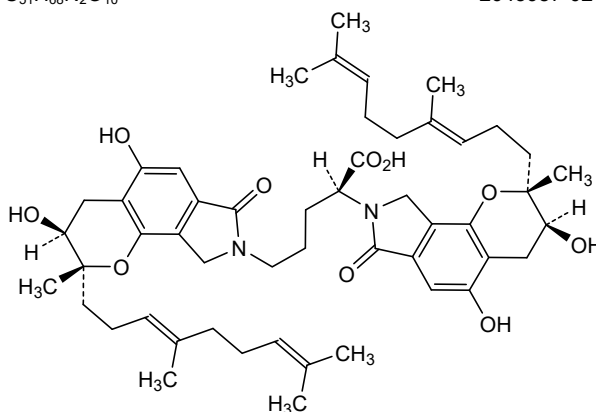
acide (2*S*)-2,5-bis[(2*R*,3*S*)-2-[(3*E*)-4,8-diméthylnona-3,7-dién-1-yl]-3,5-dihydroxy-2-méthyl-7-oxo-3,4,7,9-tétrahydropyrano[2,3-*e*]isoindol-8(2*H*)-yl]pentanoïque;
orniabin (*Stachybotrys microspora* triprénylphénol-7, SMTP-7)
modulateur positif du plasminogène, accident vasculaire cérébral ischémique

lemuplamor

ácido (2*S*)-2,5-bis[(2*R*,3*S*)-2-[(3*E*)-4,8-dimetilnona-3,7-dien-1-il]-3,5-dihidroxi-2-metil-7-oxo-3,4,7,9-tetrahidropirano[2,3-*e*]isoindol-8(2*H*)-il]pentanoico;
orniabin (*Stachybotrys microspora* triprenilfenol-7, SMTP-7)
modulador positivo del plasminógeno, accidente vascular cerebral isquémico

C₅₁H₆₈N₂O₁₀

2643987-02-2

**lexosiranum**

lexosiran

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-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroguanlyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorouridylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(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-methyluridylyl-(5'→3')-2'-O-methyladenylyl-(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'-O-methylcytidylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluorocytidylyl-(5'→3')-2'-O-methyladenylyl-(5'→3')-2'-O-methyladenylyl-(5'→3')-2'-O-methyluridylyl-(5'→3')-2'-O-methyladenylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluorouridylyl-(5'→3')-2'-O-methylguanylyl-(5'→3')-2'-O-methyladenylyl-(5'→3')-2'-O-methylguanylyl-(5'→3')-2'-O-methyl-P-thioadenylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoro-P-thiouridylyl-(5'→3')-2'-O-methyluridine
angiopoietin-related protein 3 synthesis reducer, antihyperlipidaemic

léxosiran

O-[(2R,3S)-2-(hydroxyméthyl)oxolan-3-yl] hydrogène *tout-P-ambo-5'-O-([[(2R,3S)-3-[[[1-(1-[(2-acétamido-2-désoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]-9,13-bis{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-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladenylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladenylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladenylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladenylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroguanilyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluorouridylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroadénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladenylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladenylyl-(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-méthyluridylyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridylyl-(5'→3')-2'-O-méthylcytidylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluorocytidylyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluorouridylyl-(5'→3')-2'-O-méthylcytidylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluorocytidylyl-(5'→3')-2'-O-méthyladenylyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridylyl-(5'→3')-2'-O-méthyladenylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluorouridylyl-(5'→3')-2'-O-méthylguanylyl-(5'→3')-2'-O-méthyladenylyl-(5'→3')-2'-O-méthylguanylyl-(5'→3')-2'-O-méthyl-P-thioadenylyl-(5'→3')-2'-O-méthylguanylyl-(5'→3')-2'-O-méthyl-P-thioadenylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoro-P-thiouridylyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridine*
*réducteur de la synthèse de la protéine 3 apparentée à l'angiopoïétine, antihyperlipidémique**

lexosirán

O-[(2R,3S)-2-(hidroximetil)oxolan-3-il] hidrógeno *todo-P-ambo-5'-O-([[(2R,3S)-3-[[[1-(1-[(2-acetamido-2-desoxi-β-D-galactopiranosil)oxi]-9,13-bis{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}{sulfanil}fosforil]oxi)oxolan-2-il]metoxi}{sulfanil}fosforil)-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroguanilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorouridilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroadenilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(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-metiluridilil-(5'→3')-2'-O-metiladenilil-(5'→3')-2'-O-metilcitidilil**

(-5'→3')-2'-desoxi-2'-fluorocitidilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluorouridilil-(5'→3')-2'-O-metilcitidilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluorocitidilil-(5'→3')-2'-O-metiladenilil-(5'→3')-2'-O-metiladenilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-2'-O-metiladenilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluorouridilil-(5'→3')-2'-O-metilguanilil-(5'→3')-2'-O-metiladenilil-(5'→3')-2'-O-metilguanilil-(5'→3')-2'-O-metil-*P*-tioadenilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluoro-*P*-tiouridilil-(5'→3')-2'-O-metiluridina
reductor de la síntesis de la proteína 3 relacionada con la angiopoyetina, antihiperlipidémico

$$\text{C}_{498}\text{H}_{666}\text{F}_8\text{N}_{163}\text{O}_{314}\text{P}_{43}\text{S}_7$$

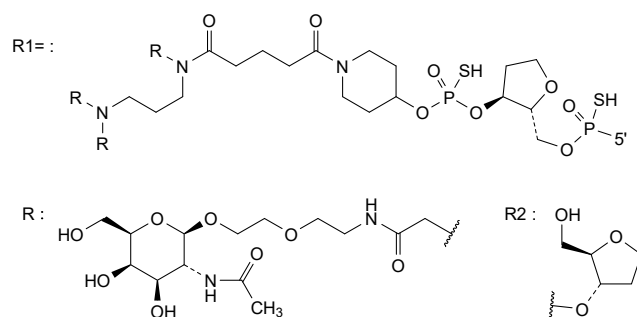
3078403-66-1

5' R1=G-A-A-U-G-G-A-A-G-G-U-U-A-U-A-C-U-C-U-A-A=R2 3'
 • • • • • • • • • • • • • • • •
 3' C=U=U-A-C-C-U-U-C-C-A-A-U-A-U-G-A-G-A=U=U 5'

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

$$- : -\text{PO}(\text{OH})- = : -\text{PO}(\text{SH})-$$


lexucitugum #

lexucitug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD93 (complement component C1q receptor 1, C1qR1)], humanized monoclonal antibody:

H-gamma1 heavy chain humanized (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (86.7%) -[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*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)], (223-218')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-218') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-5*03 (86.5%) -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 (229-229":232-232")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa antineoplastic

léxucitug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD93 (récepteur 1 du composant du complément C1q, C1qR)], anticorps monoclonal humanisé;
chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (86.7%) -(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*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)), (223-218')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-218') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-5*03 (86.5%) -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 (229-229":232-232")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa antineoplásique

lexucitug inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD93 (receptor 1 del componente del complemento C1q, C1qR1)], anticuerpo monoclonal humanizado;
cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-450) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-46*01 (86.7%) -(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*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)), (223-218')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-218') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-5*03 (86.5%) -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 (229-229":232-232")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa antineoplásico

3058391-51-5

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H")
QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SKASGYTFT SYWMHWVRQA PGQGLEWMGE 50
IDPSASYTTY NQKFKGRVIM TRDKSSSTVY MELSSLTSED SAVYYCARSV 100
YGNKYFDVW GAGTTTVVSS ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK 150
DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT 200
YICNVNHKPS NTKVDKKVEP KSCDKTHTCP PCPAPELLGG PSVFLFPPKP 250
KDTLMISRTPEVTCVVDVDS HEDPEVKENW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN 300
STYRVVSVLT VLHQDWLNGK EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ 350
VYTLPPSRDE LTKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPPV 400
LSDGSGFFLY SKLTVDKSRW QQGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPGK 450

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L")
DIQMTQSPST LSASVGDRVT ITCKASQSVY YAGDSYMNWY QQKPGKAPKL 50
LIYAASNLDS GVPSRFGSGG SGTEFTLTIS SLQPDDEFTY YCQQTNDNDR 100
TFGGGTGLEI KRTVAAPSVF IFPPSDEQLK SGTASVVCLL NNFYPREAKV 150
QWKVDNALQS GNSQESVTEQ DSKDSTYSLT 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) 22-96 147-203 264-324 370-428
22"-96" 147"-203" 264"-324" 370"-428"
Intra-L (C23-C104) 23'-92' 138'-198'
23'''-92''' 138'''-198'''
Inter-H-L (h 5-CL 126) 223-218" 223"-218"
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-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: 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"

licancopanum

licancopan

4-[(1*S*,3*S*,5*R*)-3-ethoxy-8-[(5-methoxy-7-methyl-1*H*-indol-4-yl)methyl]-8-azabicyclo[3.2.1]octan-1-yl]benzoic acid
complement factor B inhibitor

licancopan

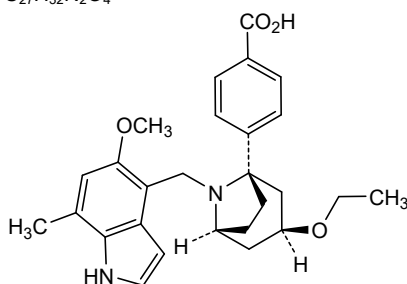
acide 4-[(1*S*,3*S*,5*R*)-3-éthoxy-8-[(5-méthoxy-7-méthyl-1*H*-indol-4-yl)méthyl]-8-azabicyclo[3.2.1]octan-1-yl]benzoïque
inhibiteur du facteur B du complément

licancopán

ácido 4-[(1*S*,3*S*,5*R*)-3-etoxi-8-[(5-metoxi-7-metil-1*H*-indol-4-il)metil]-8-azabicyclo[3.2.1]octan-1-il]benzoico
inhibidor del factor B del complemento

C₂₇H₃₂N₂O₄

2792727-20-7

**lifonebartum #**

lifonebart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TREM2 (triggering receptor expressed on myeloid cells 2)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*02 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 1-G1v66 CH2 A27, 6-G1v4 CH2 A114, 9-G1v24 CH3 L107, S114 (CH1 R120 (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 D27>A (267), P114>A (331) (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360), M107>L (430), N114>S (436) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-215')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (91.6%) -IGKJ1*01 (100%), 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 (228-228'':231-231'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
immunomodulator, amyotrophic lateral sclerosis

lifonebart

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TREM2 (récepteur déclenchant exprimé sur les cellules myéloïdes 2)]; anticorps monoclonal *Homo sapiens*;
chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens* (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*02 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 1-G1v66 CH2 A27, 6-G1v4 CH2 A114, 9-G1v24 CH3 L107, S114 (CH1 R120 (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 D27>A (267), P114>A (331) (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360), M107>L (430), N114>S (436) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-215')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (91.6%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.10] (27'-32'.50'-52'.89'-98'') (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3

lifonebart

A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (154'), V101 (192')) (109'-215'))];
dimère (228-228":231-231")-bisdisulfure, produit dans des cellules
ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1,
glycoforme alfa
immunomodulateur, sclérose latérale amyotrophique

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TREM2 (receptor
activador expresado en las células mieloides 2)]; anticuerpo
monoclonal *Homo sapiens*;
cadena pesada H-gamma1 *Homo sapiens* (1-449) [VH (*Homo
sapiens* IGHV1-2*02 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT
[8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03,
G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 1-G1v66 CH2 A27, 6-
G1v4 CH2 A114, 9-G1v24 CH3 L107, S114 (CH1 R120 (216) (120-
217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 D27>A (267), P114>A (331) (233-
342), CH3 E12 (358), M14 (360), M107>L (430), N114>S (436) (343-
447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-215')-disulfuro con la cadena
ligera L-kappa *Homo sapiens* (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens*
IGKV1-16*01 (91.6%) -IGKJ1*01 (100%), 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'))];
dímero (228-228":231-231")-bisdisulfuro, producido en las células
ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma
glicosilada alfa
immunomodulator, esclerosis lateral amiotrófica

3056296-07-9

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

QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT GYHMSWVRQA PGQGLEWMGV 50
INPVSGNTVY AQKFQGRVTM TRDTSISTAY MELSRLRSED TAVYYCARIP 100
SYTYAFDYWG QGTLVTSSA STKGPSVFPL APSKSTSGG TAALGCLVLD 150
YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFPVQLQSSG LYSLSVTVV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHKPSN TKVDKRVPEK SCCKTHTCPP CPAPELLGGP SVFLFPPKPK 250
DTLMISRTPE VTCVVVAVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLTV LHQDNLNGKE YKCKVSNKAL AAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
YTLPPSREEM TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL 400
DSGSEFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSCSVL HEALHSHYTQ KSLSLSPGK 449

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

DIQMTQSPSS LSASVGRDRT ITCRASQDIS NYLAWYQQKP GKAPKLLIYR 50
ASSLQSGVPS RFSGSGSGTD FTLTISSLQP EDFATYYCFQ YRHMPSPQFG 100
QGTKVEIKRT VAAPSVFIFP PSDEQLKSGT ASVVCLLNMF YPREAKVQWK 150
VDNALQSGNS QESVTEQDSK DSTYLSSTLT TLSKADYEKH KRYACEVTHQ 200
GLSSPVTKSF NRGEK 215

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" 135'-195'
23"'-88"' 135"'-195'"
Inter-H-L (h 5-CL 126) 222-215' 222"-215"
Inter-H-H (h 11, h 14) 228-228" 231-231"

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 YH 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 biantennarios complejos fucosilados

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

linepematum
linepemat

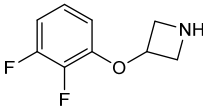
3-(2,3-difluorophenoxy)azetidine
nootrope

linépémat 3-(2,3-difluorophénoxy)azétidine
nootrope

linepemat 3-(2,3-difluorofenoxi)azetidina
nootropo

C₉H₉F₂NO

1211876-03-7



linvixdutidum
linvixdutide

L-histidyl-2-methylalanyl-L-histidylglycyl-L-threonyl-L-phenylalanyl-L-threonyl-L-seryl-L- α -aspartyl-L-tyrosyl-L-seryl-L-lysyl-L-tyrosyl-L-leucyl-L- α -aspartyl-L-alanyl-L-lysyl-L-arginyl-L-alanyl-L-glutaminy-L- α -glutamyl-L-phenylalanyl-L-isoleucyl-L- α -glutamyl-L-tryptophyl-L-leucyl-L-leucyl-L-glutaminy-L-seryl-L-glutaminy-L-glutaminy-L-histidyl-L- α -glutamyl-L-seryl-L-prolyl-L-prolyl-L-prolyl-L-N⁶-[N-(19-carboxynonadecanoyl)-L- γ -glutamyl]-L-lysine
glucagon and glucagon-like peptide 1 (GLP-1) receptor agonist, obesity

linvixdutide L-histidyl-2-méthylalanyl-L-histidylglycyl-L-thréonyl-L-phénylalanyl-L-thréonyl-L-séryl-L- α -aspartyl-L-tyrosyl-L-séryl-L-lysyl-L-tyrosyl-L-leucyl-L- α -aspartyl-L-alanyl-L-lysyl-L-arginyl-L-alanyl-L-glutaminy-L- α -glutamyl-L-phénylalanyl-L-isoleucyl-L- α -glutamyl-L-tryptophyl-L-leucyl-L-leucyl-L-glutaminy-L-séryl-L-glutaminy-L-glutaminy-L-histidyl-L- α -glutamyl-L-séryl-L-prolyl-L-prolyl-L-prolyl-L-N⁶-[N-(19-carboxynonadécanoïl)-L- γ -glutamyl]-L-lysine
agoniste des récepteurs du glucagon et du peptide 1 de type glucagon (GLP-1), obésité

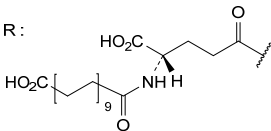
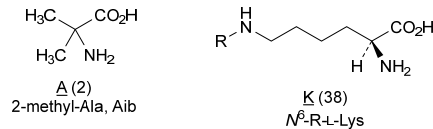
linvixdutida L-histidil-2-metilalanil-L-histidilglicil-L-treonil-L-fenilalanil-L-treonil-L-seril-L- α -aspartil-L-tirosil-L-seril-L-lisil-L-tirosil-L-leucil-L- α -aspartil-L-alanyi-L-lisil-L-arginil-L-alanil-L-glutaminil-L- α -glutamil-L-fenilalanil-L-isoleucil-L- α -glutamil-L-triptofil-L-leucil-L-leucil-L-glutaminil-L-seril-L-glutaminil-L-glutaminil-L-histidil-L- α -glutamil-L-seril-L-prolil-L-prolil-L-prolil-L-N⁶-[N-(19-carboxinonadecanoil)-L- γ -glutamil]-L-lisina
agonista de los receptores del glucagón y del péptido 1 similar al glucagón (GLP-1), obesidad

C₂₂₈H₃₄₂N₅₆O₆₇

3056608-44-4

Sequence / Séquence / Secuencia

HAHGTF^UTS^DY SKYLD^AKRAQ EFIEWLLQ^SSQ QHESPP^PPK^K 38



liradasertibum

liradasertib

*N*²-{1-cyclopropyl-3-[2-(2*H*-1,2,3-triazol-2-yl)propan-2-yl]-1*H*-pyrazol-5-yl}-*N*⁴-éthyl-5-(trifluorométhyl)pyrimidine-2,4-diamine
serine/threonine kinase inhibitor, Parkinson's disease

liradasertib

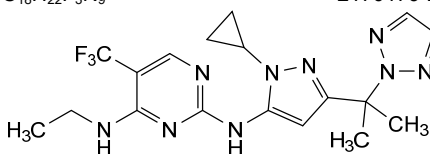
*N*²-{1-cyclopropyl-3-[2-(2*H*-1,2,3-triazol-2-yl)propan-2-yl]-1*H*-pyrazol-5-yl}-*N*⁴-éthyl-5-(trifluorométhyl)pyrimidine-2,4-diamine
inhibiteur de sérine/thréonine kinases, maladie de Parkinson

liradasertib

*N*²-{1-ciclopropil-3-[2-(2*H*-1,2,3-triazol-2-il)propan-2-il]-1*H*-pirazol-5-il}-*N*⁴-etil-5-(trifluorometil)pirimidina-2,4-diamina
inhibidor de la serina/treonina kinasa, enfermedad de Parkinson

C₁₈H₂₂F₃N₉

2170179-24-3

**loberamisalum**

loberamisal

(1*R*,2*S*,4*R*)-borman-2-yl 4-[[[(3,5-dichloro-2-hydroxyphenyl)methyl]amino]-2-hydroxybenzoate
neuroprotectant

lobéramisal

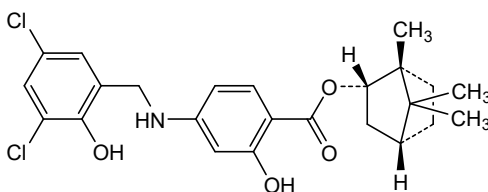
4-[[[(3,5-dichloro-2-hydroxyphényl)méthyl]amino]-2-hydroxybenzoate de (1*R*,2*S*,4*R*)-borman-2-yle
neuroprotecteur

loberamisal

4-[[[(3,5-dicloro-2-hidroxifenil)metil]amino]-2-hidroxibenzoato de (1*R*,2*S*,4*R*)-borman-2-ilo
neuroprotector

C₂₄H₂₇Cl₂NO₄

2486316-20-3

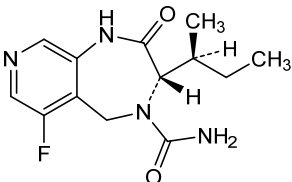
**lomasemtivum**

lomasemtiv

(3*S*)-3-[(2*S*)-butan-2-yl]-6-fluoro-2-oxo-1,2,3,5-tetrahydro-4*H*-pyrido[3,4-*e*][1,4]diazepine-4-carboxamide
troponin activator, muscular dystrophy

lomasemtiv

(3*S*)-3-[(2*S*)-butan-2-yl]-6-fluoro-2-oxo-1,2,3,5-tétrahydro-4*H*-pyrido[3,4-*e*][1,4]diazépine-4-carboxamide
activateur de la troponine, dystrophie musculaire

lomasektiv	(3S)-3-[(2S)-butan-2-il]-6-fluoro-2-oxo-1,2,3,5-tetrahidro-4H-pirido[3,4-e][1,4]diazepina-4-carboxamida <i>activador de la troponina, distrofia muscular</i> C₁₃H₁₇FN₄O₂ 2770252-94-1 																																
loncipoetinum alfa # loncipoetin alfa	human erythropoietin (Uniprot: P01588) variant (P²>N, P³>GR⁴>T, G²⁸>N, A³⁰>T, P⁸⁷>S, W⁸⁸>N, E⁸⁹>G, P⁹⁰>S), produced Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa <i>antianaemic</i>																																
loncipoétine alfa	variant de l'érythropoïétine humaine (Uniprot: P01588) (P²>N, P³>G R⁴>T, G²⁸>N, A³⁰>T, P⁸⁷>S, W⁸⁸>N, E⁸⁹>G, P⁹⁰>S), produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa <i>antianémique</i>																																
loncipoetina alfa	variante de la eritropoyetina humana (Uniprot: P01588) (P²>N, P³>G R⁴>T, G²⁸>N, A³⁰>T, P⁸⁷>S, W⁸⁸>N, E⁸⁹>G, P⁹⁰>S), producida en células de ovario de hámster chino (CHO), glicoforma alfa <i>antianémico</i> 3052736-86-1 Sequence / Séquence / Secuencia <table><tr><td>ANGT</td><td>LICDSR</td><td>VLERYLLEAK</td><td>EAENIT</td><td>TNCT</td><td>EHCSLNENIT</td><td>VPDTKVNFYA</td><td>50</td></tr><tr><td>WKRMEVGQQA</td><td>VEVWQGLALL</td><td>SEAVLRGQAL</td><td>LVNSSQ</td><td>SNGS</td><td>LQLHVDKAVS</td><td></td><td>100</td></tr><tr><td>GLRSLTTLLR</td><td>ALGAQKEAIS</td><td>PPDAASAAPL</td><td>RTITADTFRK</td><td>LFRVYSNFLR</td><td></td><td></td><td>150</td></tr><tr><td>GKLIKLYTGEA</td><td>CRTGDR</td><td></td><td></td><td></td><td></td><td></td><td>166</td></tr></table> Mutation / Mutation / Mutación P²>N, P³>G, R⁴>T, G²⁸>N, A³⁰>T, P⁸⁷>S, W⁸⁸>N, E⁸⁹>G, P⁹⁰>S Post-translational modifications Disulfide bridges location / Posición des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro 29-33, 7-161 N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación N2, N24, N28, N38, N83, N88 O-glycosylation sites / Sites de O-glycosylation / Posiciones de O-glicosilación S126 C-terminal arginine clipping / Coupure de la arginine C-terminale / Recorte de arginina C-terminal R166	ANGT	LICDSR	VLERYLLEAK	EAENIT	TNCT	EHCSLNENIT	VPDTKVNFYA	50	WKRMEVGQQA	VEVWQGLALL	SEAVLRGQAL	LVNSSQ	SNGS	LQLHVDKAVS		100	GLRSLTTLLR	ALGAQKEAIS	PPDAASAAPL	RTITADTFRK	LFRVYSNFLR			150	GKLIKLYTGEA	CRTGDR						166
ANGT	LICDSR	VLERYLLEAK	EAENIT	TNCT	EHCSLNENIT	VPDTKVNFYA	50																										
WKRMEVGQQA	VEVWQGLALL	SEAVLRGQAL	LVNSSQ	SNGS	LQLHVDKAVS		100																										
GLRSLTTLLR	ALGAQKEAIS	PPDAASAAPL	RTITADTFRK	LFRVYSNFLR			150																										
GKLIKLYTGEA	CRTGDR						166																										
lucodacigenum parvecum # lucodacigene parvec	recombinant, self-complementary non-replicating adeno-associated virus serotype 9 (rAAV9) vector encoding codon-optimised human aspartoacylase (ASPA, ASP, aminoacylase-2, ACY2). The transgene is preceded by a Kozak sequence,																																

with expression under control of a hybrid cytomegalovirus (CMV) enhancer/chicken beta actin promoter (CB6) and terminated by a rabbit β -globin gene polyadenylation signal; flanked by adeno-associated virus 2 (AAV2) inverted terminal repeats (ITRs) *gene therapy (Canavan disease)*

lucodacigène parvec

vecteur recombinant, autocomplémentaire et non répliquatif du virus adéno-associé de sérotype 9 (rAAV9), codant l'aspartoacylase humaine à codons optimisés (ASPA, ASP, aminoacylase -2, ACY2). Le transgène est précédé d'une séquence Kozak, son expression étant contrôlée par un activateur du cytomégalovirus (CMV)/promoteur de la bêta-actine de poulet (CB6), et terminé par un signal de polyadénylation du gène de la β -globine de lapin; flanqué des répétitions terminales inversées (ITRs) du virus adéno-associé de 2 (AAV2) *thérapie génique (maladie de Canavan)*

lucodacigén parvec

vector de virus adenoasociado del serotipo 9 recombinante (rAAV9), no replicativo, autocomplementario, que codifica, con codones optimizados, la aspartoacilasa humana (ASPA, ASP, aminoacilasa-2, ACY2). El transgén está precedido por una secuencia Kozak, con expresión bajo el control de un potenciador de citomegalovirus (CMV)/promotor de la beta-actina de pollo (CB6) y terminado por una señal de poliadenilación del gen de la β -globina de conejo; flanqueado por repeticiones terminales invertidas (ITRs) del virus adenoasociado 2 (AAV2) *terapia génica (enfermedad de Canavan)*

3062982-56-0

lumocaserinum

lumocaserin

1-[(1S,2S)-2-(5-fluoro-2-propoxyphenyl)cyclopropyl]methanamine
serotonin 5-HT_{2C} receptor agonist, anti-epileptic

lumocasérine

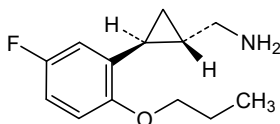
1-[(1S,2S)-2-(5-fluoro-2-propoxyphényl)cyclopropyl]méthanamine
agoniste du récepteur de la sérotonine 5-HT_{2C}, antiépileptique

lumocaserina

1-[(1S,2S)-2-(5-fluoro-2-propoxifenil)ciclopropil]metanamina
agonista del receptor de serotonina 5-HT_{2C}, antiepiléptico

C₁₃H₁₈FNO

1656330-84-5



melzuconcelum

melzuconcel

allogenic human chondrocytes derived from cartilage tissue obtained from the finger joint cartilage of a three-year-old female donor affected by polydactyly. The tissue was enzymatically digested by collagenase, with the isolated chondrocytes cultured in media containing fetal bovine serum (FBS). To generate the master cell bank (MCB) the cells were expanded under 2D culture conditions using type I collagen-coated tissue culture vessels in high glucose containing media supplemented with 10% FBS. A working cell bank (WCB) of de-differentiated chondrocytes was then created using the same culture

conditions as for the generation of the MCB. Re-differentiation of the chondrocytes was performed in type I collagen-coated tissue culture vessels with media supplemented with ascorbic acid-2-phosphate, dexamethasone, proline, insulin-transferrin-selenium (ITS) and recombinant human transforming growth factor beta 1 (TGF- β 1).

The cells express high levels of selected chondrocyte surface markers such as CD9 (>90%), CD44 (>90%), and CD105 (>90%), comparable to those observed in both human adult and fetal chondrocytes, and lower levels of other cell type antigens (CD49d < 50%; CD143 < 10%). The cells respond to TGF- β 1 stimulation by upregulating both type II collagen expression and sulfated proteoglycan and glycosaminoglycan (sGAG) levels
cell therapy (osteoarthritis)

melzuconcel

chondrocytes humains allogéniques dérivés de tissu cartilagineux provenant du cartilage articulaire d'une donneuse de trois ans atteinte de polydactylie. Le tissu a été digéré enzymatiquement par la collagénase, et les chondrocytes isolés ont été cultivés dans un milieu contenant du sérum fœtal bovin (FBS). Pour générer la banque de cellules mères (MCB), les cellules ont été multipliées en conditions de culture 2D dans des récipients de culture tissulaire recouverts de collagène de type I, dans un milieu riche en glucose supplémenté de 10% de FBS. Une banque de cellules de travail (WCB) de chondrocytes différenciés a ensuite été créée dans les mêmes conditions de culture que pour la génération de la MCB. La redifférenciation des chondrocytes a été réalisée dans des récipients de culture tissulaire recouverts de collagène de type I, avec un milieu supplémenté en acide ascorbique-2-phosphate, dexaméthasone, de proline, d'insuline-transferrine-sélénium (ITS) et de facteur de croissance transformant bêta-1 humain recombinant (TGF- β 1).

Les cellules expriment des taux élevés de certains marqueurs de surface chondrocytaires, tels que CD9 (>90%), CD44 (>90%) et CD105 (>90%), comparables à ceux observés chez les chondrocytes adultes et fœtaux humains, et des taux plus faibles d'autres antigènes cellulaires (CD49d < 50%; CD143 < 10%). Les cellules répondent à la stimulation par TGF- β 1 en augmentant l'expression du collagène de type II et les taux de protéoglycanes et glycosaminoglycanes sulfatés (sGAG)
thérapie cellulaire (ostéoartrite)

melzuconcel

condrocitos humanos alogénicos derivados de tejido de cartílago obtenido del cartílago de la articulación del dedo de una donante de tres años de edad afectada por polidactilia. El tejido se digirió enzimáticamente mediante colagenasa, con los condrocitos aislados cultivados en medio que contiene suero bovino fetal (FBS). Para generar el banco de células maestro (MCB), las células se expandieron en condiciones de cultivo 2D usando recipientes de cultivo de tejido forrados de colágeno tipo I en medio que contiene alta cantidad de glucosa suplementado con 10% FBS. Se creó después un banco de células de trabajo (WCB) de condrocitos desdiferenciados usando las mismas condiciones de cultivo que para la generación del MCB.

La rediferenciación de los condrocitos se realizó en recipientes de cultivo de tejidos forrados de colágeno tipo I en medio suplementado con ácido ascórbico-2-fosfato, dexametasona, prolina, insulina-transferrina-selenio (ITS) y factor de crecimiento transformante beta 1 (TGF- β 1) humano.

Las células expresan altos niveles de marcadores seleccionados de superficie de condrocitos tales como CD9 (>90%), CD44 (>90%) y CD105 (>90%), comparable a aquellos observados en condrocitos humanos adultos y fetales, y niveles más bajos de otros antígenos de tipo celular (CD49d < 50%; CD143 < 10%). Las células responden a estimulación con TGF- β 1 aumentando los niveles de expresión de colágeno tipo II y proteoglicano sulfatado y glicosaminoglicano (sGAG)

terapia celular (osteoartritis)

meribatinibum

meribatinib

N-{4-[chlorodi(fluoro)methoxy]phenyl}-6-[(3*R*)-3-fluoropyrrolidin-1-yl]-5-(pyrazin-2-yl)pyridine-3-carboxamide
 tyrosine-protein kinase *ABL1* allosteric inhibitor, antineoplastic

méribatinib

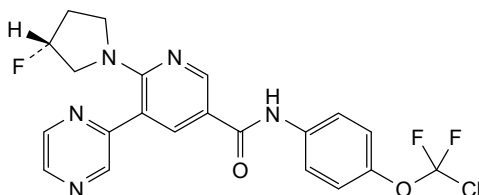
N-{4-[chlorodi(fluoro)méthoxy]phényl}-6-[(3*R*)-3-fluoropyrrolidin-1-yl]-5-(pyrazin-2-yl)pyridine-3-carboxamide
 inhibiteur allostérique de la tyrosine-protéine kinase *ABL1*,
 antinéoplasique

meribatinib

N-{4-[clorodi(fluoro)metoxi]fenil}-6-[(3*R*)-3-fluoropirrolidin-1-il]-5-(pirazin-2-il)piridina-3-carboxamida
 inhibidor alostérico de la tirosina proteína kinasa *ABL-1*,
 antineoplásico

C₂₁H₁₇ClF₃N₅O₂

2240190-29-6

**metracabtagenum geleucelum #**

metracabtagene geleucel

allogeneic T lymphocytes obtained from peripheral blood mononuclear cells (PBMCs) by leukopheresis of healthy volunteer donors, electroporated with a transposon encoding *rimiducid*-inducible caspase 9 (iCasp9), a chimeric antigen receptor (CAR) targeting human B-cell maturation antigen (BCMA), and dihydrofolate reductase (DHFR), under control of the elongation factor 1 alpha (EF-1α) promoter. The iCasp9, BCMA-CAR and DHFR coding regions are separated by self-cleaving T2A peptide sequences. The BCMA-directed CAR comprises a CD8α signal peptide sequence, an anti-BCMA variable heavy domain (VH)-binding region, a CD8α hinge, CD8α transmembrane, and intracellular 4-1BB co-stimulatory and CD3ζ signalling domains.

The cells are also electroporated with an mRNA encoding the Super piggyBac transposase enzyme that recognizes transposon-specific inverted terminal repeat sequences (ITRs) located within the transposon vector and integrates the encoded sequences into TTAA chromosomal sites. Furthermore, the cells are electroporated with a second mRNA encoding a hybrid CRISPR/TALEN site-specific gene editing system comprising a partial type IIS restriction endonuclease derived from *Clostridium* (Clo51) linked to a deactivated form of Cas9 (dCas9) along with four single guide RNAs (gRNAs) targeting the beta-2-microglobulin (*B2M*) and TCR β chain (*TCRB*) loci. The dCas9 component acts as a DNA binding protein when combined with an appropriate guide RNA to dimerize and activate the Clo51 endonuclease specifically at the gene editing target site.

A third mRNA is introduced encoding a chimeric fusion protein comprised of full-length human CD2 and the human CD3 intracellular signalling domain. Healthy donor PBMCs are harvested from leukapheresis material and enriched for CD4+ and CD8+ T lymphocytes by immunoselection. Following gene modification, lymphocytes are activated with anti-CD3/CD28/CD2 soluble antibodies and undergo an enrichment of transgene positive T lymphocytes via chemo-selection with methotrexate (MTX). Finally, the T lymphocytes are expanded and purified to remove residual CD3+ and TCRαβ+ cells using anti-CD3 and anti-TCR coated microbeads. All culture steps are done in media containing xeno-free medium supplements extracted from transfusion grade human blood. The T lymphocytes are positive for the transgene (≥85% CAR+) with ≤0.75% TCR+ cells, and after co-incubation with BCMA+ target cells demonstrate cytotoxicity *cell-based gene therapy (antineoplastic)*

métracabtagène géleucel

lymphocytes T allogéniques, obtenus par leucophérèse à partir de cellules mononucléaires du sang périphérique (CMSP) de donneurs volontaires, sains, ont été électroporés avec un transposon codant la caspase 9 inducible par *rimiducid* (iCasp9), un récepteur d'antigène chimérique (RAC) ciblant l'antigène de maturation des lymphocytes B humains (BCMA) et la dihydrofolate réductase (DHFR), sous le contrôle du promoteur du facteur d'élongation 1 alpha (EF-1α). Les régions codantes de l'iCasp9, du RAC-BCMA et de la DHFR sont séparées par des séquences peptidiques T2A auto-clivantes. Le RAC dirigé contre l'BCMA comprend une séquence de peptide signal CD8α, une région de liaison au domaine lourd variable (VH) anti-BCMA, une charnière CD8α, un domaine transmembranaire CD8α et des domaines de costimulation intracellulaires 4-1BB et de signalisation CD3ζ.

Les cellules sont également électroporées avec un ARNm codant l'enzyme transposase Super piggyBac, qui reconnaît les séquences de répétitions terminales inversées (RTI), spécifiques du transposon, situées dans le vecteur transposon, et qui intègre les séquences codées dans les sites chromosomiques TTAA.

De plus, les cellules sont électroporées avec un second ARNm codant un système hybride d'édition génique CRISPR/TALEN, spécifique du site, comprenant une endonucléase de restriction de type IIS partielle dérivée de *Clostridium* (Clo51), liée à une forme désactivée de Cas9 (dCas9), ainsi qu'à quatre ARN guides (ARNg) ciblant les loci de la β2-microglobuline (*B2M*) et de la chaîne β du TCR (*TCRB*). La composante dCas9 agit comme une protéine de liaison à l'ADN lorsqu'elle est combinée à un ARN guide approprié pour se dimériser et activer l'endonucléase Clo51, spécifiquement au niveau du site cible de la réécriture génomique.

Un troisième ARNm est introduit, codant une protéine de fusion chimérique composée de la CD2 humaine complète et du domaine de signalisation intracellulaire de la CD3 humaine.

Les cellules mononucléaires du sang périphérique (CMSP) de donneurs sains sont prélevées par leucaphérèse et enrichies en lymphocytes T CD4+ et CD8+ par immunosélection. Après modification génique, les

lymphocytes sont activés par des anticorps solubles anti-CD3/CD28/CD2, et subissent un enrichissement en lymphocytes T exprimant le transgène par chimiosélection au méthotrexate (MTX). Enfin, les lymphocytes T sont amplifiés et purifiés, afin d'éliminer les cellules CD3+ et TCRαβ+ résiduelles, à l'aide de microbilles recouvertes d'anti-CD3 et d'anti-TCR. Toutes les étapes de culture sont réalisées dans un milieu contenant des suppléments exempts de xénogreffes, extraits de sang humain de qualité transfusionnelle. Les lymphocytes T expriment le transgène (≥85% RAC+) et présentent ≤0.75% de cellules TCR+. Après co-incubation avec des cellules cibles BCMA+, ils démontrent une cytotoxicité

thérapie génique à base de cellules (antinéoplasique)

metracabtagén geleucel

linfocitos T alogénicos obtenidos de células mononucleares de sangre periférica (PBMcs) por leucoaféresis de donantes voluntarios sanos, electroporados con un transposón que codifica caspasa 9 inducible por *rimiducid* (iCasp9), un receptor de antígenos quimérico (CAR) dirigido al antígeno de maduración de células B (BCMA) y dihidrofolato reductasa (DHFR), bajo el control del promotor del factor de elongación 1 alfa (EF-1α). Las regiones codificantes de iCasp9, BCMA y DHFR están separadas por secuencias del péptido de auto escisión T2A. El CAR dirigido a BCMA consta de una secuencia de péptido señal de CD8α, un dominio variable de cadena pesada (VH) como región de unión anti-BCMA, una bisagra de CD8α, transmembrana de CD8α y dominios coestimulador de 4-1BB y de señalización de CD3ζ.

Las células también se electroporan con un ARNm que codifica la enzima transposasa Super piggyBac que reconoce secuencias de repeticiones terminales invertidas (ITRs) específicas de transposón localizadas en el vector del transposón e integra las secuencias codificadas en los sitios cromosómicos de TTAA.

Además, las células se electroporan con un segundo ARNm que codifica un sistema de edición génica híbrido CRISPR/TALEN específico de sitio que consta de una endonucleasa de restricción parcial tipo IIS derivada de *Clostridium* (Clo51) ligada a una forma desactivada de Cas9 (dCas9) junto con cuatro ARNs de guía única (gARNs) dirigidos a los loci de la beta-2-microglobulina (*B2M*) y de la cadena β del TCR (*TCRB*). El componente dCas9 actúa como una proteína de unión al ADN cuando se combina con un ARN guía apropiado para dimerizar y activar la endonucleasa Clo51 específicamente en el sitio diana de la edición génica.

Se introduce un tercer ARNm que codifica una proteína quimérica de fusión que consta de un CD2 humano completo y el dominio de señalización intracelular del CD3 humano.

Las PBMcs del donante sano se cosechan a partir de material de leucoaféresis y se enriquecen en linfocitos T CD4+ y CD8+ mediante inmunoselección. Tras la modificación genética, los linfocitos se activan con anticuerpos solubles anti-CD3 /CD28/CD2 y experimentan un enriquecimiento en linfocitos T positivos para el transgén mediante quimioselección con metotrexato (MTX). Finalmente, los linfocitos T se expanden y purifican para eliminar las células CD3+ y TCRαβ+ residuales usando

microbolas forradas de anti-CD3 y anti-TCR. Todos los

pasos de cultivo se hacen en medio que contiene suplementos sin sustancias xenogénicas extraídos de sangre humana de grado transfusional. Los linfocitos T son positivos para el transgén (≥85% CAR positivos), con ≤0.75% de células TCR+, y tras coincubación con células diana BCMA+ muestran citotoxicidad
terapia génica basada en células (antineoplásico)

mezodritonum

mezodriton

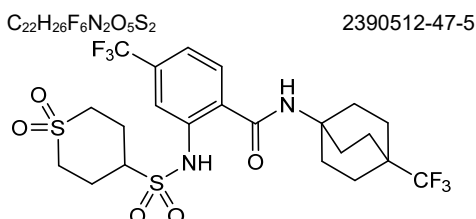
2-(1,1-dioxo-1λ⁶-thiane-4-sulfonamido)-4-(trifluoromethyl)-N-[4-(trifluoromethyl)bicyclo[2.2.2]octan-1-yl]benzamide
mitochondrial uncoupler, metabolic disorders

mézodriton

2-(1,1-dioxo-1λ⁶-thiane-4-sulfonamido)-4-(trifluorométhyl)-N-[4-(trifluorométhyl)bicyclo[2.2.2]octan-1-yl]benzamide
découpleur mitochondrial, désordres métaboliques

mezodritón

2-(1,1-dioxo-1λ⁶-tianO-4-sulfonamido)-4-(trifluorometil)-N-[4-(trifluorometil)bicyclo[2.2.2]octan-1-il]benzamida
desacoplante mitocondrial, alteraciones metabólicas



minokitugum

minokitug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CCR2 (chemokine (C-C motif) receptor 2, C-C chemokine receptor 2, CC-CKR-2, CKR-2, monocyte chemoattractant protein 1 receptor, MCP-1-R, CD192)], humanized monoclonal antibody; H-gamma1 heavy chain humanized (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-3*01 (86.7%) -(IGHD) - IGHJ5*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (215) (119-216), hinge 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 E12 (357), M14 (359) (342-446), CHS K2>del (447)) (119-447)], (221-219')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-30*02 (89.0%) -IGKJ1*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

(227-227'':230-230'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DG44, glycoform alfa
immunomodulator, ulcerative colitis

minokitug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CCR2 (récepteur 2 de chimiokine (C-C motif), récepteur 2 de chimiokine C-C, CC-CKR-2, CKR-2, récepteur de la protéine 1 chimio-attractrice du monocyte, MCP-1-R, CD192)]; anticorps monoclonal humanisé;
 chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-3*01 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107))] (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (215) (119-216), charnière 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 E12 (357), M14 (359) (342-446), CHS K2>del (447)) (119-447)], (221-219')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-30*02 (89.0%) -IGKJ1*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 (227-227'':230-230'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DG44, glycoforme alfa
immunomodulateur, rectocolite hémorragique

minokitug

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CCR2 (receptor 2 de quimiocina (C-C motif), receptor 2 de quimiocina C-C, CC-CKR-2, CKR-2, receptor de la proteína 1 quimioattractiva del monocito, MCP-1-R, CD192)]; anticuerpo monoclonal humanizado;
 cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-3*01 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107))] (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (215) (119-216), bisagra 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 E12 (357), M14 (359) (342-446), CHS K2>del (447)) (119-447)], (221-219')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-30*02 (89.0%) -IGKJ1*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 (227-227'':230-230'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DG44, forma glicosilada alfa
immunomodulador, colitis ulcerosa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H")
QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGSTFT RYTMHWVRQA PGORLEWIGF 50
IVPSTGYTKY NQKFKDRVITI TRDTSASTAY MELSSLRSED TAVYYCARNK 100
EVDYGASWGQ GTLVTVSSAS TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY 150
FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI 200
CNVNHKPSNT KVDKRVEPKS CDKTHTCPPC PAPELLGGPS VFLFPPKPKD 250
TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY 350
TLPPSREEMT KNQVSLTCLV KGFYPSDIIV EWESNGQFEN NYKTTTPVLD 400
SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPG 447

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L")
DVVMTQSPLS LPVTLGQPAS ISCKSSQSLL DSDGRTYLNW FQQRPGQSPR 50
RLIYLVSKLD SGVPDRFSGS GSGTDFTLKI TRVEAEDVG VYCWQGSHPF 100
QTFGQGTKEV IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVCL LNNFYPREAK 150
VQWKVDNALQ SGNSQESVTE QDSKDSYSL SSTLTLSKAD YEKHKVYACE 200
VTHQGLSSPV TKSFNREGC 219

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'-93' 139'-199'
23'''-93''' 139'''-199'''
Inter-H-L (h 5-CL 126) 221-219' 221"-219"
Inter-H-H (h 11, h 14) 227-227" 230-230"

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: 298, 298"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenaricos complejos fucosilados

mitucapistatum
mitucapistat

2-(2-methoxyethoxy)ethyl [(2S)-1-[(2S)-4-(cyclopropylamino)-3,4-dioxo-1-phenylbutan-2-yl]amino]-4-methyl-1-oxopentan-2-yl]carbamate
calpain inhibitor, retinal artery occlusion

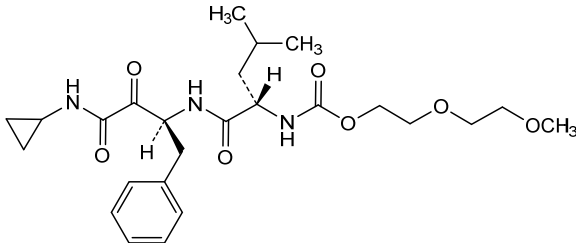
mitucapistat

[(2S)-1-[(2S)-4-(cyclopropylamino)-3,4-dioxo-1-phénylbutan-2-yl]amino]-4-méthyl-1-oxopentan-2-yl]carbamate de 2-(2-méthoxyéthoxy)éthyle
inhibiteur de la calpaïne, occlusion artérielle rétinienne

mitucapistat

[(2S)-1-[(2S)-4-(ciclopropilamino)-3,4-dioxo-1-fenilbutan-2-il]amino)-4-metil-1-oxopentan-2-il]carbamato de 2-(2-metoxietoxi)etilo
inhibidor de calpaína, oclusión de la arteria retiniana

C₂₅H₃₇N₃O₇ 854402-59-8



nalobrazepamum

nalobrazepam

rac-4-[[[(3*R*)-7-bromo-5-(2-chlorophenyl)-2-oxo-2,3-dihydro-1*H*-1,4-benzodiazepin-3-yl]oxy]-4-oxobutanoic acid

anxiolytic, sedative

nalobrazépam

acide *rac*-4-[[[(3*R*)-7-bromo-5-(2-chlorophényl)-2-oxo-2,3-dihydro-1*H*-1,4-benzodiazépin-3-yl]oxy]-4-oxobutanoïque

anxiolytique, sédatif

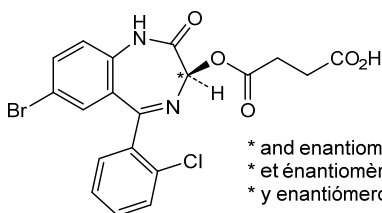
nalobrazepam

ácido *rac*-4-[[[(3*R*)-7-bromo-5-(2-clorofenil)-2-oxo-2,3-dihidro-1*H*-1,4-benzodiazepin-3-il]oxi]-4-oxobutanoico

ansiolítico, sedante

C₁₉H₁₄BrClN₂O₅

172986-25-3



* and enantiomer
* et énantiomère
* y enantiómero

naperiglipronum

naperiglipron

(1*2S*)-9⁴-cyano-5²,9²-difluoro-5⁵-methyl-7-oxa-3(1,2)-[1,3]benzimidazola-6(2,6)-pyridina-1(2)-oxetana-5(1,4),9(1)-dibenzenanonaphane-3⁶-carboxylic acid
glucagon-like peptide-1 (GLP-1) receptor agonist, antidiabetic

napériglipron

acide (1²*S*)-9⁴-cyano-5²,9²-difluoro-5⁵-méthyl-7-oxa-3(1,2)-[1,3]benzimidazola-6(2,6)-pyridina-1(2)-oxétana-5(1,4),9(1)-dibenzénanonaphane-3⁶-carboxylique

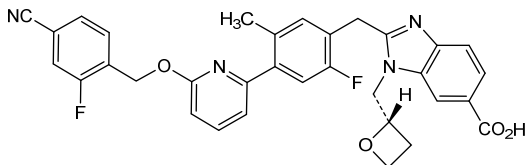
agoniste du récepteur du peptide-1 de type glucagon (GLP-1), antidiabétique

naperigliprón

ácido (1²*S*)-9⁴-ciano-5²,9²-difluoro-5⁵-metil-7-oxa-3(1,2)-[1,3]benzimidazola-6(2,6)-piridina-1(2)-oxetana-5(1,4),9(1)-dibencenanonafano-3⁶-carboxílico
agonista del receptor del péptido 1 similar al glucagón (GLP-1), antidiabético

C₃₃H₂₆F₂N₄O₄

2572566-11-9



nenzinacogenum autogeleucelum #
 nenzinacogene autogeleucel

autologous (CD19+) B lymphocytes obtained from peripheral blood via leukapheresis, electroporated with a CRISPR/Cas9 (clustered regularly interspaced short palindromic repeats/CRISPR-associated protein 9) /guide RNA (gRNA) nucleoprotein complex to disrupt the C-C chemokine receptor type 5 (*CCR5*) gene locus (targeting exon 2). The cells are then transduced with a recombinant adeno-associated virus serotype 6 vector (rAAV6) to introduce a human coagulation factor IX (FIX) Padua/Malmö variant, expression cassette to the *CCR5* locus by homology-directed repair.

The integrated sequence comprises a 5' *CCR5* homology arm, the transgene expression cassette and a 3' *CCR5* homology arm. The transgene expression cassette comprises the MND promoter, a Kozak sequence, a codon-optimized, CG-depleted human FIX [Padua (R338L) and Malmö (T148A) variants] coding sequence, followed by a bovine growth hormone polyadenylation (polyA) sequence. The leukapheresis material is enriched for B lymphocytes with CD19+ beads. The cells are cultured and activated with human CD40 ligand and cytosine-phosphate-guanine (CpG) dinucleotides in the presence of interleukin 21 (IL-21). Following vector transduction, the cells are subsequently expanded and cultured in media containing cytokines (IL-2, IL-6, IL-10, IL-15) to induce early-stage differentiation, followed by culture in media containing only IL-6, IL-15, and IFN α -2 β for late-stage differentiation. The final cells secrete FIX and consist primarily of lymphocytes (>80% CD38+), with >25% on target F9 transgene insertion, and with less than 2% non-B lymphocyte lineage cells

cell-based gene therapy (hemophilia B)

nenzinacogène autogéleucel

lymphocytes B autologues (CD19+) obtenus à partir de sang périphérique par leucaphérèse, électroporés avec un complexe nucléoprotéique CRISPR/Cas9 (courtes répétitions palindromiques groupées et régulièrement espacées/protéine 9 associée à CRISPR) /ARN guide (ARNg), afin de perturber le locus du gène du récepteur de la chimiokine C-C de type 5 (*CCR5*) (ciblant l'exon 2). Les cellules sont ensuite transduites avec un vecteur recombinant du virus adéno-associé de sérotype 6 (rAAV6) afin d'introduire une cassette d'expression d'une variante Padoue/Malmö du facteur de coagulation IX (FIX) humain dans le locus *CCR5* par réparation dirigée par homologie.

La séquence intégrée comprend un bras d'homologie *CCR5* en 5', la cassette d'expression du transgène et un bras d'homologie *CCR5* en 3'. La cassette d'expression transgénique comprend le promoteur MND, une séquence Kozak, une séquence codante FIX humaine, optimisée en codons et appauvrie en CG [variantes de Padoue (R338L) et de Malmö (T148A)], suivie d'une séquence de polyadénylation de l'hormone de croissance bovine (polyA).

Le matériel de leucaphérèse est enrichi en

	lymphocytes B avec des billes CD19+. Les cellules sont cultivées et activées avec un ligand CD40 humain et des dinucléotides cytosine-phosphate-guanine (CpG) en présence d'interleukine 21 (IL-21). Après transduction du vecteur, les cellules sont ensuite expansées et cultivées dans des milieux contenant des cytokines (IL-2, IL-6, IL-10, IL-15), pour induire une différenciation précoce, puis cultivées dans des milieux contenant uniquement de l'IL-6, de l'IL-15 et de l'IFNα-2β pour une différenciation tardive. Les cellules finales sécrètent du FIX et sont principalement constituées de lymphocytes (>80% CD38+), avec >25% d'insertion du transgène F9 sur la cible, et moins de 2% de cellules n'appartenant pas à la lignée des lymphocytes B <i>thérapie génique à base de cellules (hémophilie B)</i>
nenzinacogén autogeoleucel	linfocitos B (CD19+) autólogos obtenidos de sangre periférica mediante leucoaféresis, electroporados con un complejo de nucleoproteína de CRISPR/Cas 9 (repeticiones palindrómicas agrupadas y espaciadas regularmente/proteína asociada a CRISPR 9) /ARN guía (ARNg) para interrumpir el locus del gen del receptor de quimioquina C-C tipo 5 (CCR5) (dirigido al exón 2). Las células se transducen después con vector de virus adenoasociado de serotipo 6 recombinante (rAAV6) para introducir un casete de expresión de una variante Padua/Malmö del factor de coagulación IX (FIX) humano en el locus <i>CCR5</i> mediante reparación homóloga dirigida. La secuencia integrada consta de un brazo de homología 5' <i>CCR5</i>, el casete de expresión y un brazo de homología 3' <i>CCR5</i>. El casete de expresión del transgén consta de un promotor MND, una secuencia Kozak, una secuencia codificante, con codones optimizados, del FIX deplecionado en CG humano [variantes Padua (R338L) y Malmö (T148A)], seguido de una secuencia de poliadenilación (poliA) de la hormona de crecimiento bovina. El material de leucoaféresis se enriqueció en linfocitos B con bolas CD19+. Las células se cultivan y activan con ligando de CD40 humano y dinucleótidos citosina-fosfato-guanina (CpG) en presencia de interleuquina 21 (IL-21). Tras la transducción con el vector, las células se expanden subsecuentemente y se cultivan en medio que contiene citoquinas (IL-2, IL-6, IL-10, IL-15) para inducir una etapa temprana de diferenciación, seguido por cultivo en medio que contiene solo IL-6, IL-15, e IFNα-2β para la etapa tardía de diferenciación. Las células finales secretan FIX y consisten primariamente en linfocitos (>80% CD38+), con >25% con la inserción del transgén F9 en la diana y con menos del 2% de células no del linaje de linfocitos B <i>terapia génica basada en células (hemofilia B)</i>

nexatoclaxum

nexatoclax

4-{4-[(4'-chloro-5,5-dimethyl-3,4,5,6-tetrahydro[1,1'-biphenyl]-2-yl)méthyl]piperazin-1-yl}-2-(3,4-dihydro-2H-pyrrolo[3',2':5,6]pyrido[2,3-b][1,4]oxazépin-1(7H)-yl)-N-[4-({[(2S)-1,4-dioxan-2-yl]méthyl}amino)-3-nitrobenzene-1-sulfonyl]benzamide

B-cell lymphoma (Bcl-2) inhibitor, antineoplastic

néxatoclax

4-{4-[(4'-chloro-5,5-diméthyl-3,4,5,6-tétrahydro[1,1'-biphényl]-2-yl)méthyl]pipérazin-1-yl}-2-(3,4-dihydro-2H-pyrrolo[3',2':5,6]pyrido[2,3-b][1,4]oxazépin-1(7H)-yl)-N-[4-({[(2S)-1,4-dioxan-2-yl]méthyl}amino)-3-nitrobenzène-1-sulfonyl]benzamide

inhibiteur du lymphome à cellules B (Bcl-2), antinéoplasique

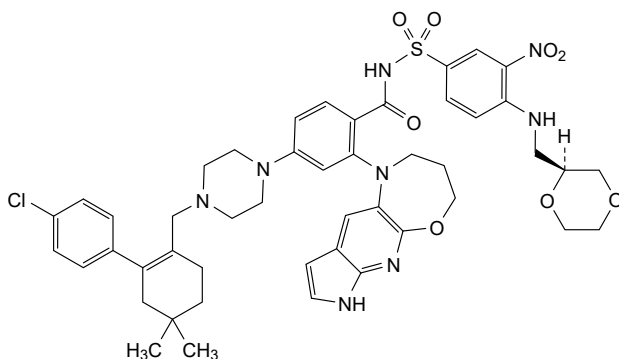
nexatoclax

4-{4-[(4'-cloro-5,5-dimetil-3,4,5,6-tetrahidro[1,1'-bifenil]-2-il)metil]piperazin-1-il}-2-(3,4-dihidro-2H-pirroló[3',2':5,6]pirido[2,3-b][1,4]oxazepin-1(7H)-il)-N-[4-({[(2S)-1,4-dioxan-2-il]metil}amino)-3-nitrobenceno-1-sulfonyl]benzamida

inhibidor del linfoma de células B (Bcl-2), antineoplásico

C₄₇H₅₃ClN₈O₈S

2290611-27-5

**nilvanstomigum #**

nilvanstomig

immunoglobulin (H-gamma4-scFv_{hκ} L-kappa) dimer, anti-[*Homo sapiens* PDCD1 (programmed cell death 1, PD-1, PD1, CD279)] and anti-[*Homo sapiens* TIGIT (T cell immunoreceptor with Ig domain and ITIM, V-set Ig member 9, VSIG9, V-set and transmembrane member 3, VSTM3)], humanized monoclonal antibody, bispecific, tetravalent; H-gamma4 heavy chain anti-PDCD1 fused to a scFv_{hκ} anti-TIGIT (H) (1-713) [H-gamma4 heavy chain anti-PDCD1 humanized (1-444) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-46*01 (85.6%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), 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)] -10-mer bis(tetraglycyl-seryl) linker (445-454) -scFv_{hκ} anti-TIGIT humanized (455-713) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (98.0%) -IGHD -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (480-487.505-512.551-565)) (455-576) -30-mer hexakis(tetraglycyl-seryl) linker (577-606) -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (93.7%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT

	[6.3.9] (633-638.656-658.695-703)) (607-713)]; (131-214')-disulfide with L-kappa light chain anti-PDCD1 humanized (L') (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-9*01 (84.2%) - IGKJ2*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 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dimer (223-223":226-226")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa <i>antineoplastic</i>
nilvanstomig	immunoglobuline (H-gamma4-scFvhk_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> TIGIT (immunorécepteur des cellules T avec domaine Ig et ITIM, membre 9 de l'Ig V-set, VSIG9, membre 3 de l'Ig V-set et région transmembranaire, VSTM3)], anticorps monoclonal humanisé, bispécifique, tétravalent; chaîne lourde H-gamma4 anti-PDCD1 fusionnée à un scFvhK anti-TIGIT (H) (1-713) [chaîne lourde H-gamma4 anti-PDCD1 humanisée (1-444) [VH (<i>Homo sapiens</i>IGHV1-46*01 (85.6%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.10] (26-33.51-58.97-106)) (1-117)-<i>Homo sapiens</i> 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 (443-444)) (118-444)] -10-mer bis(tétraglycyl-séryl) coupleur (445-454) -scFvhk anti-TIGIT humanisée (455-713) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-46*01 (98.0%) -IGHD -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (480-487.505-512.551-565)) (455-576) -30-mer hexakis(tétraglycyl-séryl) coupleur (577-606) -V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 (93.7%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (633-638.656-658.695-703)) (607-713)]; (131-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa anti-PDCD1 humanisée (L') (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-9*01 (84.2%) -IGKJ2*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 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dimère (223-223":226-226")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa <i>antineoplasique</i>
nilvanstomig	inmunoglobulina (H-gamma4-scFvhk_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> TIGIT (inmunoreceptorde las células T con dominio Ig y ITIM, miembro 9 de la Ig V-set, VSIG9, miembro 3 de la Ig V-set y región transmembranaria, VSTM3)], anticuerpo monoclonal humanizado, biespecífico, tetraivalente; cadena pesada H-gamma4 anti-PDCD1 fusionada com un scFvhK anti-TIGIT (H) (1-713) [cadena pesada H-gamma4 anti-PDCD1 humanizada (1-444) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-46*01 (85.6%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.10] (26-33.51-58.97-106)) (1-117)-<i>Homo sapiens</i> 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)] -10-mer bis(tetraglicil-seril) enlace (445-454) -scFvhk anti-TIGIT humanizado (455-713) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-46*01 (98.0%) -IGHD -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (480-487.505-512.551-565)) (455-576) -30-mer hexakis(tetraglicil-seril) enlace (577-606) -V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 (93.7%) -IGKJ1*01

(100%), CDR-IMGT [6.3.9] (633-638.656-658.695-703)) (607-713)]; (131-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa anti-PDCD1 humanizada (L') (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*01 (84.2%) -IGKJ2*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 (223-223":226-226")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa antineoplásico

3061475-22-4

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: fused H-gamma4 anti-PDCD1 -scFvHk anti-TIGIT (H, H')		
QVQLVQSGAE	VKKPGASVKV	50
IFPGSGNSKY	NENFKGRVTL	100
YDYGDIYWGQ	TLTVSSAST	150
PEPVTVSWNS	GALTSGVHTF	200
NVDHKPSNTK	VDKRVESKYG	250
SRTPEVTCVV	VDVSQEDPEV	300
SVLTVLHQDW	LNGKEYKCKV	350
SQEEMTKNQV	SLTCLVKGFY	400
FFLYSRLTVD	KSRWQEGNVF	450
GGGSQQLVQ	SGAEVKKPGA	500
WMGIINPSGG	RTSYAQMFGQ	550
ARDREEQWPV	GGFYDYGQGT	600
SGGGGSDIQM	TQSPSSLSAS	650
KLLIYSASNL	QSGVPSRFSG	700
PPTFGQGTKV	EIK	713
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: L-kappa anti-PDCD1 (L, L')		
DIQMTPSPSF	LSASVGDVRT	50
ASYRYSGVPS	RFSGSGSGTE	100
GTKLEIKRTV	AAPSVFIFPP	150
DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD	200
LSSPVTKSFN	RGEC	214

Post-translational modifications	
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro	
Intra-H (C23-C104)	22-96 144-200 258-318 364-422 476-550 629-694
Intra-H" (C23-C104)	22"-96" 144"-200" 258"-318" 364"-422" 476"-550" 629"-694"
Intra-L' (C23-C104)	23'-88' 134'-194'
Intra-L" (C23-C104)	23"-88" 134"-194"
Inter-H-L', inter-H"-L" (CH1 10-CL 126)	131-214' 131"-214"
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 > 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: 294, 294"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados

ninvosudilum
ninvosudil

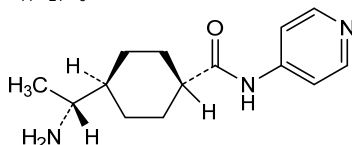
trans-4-[(1*R*)-1-aminoethyl]-*N*-(pyridin-4-yl)cyclohexane-1-carboxamide
Rho-associated protein kinase inhibitor

ninvosudil *trans*-4-[(1*R*)-1-aminoéthyl]-*N*-(pyridin-4-yl)cyclohexane-1-carboxamide
inhibiteur de la protéine kinase associée à Rho

ninvosudil *trans*-4-[(1*R*)-1-aminoetil]-*N*-(piridin-4-il)ciclohexano-1-carboxamida
inhibidor de la proteína kinasa asociada al Rho

C₁₄H₂₁N₃O

146986-50-7



nitocogenum parvecum #
nitocogene parvec

recombinant non-replicating adeno-associated virus vector of synthetic liver-tropic serotype 843 (rAAV843) encoding a codon-optimised truncated (B domain-deleted) variant of human blood coagulation factor VIII (hF8) preceded by a Kozak sequence and with expression under control of a synthetic liver-specific promoter (Lxp-2.1) and a synthetic miniature polyadenylation signal based on the rabbit beta-globin polyadenylation signal; flanked by adeno-associated virus 2 (AAV2) inverted terminal repeats (ITRs). An artificial 8 amino acid linker sequence connects the N-terminal part with the C-terminal part of the F8 transgene
gene therapy (hemophilia A)

nitocogène parvec

vecteur recombinant non répliatif du virus adéno-associé de sérotype 843 synthétique à tropisme hépatique (rAAV843), codant un variant tronqué (délétion du domaine B) du facteur VIII de coagulation sanguine humain (hF8), optimisé pour les codons, précédé d'une séquence Kozak et exprimé sous le contrôle d'un promoteur synthétique spécifique du foie (Lxp-2.1), et d'un signal de polyadénylation miniature synthétique basé sur le signal de polyadénylation de la bêta-globine de lapin; flanqué de répétitions terminales inversées (ITRs) du virus adéno-associé 2 (AAV2). Une séquence de liaison artificielle de 8 acides aminés relie la partie N-terminale à la partie C-terminale du transgène F8
thérapie génique (hémophilie A)

nitocogén parvec

vector de virus adenoasociado del serotipo sintético 843 hepatotrópico, recombinante (rAAV843), no replicativo, que codifica, con codones optimizados, la variante truncada (domino B delecionado) del factor de coagulación de la sangre humano VIII (hF8) precedido de una secuencia Kozak y con la expresión bajo el control de un promotor sintético específico de hígado (Lxp-2.1) y una secuencia de poliadenilación sintética en miniatura basada en la señal de poliadenilación de la beta-globina de conejo; flanqueado por repeticiones terminales invertidas (ITRs) del virus adenoasociado 2 (AAV2). Una secuencia artificial de unión de 8 aminoácidos conecta la parte N-terminal con la parte C-terminal del transgén F8
terapia génica (hemofilia A)

3033896-03-3

nomelcitinibum

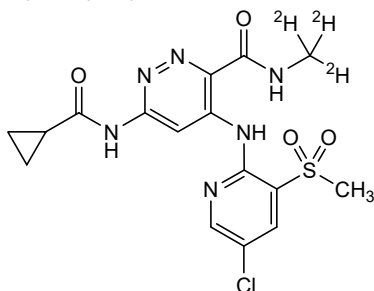
nomelcitinib

4-[[5-chloro-3-(methanesulfonyl)pyridin-2-yl]amino]-6-(cyclopropanecarboxamido)-*N*-(²H₃)methylpyridazine-3-carboxamide*Janus kinase inhibitor, anti-inflammatory, immunosuppressant*

nomelcitinib

4-[[5-chloro-3-(méthanesulfonyl)pyridin-2-yl]amino]-6-(cyclopropanecarboxamido)-*N*-(²H₃)méthylpyridazine-3-carboxamide*inhibiteur de la tyrosine kinase Janus, anti-inflammatoire, immunosuppresseur*

nomelcitinib

4-[[5-cloro-3-(metanosulfonyl)piridin-2-il]amino]-6-(ciclopropanecarboxamido)-*N*-(²H₃)metilpiridazina-3-carboxamida*inhibidor de la tirosina kinasa Janus, antiinflamatorio, inmunosupresor*C₁₆H₁₄²H₃ClN₆O₄S 2794195-73-4**obuprazinum**

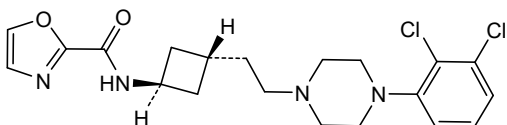
obuprazine

N-(*trans*-3-{2-[4-(2,3-dichlorophenyl)piperazin-1-yl]ethyl}cyclobutyl)-1,3-oxazole-2-carboxamide *antipsychotic*

obuprazine

N-(*trans*-3-{2-[4-(2,3-dichlorophényl)pipérazin-1-yl]éthyl}cyclobutyl)-1,3-oxazole-2-carboxamide *antipsychotique*

obuprazina

N-(*trans*-3-{2-[4-(2,3-diclorofenil)piperazin-1-il]etil}ciclobutil)-1,3-oxazol-2-carboxamida *antipsicótico*C₂₀H₂₄Cl₂N₄O₂ 2640663-79-0

olevaprubartum #

olevaprubart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF4 (tumor necrosis factor receptor (TNFR) superfamily member 4, OX40, CD134)], blocking, monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (87.8 %) -(IGHD) -IGHJ5*01 (86.7%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109))] (1-120) - *Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 8-G1v29 CH2 A84.4 (CH1 R120 (217) (121-218), hinge 1-15 (219-233), CH2 N84.4>A (300) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-218')-disulfide with L-kappa light chain (1'-218') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV3-5*01 (85.9%) -IGKJ1*01 (100%)/*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (81.2%) -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 (229-229":232-232")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, non-glycosylated
immunosuppressant, atopic dermatitis

olévaprubart

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF4 (membre 4 de la superfamille des récepteurs des facteurs de nécrose tumorale (TNFR), OX40, CD134)], anticorps monoclonal, bloquant; chaîne lourde H-gamma1 (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (87.8 %) -(IGHD) -IGHJ5*01 (86.7%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109))] (1-120) - *Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 8-G1v29 CH2 A84.4 (CH1 R120 (217) (121-218), charnière 1-15 (219-233), CH2 N84.4>A (300) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-218')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa (1'-218') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV3-5*01 (85.9%) -IGKJ1*01 (100%)/*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (81.2%) -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 (229-229":232-232")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, non-glycosylé
immunosuppresseur, dermatite atopique

olevaprubart

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF4 (miembro 4 de la superfamilia de los receptores de los factores de necrosis tumoral (TNFR), OX40, CD134)], anticuerpo monoclonal, bloqueante;
cadena pesada H-gamma1 (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (87.8 %) -(IGHD) -IGHJ5*01 (86.7%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109))] (1-120) - *Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 8-G1v29 CH2 A84.4 (CH1 R120 (217) (121-218), bisagra 1-15 (219-233), CH2 N84.4>A (300) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-218')-

disulfuro con la cadena ligera L-kappa (1'-218') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV3-5*01 (85.9%) -IGKJ1*01 (100%)/*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (81.2%) -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 (229-229":232-232")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, no glicosilado
immunosupresor, dermatitis atópica

3062612-72-7

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

QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT SYWVDWVRQA PGQGLEWMGN 50
IYPSDSETHY NQKFKDRVTM TRDTSTSTVY MELSSLSRSED TAVYYCARSY 100
GYYGTWFAYW GQGTILVTSS ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK 150
DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSVVV VPSSSLGTQT 200
YICNVNHKPS NTKVDKRVPE KSCDKTHTCP PCPAPELLGG PSVFLFPPKP 250
KDTLMISRTP EVTCVVVDVS HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREQYA 300
STYRVVSVLT VLHQDWLNGK EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ 350
VYTLPPSREE MTKNQVSLTC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV 400
LDSGGSFFLY SKLTVDKSRW QQGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPGK 450

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

DIVMTQSPDS LAVSLGERAT INCRASEVD SSGNSFMHWY QKPGQPPKL 50
LIYRASNLGS GVPDRFSGSG SGTDFTLTIS SLQAEDVAVY YCQQSNEDPW 100
TFGGGTLEI KRTVAAPSVF IFPPSDEQLK SGTASVVCLL NNFYPREAKV 150
QWKVDNALQS GNSQESVTEQ DSKDSTYSLS STLTLKADY EKHKVYACEV 200
THQGLSPVPT KSFNRGEC 218

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'-92' 138"-198"
23'" -92'" 138'" -198'"

Inter-H-L (h 5-CL 126) 223-218' 223"-218"

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-oxoprollyl) / pyroglutamyle (pE, 5-oxoprolyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)

HVH Q1: 1, 1"

No N-glycosylation sites / pas de sites de N-glycosylation / ningún posición de N-glycosilación
H CH2 N84.4>A (8-G1v29): 300, 300"C-terminal lysine clipping / Coupeure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 450, 450"**ombetoxabartum #**
ombetoxabart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Clostridioides difficile* toxin B (TcdB, C. *difficile* Toxin B)], humanized monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain humanized (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-3*01 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 R120 (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 M15.1>Y (254), S16>T (256), T18>E (258) (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* IGKV3-11*01 (85.3%) -IGKJ2*02 (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 a cell line of Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, glycoform alfa <i>Clostridium difficile</i> toxB protein inhibitor
ombéttoxabart	immunoglobuline G1-kappa, anti-[<i>Clostridioides difficile</i> toxine B (TcdB, <i>C. difficile</i> Toxine B)], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-449) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-3*01 (82.7%) -(IGHD) - IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) - <i>Homo sapiens</i> IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 R120 (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 M15.1>Y (254), S16>T (256), T18>E (258) (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 (<i>Homo sapiens</i> IGKV3-11*01 (85.3%) -IGKJ2*02 (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 (228-228":231-231")-bisdisulfure, produit dans une lignée cellulaire des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa <i>inhibiteur de la protéine toxB de Clostridium difficile</i>
ombetoxabart	immunoglobulina G1-kappa, anti-[<i>Clostridioides difficile</i> toxina B (TcdB, <i>C. difficile</i> Toxine B)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-449) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-3*01 (82.7%) -(IGHD) - IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) - <i>Homo sapiens</i> IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 R120 (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 M15.1>Y (254), S16>T (256), T18>E (258) (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 (<i>Homo sapiens</i> IGKV3-11*01 (85.3%) -IGKJ2*02 (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 (228-228":231-231")-bisdisulfuro, producido en una línea celular de las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, forma glicosilada alfa <i>inhibidor de la proteína toxB de Clostridium difficile</i>

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

QVQLVQSGAE	VKKPGASVKV	SCRASGYPT	NYFMHWVRQA	PGQRLEWIGR	50
INPYNGATSY	SLNFRDKATI	TLDKSASTAY	MELSSSLRSED	TAVYYCARST	100
ITSPLLDFWG	QGTTLVTVSSA	STKGPSVFPL	APSSKSTSGG	TAALGCLVKD	150
YFPEPVTVSW	NSGALTSGVH	TFPAVLQSSG	LYSLSSVTV	PSSSLGTQTY	200
ICNVNHKPSN	TKVDKRVEPK	SCDKTHTCPP	CPAPELLGGP	SVFLFPPKPK	250
DTLYITREPE	VTCVVVDVSH	EDPEVKFNWY	VDGVEVHNAK	TKPREEQYNS	300
TYRVVSVLTV	LHQDWLNGKE	YKCKVSNKAL	PAPIEKTISK	AKGQPREPQV	350
YTLPPSREEM	TKNQVSLTCL	VKGFYPSDIA	VEWESNGQPE	NNYKTTTPVL	400
DSGDSFFLYS	KLTVDKSRWQ	QGNVFSCSVM	HEALHNHYTQ	KSLSLSPGK	449

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

EIVLTQSPAT	LSSLSPGERAT	LSCRASQSVG	TSIHVYQQKP	GQAPRLLIKIF	50
ASESISGIPA	RFGSGSGGTD	FTLTISSELE	EDFAVYYCQQ	SNKWPTFGQ	100
GTKLEIKRTV	AAPSVFIFPP	SDEQLKSGTA	SVVCLLNNFY	PREAKVQWKV	150
DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD	STYSLSSSTLT	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	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-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: 299, 299"

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: 449, 449"

onrogadgenum parvecum #	
onrogadgene parvec	recombinant non-replicating adeno-associated virus serotype 2 (rAAV2) vector encoding human glutamatede carboxylase 2 (GAD2, 65kDa glutamic acid decarboxylase, GAD65, glutamate decarboxylase 65kDa isoform) under control of a cytomegalovirus (CMV) immediate-early enhancer and chicken beta β-promoter, Woodchuck hepatitis virus post-transcriptional regulatory element (WPRES) and a bovine growth hormone polyadenylation signal; flanked by AAV2 inverted terminal repeats (ITRs)
	gene therapy (Parkinson's disease)
onrogadgène parvec	vecteur recombinant non réplcatif du virus adéno-associé de sérotype 2 (rAAV2) codant la glutamate décarboxylase 2 humaine (GAD2, 65 kDa acide glutamique décarboxylase, GAD65, isoforme de 65 kDa de la glutamate décarboxylase), sous le contrôle d'un activateur immédiat précoce du cytomégalo­virus (CMV) et d'un promoteur de β-actine de poulet, d'un élément régulateur post-transcriptionnel du virus de l'hépatite de la marmotte (WPRES) et d'un signal de polyadénylation de l'hormone de croissance bovine; flanqué de répétitions terminales inversées (ITRs) d'AAV2
	thérapie génique (maladie de Parkinson)

onrogadg  n parvec vector de virus adenoasociado del serotipo 2 recombinante (rAAV2), no replicativo, que codifica la glutamato descarboxilasa 2 humana (GAD2, 65kDa   cido glut  mico descarboxilasa, GAD65, isoforma de 65kDa de la glutamato descarboxilasa) bajo el control de un potenciador inmediato-temprano del citomegalovirus (CMV) y un promotor de la   -actina de pollo, elemento regulador post-transcripcional del virus de la hepatitis de la marmota (WPRE) y una se  al de poliadenilaci  n de la hormona de crecimiento humana; flanqueado por repeticiones terminales invertidas (ITRs) del AAV2
terapia g  nica (enfermedad de Parkinson)

3056068-27-7

onvontatugum #

onvontatug

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)], monoclonal antibody;
 H-gamma1 heavy chain (1-448) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV1-20*02 (75.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%) S123>T (113)/*Homo sapiens* IGHV1-2*06 (73.5%) -(IGHD) -IGHJ6*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)], (221-218')-disulfide with L-kappa light chain (1'-218') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3D-11*02 (84.0%) -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 (227-227'':230-230'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
antineoplastic

onvontatug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* FOLR1 (r  cepteur 1 du folate, r  cepteur alpha du folate, FR-alpha, prot  ine de l'adulte liant le folate, FBP, antig  ne MOv18 associ      des tumeurs ovariennes)]; anticorps monoclonal;
 cha  ne lourde H-gamma1 (1-448) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV1-20*02 (75.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%) S123>T (113)/*Homo sapiens* IGHV1-2*06 (73.5%) -(IGHD) -IGHJ6*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), charni  re 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 D12 (357), L14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-218')-disulfure avec la cha  ne l  g  re L-kappa (1'-218') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3D-11*02 (84.0%) -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')]; dim  re (227-227'':230-230'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lign  e cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
antin  oplasique

onvontatug

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* FOLR1 (receptor 1 del folato, receptor alfa del folato, FR-alfa, prote  na del adulto que une al folato, FBP, ant  geno MOv18 asociado con los tumores ov  ricos)]; anticuerpo monoclonal;

cadena pesada H-gamma1 (1-448) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV1-20*02 (75.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%) S123>T (113)/*Homo sapiens* IGHV1-2*06 (73.5%) -(IGHD) -IGHJ6*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)], (221-218')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa (1'-218') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3D-11*02 (84.0%) -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 (227-227'':230-230'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa antineoplásico

3037073-85-8

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H'')
QVQLVQSGVE VKKPGASVKV SCKASGYSFT GYFMNWVRQA PGQGLEWIGR 50
IHPYDGDIFY NQNFKDKATL TVDKSTTTAY MELKSLQFDD TAVYYCTRYD 100
GSRAMDYWGQ GTTIVTVSSAS TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY 150
FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI 200
CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPELLGGPS VFLFPPKPKD 250
TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGEVHNNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPVY 350
TLPSPRDILT KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPPVL 400
SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L', L'')
EIVLTQSPAT LSLSPGERAT LSCASQSVS FAGTSLMHWY QKPGQAPRL 50
LIYRASNL EA GVPARFSGSG SKTDFTLTIS SLEPEDFAVY YCQQSREYPY 100
TFGGGTKEVI KRTVAAPSVF IFPPSDEQLK SGTASVVCLL NNFYPREAKV 150
QWKVDNALQS GNSQESVTEQ DSKDSTYSLS STLTLSKADY EKHKVYACEV 200
THQGLSPVIT KSFNRGEC 218

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 145-201 262-322 368-426
22"-96" 145"-201" 262"-322" 368"-426"
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) 227-227" 230-230"

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: 298, 298"
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 / Coupeure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 448, 448"

onvontatugum videtecanum #
onvontatug videtecan 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)], monoclonal antibody, conjugated on an average of eight cysteinyl residues to *videtecan*, comprising a linker and a camptothecin derivative (*exatecan*);

H-gamma1 heavy chain (1-448) [VH
Musmus/Homsap (*Mus musculus*IGHV1-20*02
(75.5%)-(IGHD)-IGHJ4*01 (93.3%) S123>T
(113)/*Homo sapiens*IGHV1-2*06 (73.5%)-(IGHD)
-IGHJ6*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)], (221-218')-disulfide
with L-kappa light chain (1'-218') [V-KAPPA (*Homo
sapiens*IGKV3D-11*02 (84.0%)-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 (227-227":230-230")-
bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary
(CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa,
substituted at the sulfur atoms of an average of
eight L-cysteiny residues among 221, 227, 230,
218', 221", 227", 230" and 218" with (3RS)-1-
[(30S)-30-[[[(2S)-1-[[[(2S)-5-(carbamoylamino)-1-{4-
[[[(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)methyl]anilino]-1-oxopentan-2-
yl]amino]-3-methyl-1-oxobutan-2-yl]carbamoyl]-
26,32-dioxo-2,5,8,11,14,17,20,23-octaoxa-27,31-
diazatritriacontan-33-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl
(*videtecan*) groups
antineoplastic

onvontatug vidétécan

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 en moyenne
au *vidétécan*, comprenant un coupleur et un dérivé
de la camptothécine (*exatécan*);
chaîne lourde H-gamma1 (1-448) [VH
Musmus/Homsap (*Mus musculus*IGHV1-20*02
(75.5%)-(IGHD)-IGHJ4*01 (93.3%) S123>T
(113)/*Homo sapiens*IGHV1-2*06 (73.5%)-(IGHD)
-IGHJ6*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)], (221-218')-
disulfure avec la chaîne légère L-kappa (1'-218')
[V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3D-11*02 (84.0%)-
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
(227-227":230-230")-bisdisulfure, produit dans des
cellules ovariennes de hamster chinois (CHO),
lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa;

substitué sur les atomes de soufre d'une moyenne de huit résidus L-cystéinyle parmi 221, 227, 230, 218', 221'', 227'', 230'' and 218''' avec des groupes (3*RS*)-1-[(30*S*)-30-{{{(2*S*)-1-{{{(2*S*)-5-(carbamoylamino)-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*]quinoléin-1-yl}carbamoyl}oxy)méthyl}anilino)-1-oxopentan-2-yl]amino)-3-méthyl-1-oxobutan-2-yl}carbamoyl]-26,32-dioxo-2,5,8,11,14,17,20,23-octaoxa-27,31-diazatritriacontan-33-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (*videtécán*)

antineoplasique

onvontatug videtecán

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* FOLR1 (receptor 1 del folato, receptor alfa del folato, FR-alfa, proteína del adulto que une al folato, FBP, antígeno MOv18 asociado con los tumores ováricos)]; anticuerpo monoclonal, conjugado por ocho residuos cisteinilo en promedio con *videtecán*, que comprende un conector y un derivado de la camptotecina (*exatecán*); cadena pesada H-gamma1 (1-448) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV1-20*02 (75.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%) S123>T (113)/*Homo sapiens* IGHV1-2*06 (73.5%) -(IGHD) -IGHJ6*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)], (221-218')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa (1'-218') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3D-11*02 (84.0%) -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 (227-227''':230-230'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa; sustituido en los átomos de azufre de un promedio de ocho residuos de L-cisteinilo entre 221, 227, 230, 218', 221'', 227'', 230'' and 218''' con grupos (3*RS*)-1-[(30*S*)-30-{{{(2*S*)-1-{{{(2*S*)-5-(carbamoylamino)-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*]quinolein-1-il}carbamoyl}oxi)metil}anilino)-1-oxopentan-2-il]amino)-3-metil-1-oxobutan-2-il}carbamoyl]-26,32-dioxo-2,5,8,11,14,17,20,23-octaoxa-27,31-diazatritriacontan-33-il]-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo (*videtecán*)

antineoplásico

3061614-65-8

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

QVQLVQSGVE VKKPGASVKV SCKASGYSFT GYFMNWRQA PGQGLEWIGR 50
 IHPYDGGDTFY NQNFKDKATL TVDKSTTTAY MELKSLQFDD TAVYYCTRYD 100
 GSRAMDYWGQ GTTIVTVSSAS TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY 150
 FPEPVTYSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI 200
 CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPELLGGPS VFLFPPKPKD 250
 TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
 YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY 350
 TLPSPSRDELT KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD 400
 SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ GNVFSCSVMH EALHNYHTQK SLSLSPGK 448

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

EIVLTQSPAT LSLSPGERAT LSCASQSVS FAGTSLMHWY QQKPGQAPRL 50
 LIYRASNL EA GVPARFSGSG SKTDFTLTIS SLEPEDFAVY YCQQSREYPI 100
 TFGGGTKVEI KRTVAAPSVF IFPPSDEQLK SGTASVVCLL NNFYPREAKV 150
 QWKVDNALQS GNSQESVTEQ DSKDSTYSLS STLTLISKADY 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" 262"-322" 368"-426"
 22"-96" 145"-201" 262"-322" 368"-426"

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)* 227"-227" 230"-230"

*The four inter-chain disulfide bridges are not present, an average of eight cysteinyl are conjugated, each via a thioester bond, to a drug linker.

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

*Los cuatro puentes disulfuro intercatenarios no están presentes, un promedio de ocho 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) / 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: 298, 298"

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

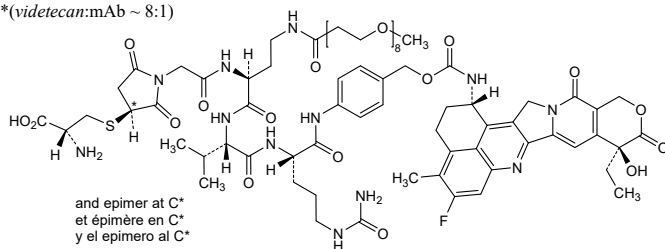
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: 448, 448"

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

C (221, 227, 230, 218*, 221", 227", 230" and 218''')

*(videtecan:mAb ~ 8:1)



orevandrodegum

orevandrodeg

2-[3¹(3⁴)-*trans*-(7³*R*,7⁵*S*)-1⁶-cyano-2⁴,2⁴,7³,7⁵-tetramethyl-2⁵-oxo-2²-sulfanylidene-1⁵-(trifluoromethyl)-4-oxa-7(1)-piperazina-1(3)-pyridina-2(1,3)-imidazolidina-3(1,4)-cyclohexanaheptaphan-7⁴-yl]-*N*-(3-[[[(3*S*)-2,6-dioxopiperidin-3-yl]amino]phenyl]acetamide
androgen receptor degradation inducer, antineoplastic

orévandrodeg

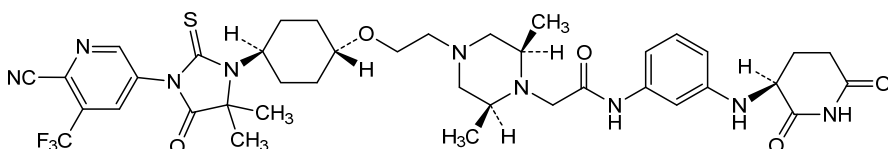
2-[3¹(3⁴)-*trans*-(7³*R*,7⁵*S*)-1⁶-cyano-2⁴,2⁴,7³,7⁵-tétraméthyl-2⁵-oxo-2²-sulfanylidène-1⁵-(trifluorométhyl)-4-oxa-7(1)-pipérazina-1(3)-pyridina-2(1,3)-imidazolidina-3(1,4)-cyclohexanaheptaphan-7⁴-yl]-*N*-(3-[[[(3*S*)-2,6-dioxopipéridin-3-yl]amino]phényl]acétamide
induction de la dégradation du récepteur aux androgènes, antinéoplasique

orevandrodeg

2-[3¹(3⁴)-*trans*-(7³*R*,7⁵*S*)-1⁶-ciano-2⁴,2⁴,7³,7⁵-tetrametil-2⁵-oxo-2²-sulfanilideno-1⁵-(trifluorometil)-4-oxa-7(1)-piperazina-1(3)-piridina-2(1,3)-imidazolidina-3(1,4)-ciclohexanaheptafan-7⁴-il]-*N*-(3-[[[(3*S*)-2,6-dioxopiperidin-3-il]amino]fenil]acetamida
inductor de la degradación del receptor androgénico, antineoplásico

C₃₉H₄₈F₃N₉O₅S

2756845-16-4

**orvanesibum**

orvanesib

N-*tert*-butyl-3-[5''-(ethanesulfonamido)dispiro[cyclopropane-1,1'-cyclohexane-4',3''-indole]-1''(2''*H*)-carbonyl]benzene-1-sulfonamide
kinesin inhibitor, antineoplastic

orvanésib

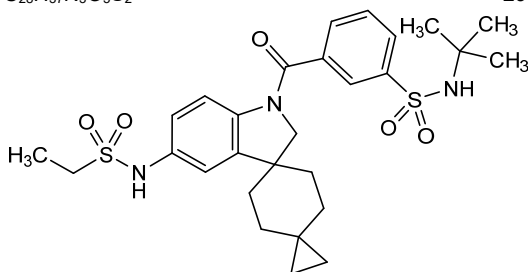
N-*tert*-butyl-3-[5''-(éthanesulfonamido)dispiro[cyclopropane-1,1'-cyclohexane-4',3''-indole]-1''(2''*H*)-carbonyl]benzène-1-sulfonamide
inhibiteur de la kinésine, antinéoplasique

orvanesib

N-*terc*-butil-3-[5''-(etanosulfonamido)diespiro[ciclopropano-1,1'-ciclohexano-4',3''-indol]-1''(2''*H*)-carbonil]benceno-1-sulfonamida
inhibidor de la kinesina, antineoplásico

C₂₈H₃₇N₃O₅S₂

2914879-10-8



otefprodilum

otefprodil

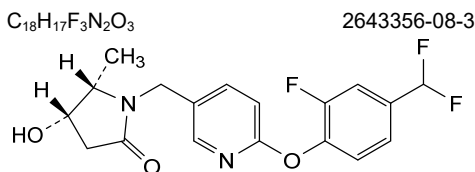
(4*S*,5*S*)-1-({6-[4-(difluorométhyl)-2-fluorophénoxy]pyridin-3-yl)méthyl}-4-hydroxy-5-méthylpyrrolidin-2-one
N-methyl-*D*-aspartate (NMDA) receptor antagonist, antidepressant

otefprodil

(4*S*,5*S*)-1-({6-[4-(difluorométhyl)-2-fluorophénoxy]pyridin-3-yl)méthyl}-4-hydroxy-5-méthylpyrrolidin-2-one
 antagoniste des récepteurs du *N*-méthyl-*D*-aspartate (NMDA), antidépresseur

otefprodil

(4*S*,5*S*)-1-({6-[4-(difluorometil)-2-fluorofenoxi]piridin-3-il)métill}-4-hidroxi-5-metilpirrolidin-2-ona
 antagonista del receptor de *N*-metil-*D*-aspartato (NMDA), antidepresivo

**ozunacogenum parvecum #**

ozunacogene parvec

recombinant non-replicating bidirectional adeno-associated virus serotype 8 (rAAV8) vector encoding two copies of human coagulation factor IX (FIX, F9) in opposite tail-to-tail orientation. Each FIX transgene is preceded by a murine albumin splice acceptor to ensure DNA insertion into intron 1 of the albumin (ALB) locus when administered in association with *taziguran* and *ziclumeran*. One FIX transgene is terminated with a simian virus 40 (SV40) polyadenylation signal and one with a bovine growth hormone polyadenylation signal. Both transgenes are CpG depleted and do not encode the endogenous FIX signal peptide. The vector genome is flanked by AAV2 inverted terminal repeats (ITRs). Following factor IX (F9) DNA insertion into the ALB locus, the transcribed messenger RNA codes for a hybrid protein which includes the ALB signal peptide and F9 pro-peptide sequences that are both removed during the process of F9 protein maturation, resulting in wild-type human F9 protein
gene therapy (hemophilia B)

ozunacogène parvec

vecteur recombinant non réplcatif bidirectionnel du virus adéno-associé de sérotype 8 (rAAV8) codant deux copies du facteur IX de coagulation humaine (FIX, F9), en orientation queue à queue. Chaque transgène FIX est précédé d'un accepteur d'épissage d'albumine murine, afin d'assurer l'insertion de l'ADN dans l'intron 1 du locus albumine (ALB) lorsqu'il est administré en association avec *taziguran* et *ziclumérane*. Un transgène FIX est terminé par un signal de polyadénylation du virus simien 40 (SV40) et l'autre

par un signal de polyadénylation de l'hormone de croissance bovine. Les deux transgènes sont dépourvus de CpG et ne codent pas le peptide signal endogène du FIX. Le génome du vecteur est flanqué de répétitions terminales inversées (ITRs) AAV2. Après l'insertion de l'ADN du facteur IX (F9) dans le locus ALB, l'ARN messager transcrit code une protéine hybride qui comprend le peptide signal de l'ALB et les séquences propeptidiques du F9, qui sont éliminées au cours du processus de maturation de la protéine F9, ce qui donne le type sauvage de la protéine F9 humaine

thérapie génique (hémophilie B)

ozunacogén parvec

vector de virus adenoasociado del serotipo 8 recombinante (rAAV8), no replicativo, bidireccional, que codifica dos copias del factor de coagulación IX (FIX, F9) humano en orientación opuesta cola con cola. Cada transgén está precedido por un sitio aceptor del procesamiento de la albúmina murina para asegurar la inserción del ADN en el intrón 1 del locus de la albúmina (ALB) cuando se administra en asociación con *taziguran* y *ziclumeran*. Un transgén de FIX se termina con una señal de poliadenilación del virus simio 40 (SV40) y otro con una señal de poliadenilación de la hormona de crecimiento bovina. Ambos transgenes están deplecionados en CpG y no codifican el péptido señal endógeno de FIX. El genoma del vector está flanqueado por repeticiones terminales invertidas (ITRs) de AAV2. Tras la inserción del ADN del factor IX (F9) en el locus ALB, el ARN mensajero transcrito codifica una proteína híbrida que incluye el péptido señal de ALB y secuencias propéptido de F9 que se eliminan durante el proceso de maduración de la proteína F9, resultando en el tipo salvaje de la proteína F9 humana

terapia génica (hemofilia B)

3062583-60-9

parunoflastum

parunoflast

2-(6-{{(R)-hydroxy[(3R)-1-methylpiperidin-3-yl]methyl}-4-methylpyridazin-3-yl)-5-(trifluoromethyl)phenol
NLRP3 inflammasome inhibitor, non-steroidal anti-inflammatory

parunoflast

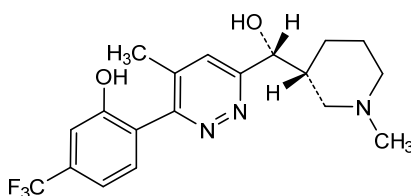
2-(6-{{(R)-hydroxy[(3R)-1-méthylpipéridin-3-yl]méthyl}-4-méthylpyridazin-3-yl)-5-(trifluorométhyl)phénol
inhibiteur de l'inflammasome NLRP3, anti-inflammatoire non stéroïdien

parunoflast

2-(6-{{(R)-hidroxil[(3R)-1-metilpiperidin-3-il]metil}-4-metilpiridazin-3-il)-5-(trifluorometil)fenol
inhibidor del inflammasoma NLRP3, antiinflamatorio no esteroide

$C_{19}H_{22}F_3N_3O_2$

2982797-42-0

**pelerasertibum**

pelerasertib

7¹(7⁴)-trans-(1²R,1⁶S)-4⁵-fluoro-1²,1⁶-dimethyl-5-oxa-3-aza-1(4)-morpholina-4(2,4)-pyrimidina-2(1,4)-benzena-7(1)-cyclohexanaheptaphan-7⁴-ol
serine/threonine kinase inhibitor, Alzheimer's disease

péléraseritib

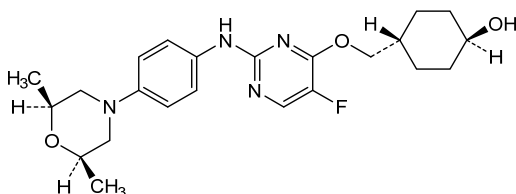
7¹(7⁴)-trans-(1²R,1⁶S)-4⁵-fluoro-1²,1⁶-diméthyl-5-oxa-3-aza-1(4)-morpholina-4(2,4)-pyrimidina-2(1,4)-benzéna-7(1)-cyclohexanaheptaphan-7⁴-ol
inhibiteur de sérine/thréonine kinases, maladie d'Alzheimer

pelerasertib

7¹(7⁴)-trans-(1²R,1⁶S)-4⁵-fluoro-1²,1⁶-dimetil-5-oxa-3-aza-1(4)-morfolina-4(2,4)-pirimidina-2(1,4)-bencena-7(1)-ciclohexanaheptafan-7⁴-ol
inhibidor de la serina/treonina kinasa, enfermedad de Alzheimer

 $C_{23}H_{31}FN_4O_3$

3062455-92-6

**perloclengenum parvecum #**

perloclengene parvec

recombinant non-replicating adeno-associated virus serotype 9 (rAAV9) vector encoding codon-optimised tripeptidyl-peptidase 1 (TPP1; lysosomal pepstatin-insensitive protease, CLN2 [ceroid-lipofuscinosis neuronal 2]) under control of a cytomegalovirus (CMV) immediate-early enhancer/chicken β -actin promoter with transcription enhancement by the chicken β -actin intron, terminated with a rabbit β -globin (rBG) polyadenylation signal; flanked by AAV2 inverted terminal repeats (ITRs)
gene therapy (neuronal ceroid lipofuscinosis)

perlocleugène parvec

vecteur recombinant non répliquatif du virus adéno-associé de sérotype 9 (rAAV9) codant, avec des codons optimisés, pour la tripeptidyl-peptidase 1 (TPP1; protéase insensible à la pepstatine lysosomale, CLN2 [céroïde-lipofuscinose neuronale 2]) sous le contrôle d'un activateur immédiat précoce du cytomégalo-virus (CMV)/promoteur de la β -actine de poulet, avec amélioration de la transcription par l'intron de la β -actine de poulet, terminé par un signal de polyadénylation de la β -globine de lapin (rBG); flanqué de répétitions terminales inversées (ITRs) d'AAV2
thérapie génique (lipofuscinose cérébrale neuronale)

perlocleugén parvec

vector de virus adenoasociado del serotipo 9 recombinante (rAAV9), no replicativo, que codifica, con codones optimizados, la tripeptidil peptidasa 1 (TPP1; proteasa insensible a pepstatina lisosomal, CLN2 [ceroide-lipofuscinosis neuronal 2]) bajo el control de un potenciador inmediato-temprano del citomegalovirus (CMV)/promotor de la β -actina de pollo con potenciamiento de la transcripción por el intrón de la β -actina de pollo, terminado con una señal de poliadenilación de la β -globina de conejo (rBG); flanqueado por repeticiones terminales invertidas (ITRs) del AAV2
terapia génica (lipofuscinosis cerebro neuronal)

3064385-67-4

pertuzumabum beta #
pertuzumab beta

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ERBB2 (epidermal growth factor receptor 2, receptor tyrosine-protein kinase erbB-2, EGFR2, HER2, HER-2, p185c-erbB2, NEU, CD340)], humanized monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain humanized (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 (100%) G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 (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-NL1*01 (84.2%) - 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 (228-228":231-231")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, lacking the enzyme alpha-(1,6)-fucosyltransferase (FUT8-KO), glycoform alfa
antineoplastica

pertuzumab bêta

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ERBB2 (récepteur 2 du facteur de croissance épidermique, récepteur tyrosine-protéine kinase erbB-2, EGFR2, HER2, HER-2, p185c-erbB2, NEU, CD340)], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde H-gamma1 humanisée (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 (100%) G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 (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-NL1*01 (84.2%) -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 (228-228":231-231")-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 *antineoplasique*

pertuzumab beta

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ERBB2 (receptor 2 del factor de crecimiento epidérmico, receptor proteína tirosina-kinasa erbB-2, EGFR2, HER2, HER-2, p185c-erbB2, NEU, CD340)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada H-gamma1 humanizada (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 (100%) G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 (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-NL1*01 (84.2%) -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 (228-228":231-231")-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 *antineoplásico*

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H^{''})
EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFT DYTMDWVRQA PGKGLEWVAD 50
VNPNSGGSIY NQRFKGRFTL SVDRSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARNL 100
GPSYFYDYGW QGTLVTVSSA STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAAALGCLVKD 150
YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFPAVLQSSG LYSLSVVTVV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHHKPSN TKVDKKVEPK SCDKTHTCPP CPAPELLGGP SVFLFPPKPK 250
DTLMISRTP E VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLT V LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
YTLPPSREEM TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL 400
DSDGGSFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L^{''})
DIQMTQSPSS LSASVGDRTV ITCKASQDVS IGVAWYQKP GKAPKLLIYS 50
ASYRYTGVPS RFGSGSGSTD FTLTISSLQP EDFATYYCQQ YYIYPYTFGQ 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWVK 150
TNALQSGNSQ 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) 22-96 146-202 263-323 369-427
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"
Afucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires
complexes afucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos afucosilados
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 449, 449"

pexamsiranum
pexamsiran

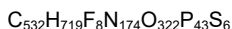
[(2*S*,4*R*)-1-{1-[(2-acetamido-2-deoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]-16,16-bis{[3-[(3-{5-[(2-acetamido-2-deoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]pentanamido}propyl)amino]-3-oxopropoxy)methyl}-5,11,18-trioxo-14-oxa-6,10,17-triazanonacosan-29-oyl]-4-hydroxypyrrolidin-2-yl}[methyl hydrogen *all-P-ambo*-2'-O-methyl-*P*-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-methyl-*P*-thioguanlyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorocytidylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorocytidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorouridylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(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-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methyl-3'-adenylate, duplex with *all-P-ambo*-2'-O-methyl-*P*-thioadenylyl-(5'→3')-2'-O-methyl-*P*-thiocytidylyl-(5'→3')-2'-O-methyladenylyl-(5'→3')-2'-O-methylcytidylyl-(5'→3')-2'-O-methylguanylyl-(5'→3')-2'-O-methyluridylyl-(5'→3')-2'-O-methyluridylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(5'→3')-2'-O-methylguanylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluorocytidylyl-(5'→3')-2'-O-methylguanylyl-(5'→3')-2'-O-methyladenylyl-(5'→3')-2'-O-methyluridylyl-(5'→3')-2'-O-methyladenylyl-(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'-O-methyladenylyl-(5'→3')-2'-O-methyl-*P*-thioguanlyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoro-*P*-thioadenylyl-(5'→3')-2'-O-methyluridine *plasmínogen synthesis reducer, hereditary haemorrhagic telangiectasia*

péxamsiran

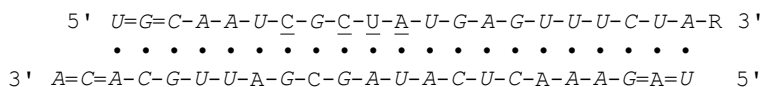
[(2*S*,4*R*)-1-{1-[(2-acétamido-2-désoxy-β-*D*-galactopyranosyl)oxy]-16,16-bis({3-[(3-{5-[(2-acétamido-2-désoxy-β-*D*-galactopyranosyl)oxy]pentanamido}propyl)amino]-3-oxopropoxy)méthyl)-5,11,18-trioxo-14-oxa-6,10,17-triazanonacosan-29-oyl}-4-hydroxypyrrolidin-2-yl)méthyl hydrogene *tout-P-ambo*-2'-*O*-méthyl-*P*-thiouridylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyl-*P*-thioguanilyl-(3'→5')-2'-*O*-méthylcytidilyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyladenilyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyladenilyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorocytidylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluorocytidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluorouridylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroadénylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyladenilyl-(3'→5')-2'-*O*-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthylcytidilyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyl-3'-adénylate, duplex avec *tout-P-ambo*-2'-*O*-méthyl-*P*-thioadénylyl-(5'→3')-2'-*O*-méthyl-*P*-thiocytidylyl-(5'→3')-2'-*O*-méthyladenilyl-(5'→3')-2'-*O*-méthylcytidilyl-(5'→3')-2'-*O*-méthylguanylyl-(5'→3')-2'-*O*-méthyluridylyl-(5'→3')-2'-*O*-méthyluridylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoroadénylyl-(5'→3')-2'-*O*-méthylguanylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluorocytidylyl-(5'→3')-2'-*O*-méthylguanylyl-(5'→3')-2'-*O*-méthyladenilyl-(5'→3')-2'-*O*-méthyluridylyl-(5'→3')-2'-*O*-méthyladenilyl-(5'→3')-2'-*O*-méthylcytidilyl-(5'→3')-2'-*O*-méthyluridylyl-(5'→3')-2'-*O*-méthylcytidilyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoroadénylyl-(5'→3')-2'-*O*-méthyladenilyl-(5'→3')-2'-*O*-méthyladenilyl-(5'→3')-2'-*O*-méthyl-*P*-thioguanilyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoro-*P*-thioadénylyl-(5'→3')-2'-*O*-méthyluridine réducteur de la synthèse du plasminogène, télangiectasie hémorragique héréditaire

pexamsirán

[(2*S*,4*R*)-1-{1-[(2-acetamido-2-desoxi-β-*D*-galactopiranosil)oxi]-16,16-bis({3-[(3-{5-[(2-acetamido-2-desoxi-β-*D*-galactopiranosil)oxi]pentanamido}propil)amino]-3-oxopropoxi)metil)-5,11,18-trioxo-14-oxa-6,10,17-triazanonacosan-29-oil}-4-hidroxi-pirrolidin-2-il)]metil hidrógeno *todo-P-ambo*-2'-*O*-metil-*P*-tiouridilil-(3'→5')-2'-*O*-metil-*P*-tioguanilil-(3'→5')-2'-*O*-metilcitidilil-(3'→5')-2'-*O*-metiladenilil-(3'→5')-2'-*O*-metiladenilil-(3'→5')-2'-*O*-metiluridilil-(3'→5')-2'-deoxi-2'-fluorocitidilil-(3'→5')-2'-*O*-metilguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorocitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorouridilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroadenilil-(3'→5')-2'-*O*-metiluridilil-(3'→5')-2'-*O*-metilguanilil-(3'→5')-2'-*O*-metiladenilil-(3'→5')-2'-*O*-metiluridilil-(3'→5')-2'-*O*-metiluridilil-(3'→5')-2'-*O*-metiluridilil-(3'→5')-2'-*O*-metilcitidilil-(3'→5')-2'-*O*-metiluridilil-(3'→5')-2'-*O*-metil-3'-adenilato, dúplex con *todo-P-ambo*-2'-*O*-metil-*P*-tioadenilil-(5'→3')-2'-*O*-metil-*P*-tiocitidilil-(5'→3')-2'-*O*-metiladenilil-(5'→3')-2'-*O*-metilcitidilil-(5'→3')-2'-*O*-metilguanilil-(5'→3')-2'-*O*-metiluridilil-(5'→3')-2'-*O*-metiluridilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluoroadenilil-(5'→3')-2'-*O*-metilguanilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluorocitidilil-(5'→3')-2'-*O*-metilguanilil-(5'→3')-2'-*O*-metiladenilil-(5'→3')-2'-*O*-metiluridilil-(5'→3')-2'-*O*-metiladenilil-(5'→3')-2'-*O*-metilcitidilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluoroadenilil-(5'→3')-2'-*O*-metiladenilil-(5'→3')-2'-*O*-metiladenilil-(5'→3')-2'-*O*-metil-*P*-tioguanilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluoro-*P*-tioadenilil-(5'→3')-2'-*O*-metiluridina reductor de la síntesis de plasminógeno, telangiectasia hemorrágica hereditaria



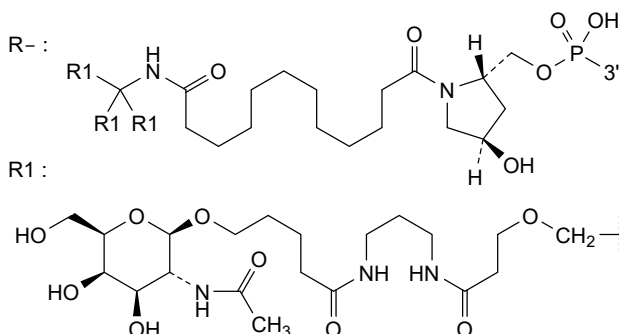
3056860-75-1



N : nucleotide / nucléotide / nucleótido

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

$$- : -\text{PO}(\text{OH})-$$
$$= \text{---PO(SH)---}$$


pexerelgonum

pexerelgon

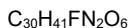
1¹(1⁴)-*cis*-(6¹S,6²R,6³S,6⁴R)-3⁶-fluoro-3⁴-methoxy-1⁴,10¹-dimethyl-4,7-dioxo-2-oxa-5,8-diaza-6(2,3)-bicyclo[2.2.1]heptana-3(1,3)-benzena-1(1)-cyclohexana-10(1)-cyclobutanadecaphane-1⁴-carboxylic acid
G-protein-coupled receptor RXFP1 agonist, heart failure

pexérelgon

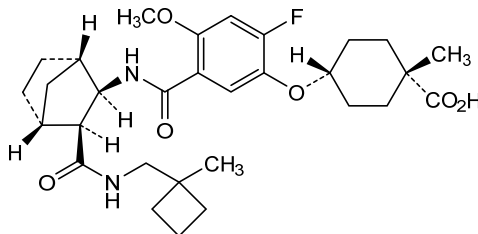
acide 1'(14)-*cis*-(6'S,6'R,6'S,6'R)-36-fluoro-3'-méthoxy-1',10'-diméthyl-4,7-dioxo-2-oxa-5,8-diaza-6(2,3)-bicyclo[2.2.1]heptana-3(1,3)-benzéna-1(1)-cyclohexana-10(1)-cyclobutanadécaphane-14-carboxylique
agoniste du récepteur RXFP1 couplé aux protéines G, insuffisance cardiaque

pexerelgón

ácido 1¹(1⁴)-*cis*-(6¹S,6²R,6³S,6⁴R)-3⁶-fluoro-3⁴-metoxi-1⁴,10¹-dimetil-4,7-dioxo-2-oxa-5,8-diaza-6(2,3)-biciclo[2.2.1]heptana-3(1,3)-bencena-1(1)-ciclohexana-10(1)-ciclobutanadecafano-1⁴-carboxílico



2787501-83-9



pixotefgenum adrecelum #

pixotefgene adrecel

irradiated allogeneic human GP2-293 cells (derived from the human embryonic kidney cell line HEK-293) transduced with a Moloney murine leukaemia virus (MMLV)-derived vector encoding modified human transforming growth factor beta-1 (TGF- β 1) with transcription under control of a cytomegalovirus (CMV) promoter and terminated with an AATAAA polyadenylation signal. The vector genome also comprises a 5' long terminal repeat (LTR), splice donor (SD), viral packaging signal (ψ), splice acceptor (SA), and a 3' LTR. The vector is pseudotyped with vesicular stomatitis virus (VSV) envelope glycoprotein G.

The GP2-293 cell line was transduced with the MMLV vector encoding the transgene. A single clone was selected and further expanded to generate a master cell bank (MSC) and a working cell bank (WCB). Cells derived from the WCB were expanded in media supplemented with fetal bovine serum, in the absence of antibiotics and under 2D culture conditions using type I collagen-coated culture vessels. The final cellular component was irradiated to render the cells replication-incompetent. The cells have the same DNA profile as HEK-293 cells, express the modified human TGF- β 1 protein, and similar epithelial surface markers as HEK-293 and GP2-293 cell lines, including CD324, CD147 and ephrin type-A receptor 2 (EphA2) *cell-based gene therapy (tissue regeneration)*

pixotefgène adrécél

cellules allogéniques humaines GP2-293 irradiées (dérivées de la lignée cellulaire rénale embryonnaire humaine HEK-293) transduites avec un vecteur dérivé du virus de la leucémie murine de Moloney (MMLV), codant le facteur de croissance transformant bêta-1 humain modifié (TGF- β 1), avec transcription sous le contrôle d'un promoteur du cytomégalovirus (CMV) et terminé par un signal de polyadénylation AATAAA. Le génome du vecteur comprend également une répétition terminale longue (LTR) en 5', un donneur d'épissage (SD), un signal d'encapsulation virale (ψ), un accepteur d'épissage (SA) et un LTR en 3'. Le vecteur est pseudotypé avec la glycoprotéine G d'enveloppe du virus de la stomatite vésiculaire (VSV).

La lignée cellulaire GP2-293 a été transduite avec le vecteur MMLV codant le transgène. Un clone unique a été sélectionné et développé pour générer une banque de cellules mères (MCB) et une banque de cellules de travail (WCB). Les cellules dérivées de la WCB ont été développées dans un milieu supplémenté en sérum fœtal bovin, en l'absence d'antibiotiques, et en conditions de culture 2D, dans des récipients recouverts de collagène de type I. Le composant cellulaire final a été irradié pour rendre les cellules inaptes à la réplication. Les cellules présentent le même profil ADN que les cellules HEK-293, expriment la protéine TGF- β 1 humaine modifiée et présentent des marqueurs de surface épithéliale similaires aux lignées cellulaires HEK-293 et GP2-293, notamment CD324, CD147 et le récepteur de l'éphrine de type A 2 (EphA2) *thérapie génique à base de cellules (régénération tissulaire)*

pixotefgén adrecel

células humanas alogénicas GP2-293 irradiadas (derivadas de la línea celular de riñón embrionario humano HEK-293) transducidas con un vector derivado del virus de la leucemia de Moloney murino (MMLV) que codifica el factor de crecimiento transformante beta-1 (TGF- β 1) modificado con transcripción bajo el control de un promotor de citomegalovirus (CMV) y terminado con una señal de poliadeilación AATAAA. El genoma del vector también contiene una repetición terminal larga (LTR) en 5', un donante de procesamiento (SD), una señal de empaquetamiento (ψ), un aceptor de procesamiento (SA) y una LTR en 3'. El vector está pseudotipado con la glicoproteína G de la envuelta del virus de la estomatitis vesicular (VSV). La línea celular GP2-293 fue transducida con el vector MMLV que codifica el transgén. Se seleccionó un único clon que se expandió más hasta generar un banco de células maestro (MSC) y un banco de células de trabajo (WCB). Las células derivadas del WCB se expandieron en medio suplementado con suero bovino fetal, en ausencia de antibióticos y en condiciones de cultivo 2D usando recipientes de cultivo forrados con colágeno tipo I. El componente celular final se irradió para hacer a las células incompetentes para la replicación. Las células tienen el mismo perfil de ADN que las células HEK-293, expresan la proteína TGF- β 1 humana modificada y marcadores de superficie epiteliales similares a los de las líneas celulares HEK-23 y GP2-293, incluyendo CD324, CD147 y el receptor de efrina tipo A 2 (EphA2) *terapia génica basada en células (regeneración tisular)*

poterepatidum
poterepatide

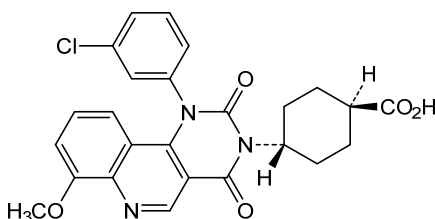
L-tyrosyl-2-methylalanyl-L- α -glutamylglycyl-L-threonyl- α -methyl-L-phenylalanyl-L-threonyl-L-seryl-L- α -aspartyl-L-tyrosyl-2-methylalanyl-L-isoleucyl-2-methylalanyl-L-leucyl-L- α -aspartyl-L-lysyl-L-glutamyl-L-alanyl-L-glutamyl-L-alanyl-L- α -glutamyl-L-phenylalanyl-L-valyl-N⁶-[(31S)-31,53-dicarboxy-10,19,28,33-tetraoxo-3,6,12,15,21,24-hexaoxa-9,18,27,32-tetraazatripentacontan-1-oyl]-L-lysyl-L-tryptophyl-L-leucyl-L-leucyl-L-lysylglycylglycyl-L-prolyl-L-seryl-L-serylglycyl-L-alanyl-L-prolyl-L-prolyl-L-prolyl-L-seryl-L-lysineamide
gastric inhibitory polypeptide (GIP) and glucagon-like peptide 1 (GLP-1) receptor agonist, antidiabetic

potérépatide

L-tyrosyl-2-méthylalanyl-L- α -glutamylglycyl-L-thréonyl- α -méthyl-L-phénylalanyl-L-thréonyl-L-séryl-L- α -aspartyl-L-tyrosyl-2-méthylalanyl-L-isoleucyl-2-méthylalanyl-L-leucyl-L- α -aspartyl-L-lysyl-L-glutamyl-L-alanyl-L-glutamyl-L-alanyl-L- α -glutamyl-L-phénylalanyl-L-valyl-N⁶-[(31S)-31,53-dicarboxy-10,19,28,33-tétraoxo-3,6,12,15,21,24-hexaoxa-9,18,27,32-tétraazatripentacontan-1-oyl]-L-lysyl-L-tryptophyl-L-leucyl-L-leucyl-L-lysylglycylglycyl-L-prolyl-L-séryl-L-sérylglycyl-L-alanyl-L-prolyl-L-prolyl-L-prolyl-L-séryl-L-lysineamide
agoniste du récepteur du polypeptide inhibiteur gastrique (GIP) et du peptide-1 de type glucagon (GLP-1), antidiabétique

$C_{25}H_{22}ClN_3O_5$

2545665-41-4

**radanstobartum #**

radanstobart

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* BTLA (B and T lymphocyte attenuator, BTLA1, CD272)], humanized monoclonal antibody; H-gamma4 heavy chain humanized (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-4*02 (80.8%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (90.9%) L123>T (115), 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 (CH1 (121-218), hinge 1-12 S10>P (228) (219-230), CH2 L92 (309) (231-340), CH3 (341-445), CHS (446-447)) (121-447)], (134-219')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (78.2%) -IGKJ2*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 Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
immunostimulant, antineoplastic

radanstobart

immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* BTLA (atténuateur des lymphocytes B et T, BTLA1, CD272)], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde H-gamma4 humanisée (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-4*02 (80.8%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (90.9%) L123>T (115), 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 (CH1 (121-218), charnière 1-12 S10>P (228) (219-230), CH2 L92 (309) (231-340), CH3 (341-445), CHS (446-447)) (121-447)], (134-219')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (78.2%) -IGKJ2*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 des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
immunostimulant, antinéoplasique

radanstobart

immunoglobulina G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* BTLA (atenuante de los linfocitos B y T, BTLA1, CD272)], anticuerpo monoclonal humanizado;

cadena pesada H-gamma4 humanizada (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-4*02 (80.8%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (90.9%) L123>T (115), 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 (CH1 (121-218), bisagra 1-12 S10>P (228) (219-230), CH2 L92 (309) (231-340), CH3 (341-445), CHS (446-447)) (121-447)], (134-219')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (78.2%) -IGKJ2*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 las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa *inmunoestimulante, antineoplásico*

3064483-12-8

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

QVQLQESGPG LVKPSGTLSTL TCADSGFNIK DTYIHVWRQP PGKGLEWIGR 50
IDPANGFTRY NPSLKSRVTI SSDKSKNQAS LKLSSVTAAD TAVYYCARED 100
GYPYTTLDSW GQGTTVTVSS ASTKGPSVFP LAPCSRSTSE STAALGCLVK 150
DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTKT 200
YTCNVDPKPS NTKVDKRVES KYGPPCPPCP APEFLGGPSV FLFPKPCKDT 250
LMISRTPEVT CVVVDVSQED PEVQFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQFNSTY 300
RVVSVTLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKGLPS SIEKTISKAK GQPREPQVYT 350
LPPSQEEMTK NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTTTPPVLD 400
DGSFFLYSRL TVDKSRWQEG NVFSCSVME ALHNHYTQKS LSLSLGK 447

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

DIVMTQSPDS LALSGLGERAT INCKSSQSLD DVDGKTYLNW FQKPGQPPK 50
RLIYLVSKLD SGVPDRFSGS GSGTDFTLTI SSVQAEDVAV YYCWGTHFP 100
RTFGQGTKLE IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVCL LNNFYPREAK 150
VQWKVDNALQ SGNSQESVTE QDSKDSTYSL SSTLTLSKAD YEKHKVYACE 200
VTHQGLSPV TKSFNREGC 219

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'-93' 139'-199'
23'''-93''' 139'''-199'''

Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 134-219' 134''-219''

Inter-H-H (h 8, h 11) 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 biantenarios complejos fucosilados

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

H CHSK2: 447, 447''

relcobatinibum
relcobatinib

(1S,2S)-N-{2-[4,6-di[(²H₃)methoxy]pyrimidin-5-yl]-1-methyl-1H-pyrrolo[2,3-c]pyridin-5-yl}-2-fluorocyclopropane-1-carboxamide
tyrosine-protein kinase ABL1 allosteric inhibitor, antineoplastic

relcobatinib

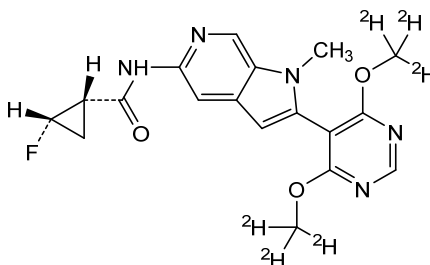
(1*S*,2*S*)-*N*-[2-{4,6-di[(²H₃)méthoxy]pyrimidin-5-yl)-1-méthyl-1*H*-pyrrolo[2,3-*c*]pyridin-5-yl]-2-fluorocyclopropane-1-carboxamide
inhibiteur allostérique de la tyrosine-protéine kinase ABL1, antinéoplasique

relcobatinib

(1*S*,2*S*)-*N*-[2-{4,6-di[(²H₃)metoxi]pirimidin-5-il)-1-metil-1*H*-pirolo[2,3-*c*]piridin-5-il]-2-fluorociclopropano-1-carboxamida
inhibidor alostérico de la tirosina proteína kinasa ABL-1, antineoplásico

C₁₈H₁₂²H₆FN₅O₃

2767305-95-1



relzasertidegum

relzasertideg

N-[(1*R*)-1-(3-chloropyridin-2-yl)-2,2,2-trifluoroéthyl]-2-[(3*S*)-2,6-dioxopiperidin-3-yl]-1-oxo-2,3-dihydro-1*H*-isoindole-5-carboxamide
serine/threonine kinase degradation inducer, antineoplastic

relzasertideg

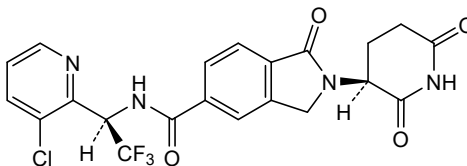
N-[(1*R*)-1-(3-chloropyridin-2-yl)-2,2,2-trifluoroéthyl]-2-[(3*S*)-2,6-dioxopipéridin-3-yl]-1-oxo-2,3-dihydro-1*H*-isoindole-5-carboxamide
induction de la dégradation de la sérine/thréonine kinase, antinéoplasique

relzasertideg

N-[(1*R*)-1-(3-cloropiridin-2-il)-2,2,2-trifluoroetil]-2-[(3*S*)-2,6-dioxopiperidin-3-il]-1-oxo-2,3-dihidro-1*H*-isoindolo-5-carboxamida
inductor de la degradación de la serina/treonina kinasa, antineoplásico

C₂₁H₁₆ClF₃N₄O₄

2564486-44-6



remigromigum #
remigromig

immunoglobulin [(diabody VH1-Vk2-G1(h-CH2-CH3)-VH-G1(CH1-h)_L-kappa)]_[(diabody VH2-Vk1-G1(h-CH2-CH3)-VH-G1(CH1-h)_L-kappa)], anti-[*Homo sapiens* LRP5 (low-density lipoprotein receptor-related protein 5)] and anti-[*Homo sapiens* FZD4 (frizzled-4, CD344)], *Homo sapiens* monoclonal antibody, bispecific, biparatopique anti-LRP5 VH1:Vk1, VH2:Vk2, tetravalent; fused heavy chain bispecific diabody VH1-Vk2-G1(h-CH2-CH3) anti-LRP5 *Homo sapiens* knob -VH-G1(CH1-h) anti-FZD4 *Homo sapiens* (H) (1-721) [diabody VH1-Vk2-G1(h-CH2-CH3) anti-LRP5 *Homo sapiens* (1-232) knob [VH1 (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (88.2%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -5-mer tetraglycyl-seryl linker (119-123) -V-KAPPA Vk2 (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (91.1%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.11] (150-155.173-175.212-222)) (124-232)] -10-mer bis(tetraglycyl-seryl) linker (233-242) -*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-G1v32-1 CH3 M3, F5, D6, W22, M24 knob (hinge 1-15 C5>S (247) (243-257), CH2 L1.3>A (261), L1.2>A (262), D27>S (358) (258-367), CH3 Q3>M (374), Y5>F (376), T6>D (377), E12 (383), M14 (385), T22>W (393), L24>M (395) (368-472), CHS (473-474)] (243-474) -20-mer tetrakis(triglycyl-seryl)-glycyl-seryl-threonyl-glycyl linker (475-494) -VH-G1(CH1-h) anti-FZD4 *Homo sapiens* (495-721)-[VH (*Homo sapiens* IGHV3-48*01 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.12] (520-527.545-552.591-602)) (495-613)] -*Homo sapiens* IGHG1*03v G1(CH1-h10), G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120 (CH1 R120>K (710) (614-711), hinge 1-10 (712-721)) (614-721)], (716-214')-disulfide with L-kappa light chain anti-FZD4 *Homo sapiens* (H') (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (89.5%) -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')]; fused heavy chain bispecific diabody VH2-Vk1-G1(h-CH2-CH3) anti-LRP5 *Homo sapiens* hole -VH-G1(CH1-h) anti-FZD4 *Homo sapiens* (H'') (1''-717'') [diabody VH2-Vk1 anti-LRP5 *Homo sapiens* (1''-228'') [VH2 (*Homo sapiens* IGHV3-21*01 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.8] (26''-33''.51''-58''.97''-104'') (1''-115'') -5-mer tetraglycyl-seryl linker (116''-120'') -V-KAPPA Vk1 (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (91.1%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.10] (147''-152''.170''-172''.209''-218'') (121''-228'')] -10-mer bis(tetraglycyl-seryl) linker (229''-238'') -*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-G1v33-1 CH3 I10, L13, S16, S22, A24, V86 (hole) (hinge 1-15 C5>S (243'') (239''-253''), CH2 L1.3>A (257''), L1.2>A (258''), D27>S (354'') (254''-363''), CH3 S10>I (377), E12 (379''), E13>L (380), M14 (381''), K16>S (383), T22>S (389), L24>A (391), Y86>V (430) (364''-468''), CHS (469''-470'') (239''-470'') -20-mer tetrakis(triglycyl-seryl)-glycyl-seryl-threonyl-glycyl linker (471''-490'') -VH-G1(CH1-h) anti-FZD4 *Homo sapiens* (491''-717'') [VH (*Homo sapiens* IGHV3-48*01 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.12] (516''-523''.541''-548''.587''-598'') (491''-609'') -*Homo sapiens* IGHG1*03v (CH1-h10), G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120 (CH1 R120>K (706'') (610''-707''), hinge 1-10 (708''-717'')) (610''-717''), (712''-214'')-disulfide with L-kappa light chain anti-FZD4 *Homo sapiens* (L'') (1'''-214''') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (89.5%) -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 (253-249'':256-252'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa

immunomodulator, macular degeneration

rémigromig

immunoglobuline (VH-Vk-G1(h-CH2-CH3)-VH-G1(CH1-h)_L-kappa)_ (VH-Vk-G1(h-CH2-CH3)-VH-G1(CH1-h)_L-kappa), anti-[*Homo sapiens* LRP5 (protéine 5 apparentée au récepteur des lipoprotéines de basse densité)] et anti-[*Homo sapiens* FZD4 (frizzled-4, CD344)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*, bispécifique, tétravalent; chaîne lourde fusionnée bispécifique diabody VH-Vk-G1(h-CH2-CH3) anti-LRP5 *Homo sapiens* knob -VH-G1(CH1-h) anti-FZD4 *Homo sapiens* (H) (1-721) [diabody VH-Vk-G1(h-CH2-CH3) anti-LRP5 *Homo sapiens* (1-232) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (88.2%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107))] (1-118) -5-mer tétraglycyl-séryl coupleur (119-123) -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (91.1%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.11] (150-155.173-175.212-222))] (124-232)] -10-mer bis(tétraglycyl-séryl) coupleur (233-242) -*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-G1v32-1 CH3 M3, F5, D6, W22 (knob), M24 (charnière 1-15 C5>S (247) (243-257), CH2 L1.3>A (261), L1.2>A (262), D27>S (358) (258-367), CH3 Q3>M (374), Y5>F (376), T6>D (377) E12 (383), M14 (385), T22>W (393), L24>M (395) (368-472), CHS (473-474)) (243-474) -20-mer tétrakis(triglycyl-séryl)-glycyl-séryl-thréonyl-glycyl coupleur (475-494) -VH-G1(CH1-h) anti-FZD4 *Homo sapiens* (495-721) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-48*01 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.12] (520-527.545-552.591-602)) (495-613)] -*Homo sapiens* IGHG1*03v (CH1-h10), G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120 (CH1 R120>K (710) (614-711), charnière 1-10 (712-721)) (614-721)] (716-214)-disulfure avec la chaîne légère L-kappa anti-FZD4 *Homo sapiens* (L') (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (89.5%) -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')]]]; chaîne lourde fusionnée bispécifique diabody VH-Vk-G1(h-CH2-CH3) anti-LRP5 *Homo sapiens* hole -VH-G1(CH1-h) anti-FZD4 *Homo sapiens* (H'') (1''-717'') [diabody VH-Vk-G1(h-CH2-CH3) anti-LRP5 *Homo sapiens* (1''-228'') [VH (*Homo sapiens* IGHV3-21*01 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.8] (26''-33''.51''-58''.97''-104'')) (1''-115'') -5-mer tétraglycyl-séryl coupleur (116''-120'') -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (91.1%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.10] (147''-152''.170''-172''.209''-218'')) (121''-228'')] -10-mer bis(tétraglycyl-séryl) coupleur (229''-238'') -*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-G1v33-1 CH3 I10, L13, S16, S22, A24, V86 (hole) (charnière 1-15 C5>S (243'') (239''-253''), CH2 L1.3>A (257''), L1.2>A (258''), D27>S (354'') (254''-363''), CH3 S10>I (377), E12 (379''), E13>L (380), M14 (381''), K16>S (383), T22>S (389), L24>A (391), Y86>V (430) (364''-468''), CHS (469''-470'')) (239''-470'') -20-mer tétrakis(triglycyl-séryl)-glycyl-séryl-thréonyl-glycyl coupleur (471''-490'') -VH-G1(CH1-h) anti-FZD4 *Homo sapiens* (491''-717'') [VH (*Homo sapiens* IGHV3-48*01 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.12] (516''-523''.541''-548''.587''-598'')) (491''-609'')] -*Homo sapiens* IGHG1*03v (CH1-h10), G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120 (CH1 R120>K (706'') (610''-707''), charnière 1-10 (708''-717'')) (610''-717'')], (712''-214'')]- disulfure avec la chaîne légère L-kappa anti-FZD4 *Homo sapiens* (L''') (1'''-214''') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (89.5%) -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 (253-249'':256-252'')-bisdisulfide, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

immunomodulateur, dégénérescence maculaire

remigromig

inmunoglobulina (VH-Vk-G1(h-CH2-CH3)-VH-G1(CH1-h)_L-kappa)_ (VH-Vk-G1(h-CH2-CH3)-VH-G1(CH1-h)_L-kappa), anti-[*Homo sapiens* LRP5 (proteína 5 relacionada con el receptor de las lipoproteínas de baja densidad)] y anti-[*Homo sapiens* FZD4 (frizzled-4, CD344)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*, biespecífico, tetravalente;

cadena pesada fusionada biespecífica diabody VH-Vk-G1(h-CH2-CH3) anti-LRP5 *Homo sapiens* knob -VH-G1(CH1-h) anti-FZD4 *Homo sapiens* (H) (1-721) [diabody VH-Vk-G1(h-CH2-CH3) anti-LRP5 *Homo sapiens* (1-232) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*04 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (88.2%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107))] (1-118) -5-mer tetraglicil-seril enlace (119-123) -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (91.1%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.11] (150-155.173-175.212-222))] (124-232)] -10-mer bis(tetraglicil-seril) enlace (233-242) -*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-G1v32-1 CH3 M3, F5, D6, W22 (knob), M24 (bisagra 1-15 C5>S (247) (243-257), CH2 L1.3>A (261), L1.2>A (262), D27>S (358) (258-367), CH3 Q3>M (374), Y5>F (376), T6>D (377) E12 (383), M14 (385), T22>W (393), L24>M (395) (368-472), CHS (473-474)) (243-474) -20-mer tetrakis(triglicil-seril)-glicil-seril-treonil-glicil enlace (475-494) -VH-G1(CH1-h) anti-FZD4 *Homo sapiens* (495-721) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-48*01 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.12] (520-527.545-552.591-602)) (495-613)) -*Homo sapiens*IGHG1*03v (CH1-h10), G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120 (CH1 R120>K (710) (614-711), bisagra 1-10 (712-721)) (614-721)], (716-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa anti-FZD4 *Homo sapiens* (L') (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-39*01 (89.5%) -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')]];

cadena pesada fusionada biespecífica diabody VH-Vk-G1(h-CH2-CH3) anti-LRP5 *Homo sapiens* hole -VH-G1(CH1-h) anti-FZD4 *Homo sapiens* (H'') (1''-717'') [diabody VH-Vk-G1(h-CH2-CH3) anti-LRP5 *Homo sapiens* (1''-228'') [VH (*Homo sapiens*IGHV3-21*01 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.8] (26''-33''.51''-58''.97''-104'')) (1''-115'') -5-mer tetraglicil-seril enlace (116''-120'') -V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-39*01 (91.1%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.10] (147''-152''.170''-172''.209''-218'')) (121''-228'')] -10-mer bis(tetraglicil-seril) enlace (229''-238'') -*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-G1v33-1 CH3 I10, L13, S16, S22, A24, V86 (hole) (bisagra 1-15 C5>S (243'') (239''-253''), CH2 L1.3>A (257''), L1.2>A (258''), D27>S (354'') (254''-363''), CH3 S10>I (377), E12 (379''), E13>L (380), M14 (381''), K16>S (383), T22>S (389), L24>A (391), Y86>V (430) (364''-468''), CHS (469''-470'')) (239''-470'') -20-mer tetrakis(triglicil-seril)-glicil-seril-treonil-glicil enlace (471''-490'') -VH-G1(CH1-h) anti-FZD4 *Homo sapiens* (491''-717'') [VH (*Homo sapiens*IGHV3-48*01 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.12] (516''-523''.541''-548''.587''-598'')) (491''-609'') -*Homo sapiens*IGHG1*03v (CH1-h10), G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120 (CH1 R120>K (706'') (610''-707''), bisagra 1-10 (708''-717'')) (610''-717''), (712''-214'')- disulfuro con la cadena ligera L-kappa anti-FZD4 *Homo sapiens* (L'') (1''-214'') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-39*01 (89.5%) -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 (253-249'':256-252'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa

inmunomodulador, degeneración macular

3059389-31-7

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: fused diabody VH1-Vk2-G1(h-CH2-CH3)
anti-LRP5 (knob) -VH-G1(CH1-h) anti-FZD4 (H)

EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFDFI AYAMHWVRQA PGKGLEWVAS 50
IYPSGGYTAY ADSVKGRFTI SADTSKNTAY LQMNSLRAED TAVYYCARRS 100
YFFALDYWGQ GTLVTVSSGG GGSIDIQMTQS PSSLSASVGD RVTITCRASQ 150
SVSSAVAWYQ QKPGKAPKLL IYSASSLYSG VPSRFGSRS GTDFTLTISS 200
LQPEDFATYY CQQYWAYYSP ITFGQGKVE IKGGGGSGGG GSEPKSSDKT 250
HTCPPCPAPE AAGGPSVFLF PPKPKDTLMI SRTPEVTCVV VDVSHEDPEV 300
KFNWYVDGVE VHNAKTKPRE EQYNSTYRVV SVLTVLHQDW LNGKEYCKKV 350
SNKALPASIE KTISKAKGQP REPMVFDLPP SREEMTKNQV SLWCMVKGFY 400
PSDIAVWES NGQPENNYKT TPPVLDSDGS FFYLKSLTVD KSRWQQGNVF 450
SCSMHEALH NHYTQKSLSL SPGKGGSGGG GSGGGSGGG GSTGEVQLVE 500
SGGGLVQPGG SLRLSCAASG FTLSSYSMHV VRQAPGKGLE WVAYISSYDS 550
ITDYADSVKG RFTISADTSK NTAYLQMNSL RAEDTAVYYC ARPAVGHMAF 600
DYWGQGTLTVT VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC LVKDYFPEPV 650
TVSWNSGALT SGVHTFPAVL QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH 700
KPSNTKVDKK VEPKSCDKTH T 721

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: L-kappa anti-FZD4 (L', L'')

DIQMTQSPSS LSASVGDRVT ITCRASQSVS SAVAWYQKPK GKAPKLLIYS 50
ASSLYSGVPS RFGSGRSGTD FTLTISSLQP EDFATYYCQ WYNAPITFGQ 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIIPP SDEQLKSGTA SVVCLNNFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSSSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEK 214

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: fused diabody VH2-Vk1-G1(h-CH2-CH3)
anti-LRP5 (hole) -VH-G1(CH1-h) anti-FZD4 (H'')

EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFDFS SSSIHWVRQA PGKGLEWVAS 50
ISSSYGYTTY ADSVKGRFTI SADTSKNTAY LQMNSLRAED TAVYYCARSW 100
AMDYWGQGTLL VTVSSGGGGS DIQMTQSPSS LSASVGDRVT ITCRASQSVS 150
SAVAWYQKPK GKAPKLLIYS ASDLYSGVPS RFGSGRSGTD FTLTISSLQP 200
EDFATYYCQQ YAGAGLITFG QGKVEIKGG GSGGGGGSEP KSSDKHTHTCP 250
PCPAPEAAGG PSVFLFPPKP KDTLMIISRTPEVTCVVVDVS HEDPEVKFNW 300
YVDGVEVHNA KTKPREEQYN STYRVVSVLT VLHQDWLNGK EYKCKVSNKA 350
LPASIEKTIK KAKGQPREPQ VYTLPPPIREL MTSNQVSLSC AVKGFYPSDI 400
AVEWESNGQP ENNYKTTTPV LDDSDGSFFLV SKLTVDKSRW QQGNVFSCSV 450
MHEALHNHYT QKSLSLSPGK GGGSGGGSGG GSGGGSGSTG EVQLVESGGG 500
LVQPGGSLRL SCAASGFTLS SYSMHWVRQA PGKGLEWVAY ISSYDSITDY 550
ADSVKGRFTI SADTSKNTAY LQMNSLRAED TAVYYCARPA VGHMAFDYWG 600
QGTLVTVSSA STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD YFPEPVTVSW 650
NSGALTSGVH TFAVLQSSG LYSLSVVTV PSSSLGTQTY ICNVNHNKPSN 700
TKVDKKVEPK SCDKTH 717

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22'-96 146-211 288-348 394-452 516-590 640-696
22''-96'' 143''-208'' 284''-344'' 390''-448'' 512''-586'' 636''-692''

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

Inter-H-L', inter-H''-L''' (h 5-CL 126) 716-214' 712''-214'''

Inter-H-H'' (h 11, h 14) 253-249'' 256-252'''

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

H CH2 N84.4: 324, 320''

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

renditatumugum #

renditatumug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TACSTD2 (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;
H-gamma1 heavy chain humanized (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV7-4-1*02 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (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 humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (84.3%) -IGKJ4*01 (91.7%) G120>A (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 (230-230":233-233")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa *antineoplastic*

renditatumug

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;
chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV7-4-1*02 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (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 humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (84.3%) -IGKJ4*01 (91.7%) G120>A (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 (230-230":233-233")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa *antineoplasique*

renditatumug

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TACSTD2 (transductor 2 de señales cálcicas asociado a los tumores, componente de membrana del cromosoma 1 marcador de superficie 1, M1S1, antígeno GA7331 asociado a los tumores gastrointestinales, proteína GA733-1 marcador de carcinomas pancreáticos, glicoproteína epitelial 1, EGP-1, antígeno 2 del trofoblasto, glicoproteína Trop-2 con la superficie de las células, TROP2)], anticuerpo monoclonal humanizado;
cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV7-4-1*02 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (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 humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (84.3%) -IGKJ4*01 (91.7%) G120>A (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 (230-230":233-233")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa *antineoplásico*

3037073-23-4

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H")
QVQLQQSGSE LKKPGASVKV SCKASGYTFT NYGMNWKQA PGQGLKWMGW 50
INTYTGEPFY TDDFKGRFAF SLDTSVSTAY LQISSLKADD TAVYFCARGG 100
FGSSYWFYDV WGQGTLLVTVS SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV 150
KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ 200
TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSCDKHTC PPCPAPELLG GPSVFLFPPK 250
PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYCKKVSNNK ALPAIEKTI SKAKGQPREP 350
QVYTLPPSRD ELTKNQVSLT CLVKGFYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTTTP 400
VLDSDDGSFFL YSKLTVDKSR WQQGNVFSCS VMHEALHNHY TQKSLSLSPG 450
K 451

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L")
DIQLTQSPSS LSASVGDRVS ITCKASQDVS IAWAWYQQKP GKAPKLLIYS 50
ASYRYTGVDV RFSGSGSGTD FTLTISSLQP EDFAVYYCQQ HYITPLTFGA 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) 22-96 148-204 265-325 371-429
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
Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl) / pyroglutamyne (pE, 5-oxoprolyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)
H VHQ1: 1, 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
HCH2 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"

renditatugum videtecanum #
renditatug videtecan

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TACSTD2 (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 *videtecan*, comprising a linker and a camptothecin derivative (*exatecan*);
H-gamma1 heavy chain humanized (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV7-4-1*02 (85.7%) -(IGHD) - IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (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 humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (84.3%) - IGKJ4*01 (91.7%) G120>A (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 (230-230":233-233")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa; substituted at the sulfur atoms of an average of six L-cysteiny l residues among 224, 230, 233, 214', 224", 230", 233" and 214"" with (3*RS*)-1-[[[(30*S*)-30-[[[(2*S*)-1-[[[(2*S*)-5-(carbamoylamino)-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]anilino)-1-oxopentan-2-yl]amino)-3-methyl-1-oxobutan-2-yl]carbamoyl]-26,32-dioxo-2,5,8,11,14,17,20,23-octaoxa-27,31-diazatritriacontan-33-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (*videtecan*) groups
antineoplastic

renditatur videtécán

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 *videtécán*, comprenant un coupleur et un dérivé de la camptothécine (*exatécán*); chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV7-4-1*02 (85.7%) -(IGHD) - IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (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 humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (84.3%) -IGKJ4*01 (91.7%) G120>A (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 (230-230":233-233")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa; substituée sur les atomes de soufre d'une moyenne de six résidus L-cystéinyle parmi substituée sur les atomes de soufre d'une moyenne de huit résidus L-cystéinyle parmi 224, 230, 233, 214', 224", 230", 233" and 214"" avec des groupes (3*RS*)-1-[[[(30*S*)-30-[[[(2*S*)-1-[[[(2*S*)-5-(carbamoylamino)-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*]quinoléin-1-yl]carbamoyl)oxy)méthyl]anilino)-1-oxopentan-2-yl]amino)-3-méthyl-1-oxobutan-2-yl]carbamoyl]-26,32-dioxo-2,5,8,11,14,17,20,23-octaoxa-27,31-diazatritriacontan-33-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (*videtécán*)
antinéoplasique

renditatur videtecán

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TACSTD2 (transductor 2 de señales cálcicas asociado a los tumores, componente de membrana del cromosoma 1 marcador de superficie 1, M1S1, antígeno GA7331 asociado a los tumores gastrointestinales, proteína GA733-1 marcador de carcinomas pancreáticos, glicoproteína epitelial 1, EGP-1, antígeno 2 del trofoblasto, glicoproteína Trop-2 con la superficie de las células, TROP2)], anticuerpo monoclonal humanizado, conjugado por seis residuos cisteinilo en promedio al *videtecán*, que comprende un conector y un derivado de la camptotecina (*exatecán*); cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV7-4-1*02 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (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 humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (84.3%) -IGKJ4*01 (91.7%) G120>A (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 (230-230":233-233")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa; sustituida en los átomos de azufre de un promedio de seis residuos de L-cisteinilo entre 224, 230, 233, 214', 224", 230", 233" and 214"" con grupos (3*RS*)-1-[(30*S*)-30-[[[(2*S*)-1-[[[(2*S*)-5-(carbamoilamino)-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*]quinolein-1-il]carbamoil)oxi]metil]anilino)-1-oxopentan-2-il]amino)-3-metil-1-oxobutan-2-il]carbamoil]-26,32-dioxo-2,5,8,11,14,17,20,23-octaoxa-27,31-diazatritriacontan-33-il]-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo (*videtecán*)
antineoplásico

3061807-12-0

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

QVQLQSGSSE LKKPGASVKV SCKASGYTFT NYGMNVVKQA PGQGLKWMGW 50
 INTYTGPTY TDDFKGRFAF SLDTSVSTAY LQISSLKADD TAVYFCARGG 100
 FGSSVWFYDV WGGTLTVTVS SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV 150
 KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ 200
 TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSCDKTHTC PPCPAPELLG GPSVFLFPPK 250
 PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
 NSTYRKRTV TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKGVQKLV 350
 QVYTLPPSRD ELTKNQVSLT CLVKGFYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTTPP 400
 VLDSDGSFFL YSKLTVDKSR WQQGNVFSCS VMHEALHNHY TQKSLSLSPG 450
 K 451

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

DIQLTQSPSS LSASVGRVSV ITCKASQDVS IAWAWYQKP GKAPKLLIYS 50
 ASYRYTGVPD RFGSGSGSTD FTLTISSLQP EDFAVYQCQ HYITPLTFGA 100
 NSTYRKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQKLV 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
 LSSPVTKSFN RGECC 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"

*Three inter-chain disulfide bridges are not present, an average of six cysteinyl are conjugated, each via a thioester 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 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)

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 biantenarios complejos fucosilados

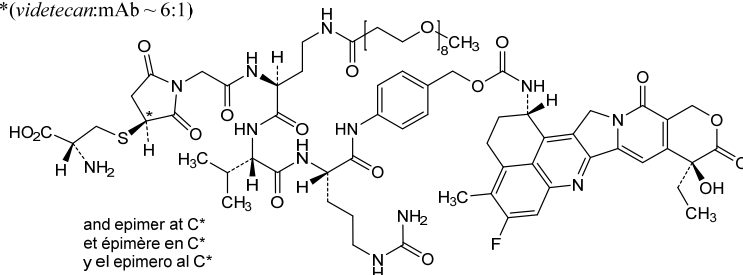
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: 451, 451"

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

C (224, 230, 233, 214', 224", 230", 233" and 214''')

*(videtecan:mAb ~ 6:1)



resveratrolum

resveratrol

5-[(1*E*)-2-(4-hydroxyphenyl)ethen-1-yl]benzene-1,3-diol
antioxydant

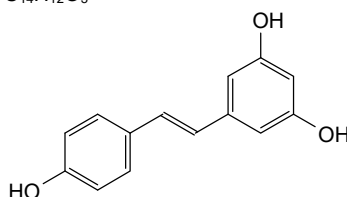
resvératrol

5-[(1*E*)-2-(4-hydroxyphényl)éthén-1-yl]benzène-1,3-diol
antioxydant

resveratrol

5-[(1*E*)-2-(4-hidroxifenil)eten-1-il]benceno-1,3-diol
*antioxydante*C₁₄H₁₂O₃

501-36-0

**retrofraxgenum parvecum #**

retrofraxgene parvec

recombinant non-replicating adeno-associated virus serotype rhesus 10 (rAAVrh.10) vector encoding the full-length human frataxin (FXN) precursor protein preceded by a Kozak sequence. Transgene expression is under control of the synthetic CAG promoter (human cytomegalovirus enhancer, chicken β -actin promoter, rabbit β -globin intron) and terminated with a rabbit β -globin polyadenylation signal; flanked by AAV2 inverted terminal repeats (ITRs)
gene therapy (Friedreich ataxia)

rétrofraxgène parvec

vecteur recombinant non réplcatif du virus adéno-associé de sérotype rhésus 10 (rAAVrh.10) codant la protéine précurseur de la frataxine humaine (FXN) complète, précédée d'une séquence Kozak. L'expression du transgène est contrôlée par le promoteur synthétique CAG (amplificateur du cytomégalo virus humain, promoteur de la β -actine de poulet, intron de la β -globine de lapin) et terminée par un signal de polyadénylation de la β -globine de lapin; flanqué de répétitions terminales inversées (ITRs) d'AAV2
thérapie génique (ataxie de Friedreich)

retrofraxgén parvec

vector de virus adenoasociado del serotipo rhesus 10 recombinante (rAAVrh.10), no replicativo, que codifica la secuencia completa de la proteína precursora de frataxina (FXN) humana precedida por una secuencia Kozak. La expresión del transgén está bajo el control del promotor sintético CAG (potenciador del citomegalovirus humano, promotor de la β -actina de pollo, intrón de la β -globina de conejo) y terminado con una señal de poliadenilación de la β -globina de conejo; flanqueado por repeticiones terminales invertidas (ITRs) del AAV2
terapia génica (ataxia de Friedreich)

3062583-58-5

rexaceractum

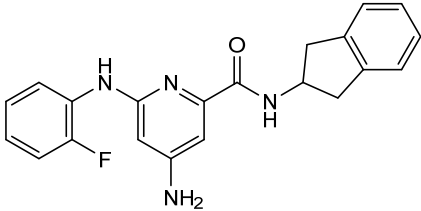
rexaceract

4-amino-*N*-(2,3-dihydro-1*H*-inden-2-yl)-6-(2-fluoroanilino)pyridine-2-carboxamide
beta-glucocerebrosidase positive allosteric modulator, antiparkinsonian

réxacéract	4-amino- <i>N</i> -(2,3-dihydro-1 <i>H</i> -indén-2-yl)-6-(2-fluoroanilino)pyridine-2-carboxamide <i>activateur de bêta-glucocérébrosidase, antiparkinsonien</i>
rexaceract	4-amino- <i>N</i> -(2,3-dihidro-1 <i>H</i> -inden-2-il)-6-(2-fluoroanilino)piridina-2-carboxamida <i>activador de la glucocerebrosidasa beta, antiparkinsoniano</i>

C₂₁H₁₉FN₄O

2648407-86-5



rimiplagenum parvecum #

rimiplagene parvec	recombinant non-replicating adeno-associated virus serotype rhesus 10 (rAAVrh.10) vector encoding human plakophilin-2 (PKP2) isoform A, preceded by a Kozak sequence and under control of a truncated cardiac-specific chicken troponin T promoter, a mutated Woodchuck hepatitis virus post-transcriptional regulatory element (WPRE) and a rabbit β -globin polyadenylation signal; flanked by AAV2 inverted terminal repeats (ITRs) <i>gene therapy (cardiomyopathy)</i>
--------------------	--

rimiplagène parvec	vecteur recombinant non réplcatif du virus adéno-associé du sérotype rhésus 10 (rAAVrh.10) codant l'isoforme A de la plakophiline-2 (PKP2) humaine, précédé d'une séquence Kozak et sous le contrôle d'un promoteur de troponine T de poulet, cardiaque-spécifique et tronqué, d'un élément régulateur post-transcriptionnel du virus de l'hépatite de la marmotte muté (WPRE) et d'un signal de polyadénylation de la β -globine de lapin; flanqué de répétitions terminales inversées (ITRs) d'AAV2 <i>thérapie génique (cardiomyopathie)</i>
--------------------	--

rimiplagén parvec	vector de virus adenoasociado del serotipo rhesus 10 recombinante (rAAVrh.10), no replicativo, que codifica la isoforma A de la placofilina 2 (PKP2) humana, precedido de una secuencia Kozak y bajo el control de un promotor truncado específico cardiaco de la troponina T de pollo, un elemento regulador post-transcripcional del virus de la hepatitis de la marmota (WPRE) mutado y una señal de poliadenilación de la β -globina de conejo; flanqueado por repeticiones terminales invertidas (ITRs) del AAV2 <i>terapia génica (cardiomiopatía)</i>
-------------------	---

3062583-57-4

rinumafuspum alfa #

rinumafusp alfa	human immunoglobulin G1-kappa anti-[<i>Homo sapiens</i> ERBB3 (receptor tyrosine-protein kinase erbB-3, HER3)] fused at the C-terminus of each heavy chain via peptide linker (G ₄ S) ₂ to a fragment of human neuregulin 1 (NRG1, acetylcholine receptor-inducing activity protein (ARIA), breast cancer cell differentiation factor p45, glial growth factor, heregulin (HRG), Neu differentiation factor); gamma1 heavy chain (1-447) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV4-34*01 - (IGHD) - IGHJ2*01, CDR-Kabat [5.16.9] (31-35.50-65.98-106))
-----------------	---

(1-117) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (CH1 (118-215), hinge (216-230), CH2 L²³⁴>F, S²³⁹>A (231-340), CH3 N⁴³⁴>A (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], fused via peptide linker ⁴⁴⁸(GGGGS)₂⁴⁵⁷ to human neuregulin 1 fragment (NRG1, acetylcholine receptor-inducing activity protein (ARIA), breast cancer cell differentiation factor p45, glial growth factor, heregulin (HRG), Neu differentiation factor) (177-237, 458-518 in the current sequence), disulfide with kappa light chain (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 - IGKJ1*01, CDR-Kabat [17.7.9] (24'-40'.56'-62'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (114'-220'))]; dimer (226-226":229-229")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO), cell line CHO-K1, glycoform alfa *epidermal growth factor receptor 4 (ErbB4) agonist, heart failure*

rinumafusp alfa immunoglobuline G1-kappa humaine anti-[*Homo sapiens* ERBB3 (récepteur tyrosine-protéine kinase erbB-3, HER3)] fusionnée à l'extrémité C-terminale de chaque chaîne lourde avec le coupleur peptidique (G₄S)₂ à un fragment de neuréguline 1 humaine (NRG1, protéine d'activité induisant le récepteur de l'acétylcholine (ARIA), facteur de différenciation des cellules du cancer du sein p45, facteur de croissance gliale, héréguline (HRG), facteur de différenciation Neu); chaîne lourde gamma1 (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-34*01 -(IGHD) - IGHJ2*01, CDR-Kabat [5.16.9] (31-35. 50-65. 98-106)) (1-117) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (CH1 (118-215), charnière (216-230), CH2 L²³⁴>F, S²³⁹>A (231-340), CH3 N⁴³⁴>A (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], fusionnée à l'aide du coupleur peptidique ⁴⁴⁸(GGGGS)₂⁴⁵⁷ à un fragment de la neuréguline 1 humaine (NRG1, protéine d'activité induisant le récepteur de l'acétylcholine (ARIA), facteur de différenciation des cellules du cancer du sein p45, facteur de croissance gliale, héréguline (HRG), facteur de différenciation Neu) (177-237, 458-518 dans la séquence actuelle), disulfure avec chaîne légère kappa (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 - IGKJ1*01, CDR-Kabat [17.7.9] (24'-40'.56'-62'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (114'-220'))]; dimère (226-226":229-229")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa *agoniste du récepteur 4 du facteur de croissance épidermique (ErbB4), insuffisance cardiaque*

rinumafusp alfa inmunoglobulina G1-kappa humana anti-[*Homo sapiens* ERBB3 (receptor proteína tirosina-quinasa erbB-3, HER3)] fusionada en el extremo C-terminal de cada cadena pesada con el acoplador peptídico (G₄S)₂ a un fragmento de neuregulina 1 humana (NRG1, proteína de actividad inductora del receptor de acetilcolina (ARIA), factor de diferenciación de células del cáncer de mama p45, factor de crecimiento glial, heregulina (HRG), factor de diferenciación Neu); cadena pesada gamma1 (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-34*01 -(IGHD) - IGHJ2*01, CDR-Kabat [5.16.9] (31-35, 50-65, 98-106)) (1-117) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (CH1 (118-215), bisagra (216-230), CH2 L²³⁴>F, S²³⁹>A (231-340), CH3 N⁴³⁴>A (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], fusionada mediante el acoplador peptídico ⁴⁴⁸(GGGGS)₂⁴⁵⁷ a un fragmento de neuregulina 1 humana (NRG1, proteína con actividad inductora del receptor de acetilcolina (ARIA), factor de diferenciación de células del cáncer de mama p45, factor de crecimiento glial, heregulina (HRG), factor de diferenciación Neu) (177-237, 458-518 en la secuencia actual), disulfuro con cadena ligera kappa (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 - IGKJ1*01, CDR-Kabat [17.7.9] (24'-40', 56'-62', 95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (114'-220'))]; dímero (226-226":229-229")-bisulfuro, producido en células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, glicoforma alfa *agonista del receptor 4 del factor de crecimiento epidérmico (ErbB4), insuficiencia cardíaca*

3059743-20-0

Sequence / Séquence / Secuencia

Heavy chain (H) (anti-ErbB3 heavy chain fused with NRG1-EGF domain)

QVQLQQQWAG	LKLPSETLSL	TCAVYGGGSF	GYWSWIRQV	PGKGLEWIGE	50
INHSGTSNTRY	PSLKSRTVIS	VETSKNQFSL	KLSSVTAADT	AVVYCYKDDW	100
TWYFDLNGRW	TLTVTSSAST	KPGLSVFPLA	SSKSTSGGTA	ALGCLVKDYF	150
PEPVTWSNWS	GALTGGVHTF	PAGVSGLSLY	SLSSVVTVPS	SLGCTQTYIC	200
NVNHKPSNTK	VDKRVEPKSC	DKHTHCPPCP	APEFLGGPAV	FLFPFKPKDT	250
LMISRTPEVT	QVVVDVSHED	PEVKFNWYVD	GEVFNNAKTK	PREQEPYNTY	300
RVSVLTVLH	QDWLNGKEYK	KCFNSKALPA	PIEKTIKASK	QGPREQVNST	350
LPPSREEMTK	NQVSLTCLVK	GFYPSDIAVE	WESNGQPENN	YKTPPVLDLS	400
DGSFFLYSKL	TVDKSRWQQG	NVFSCSVMHE	ALHAHYTQKS	LSLSLPGKGGG	450
<u>GGGGGGSSHL</u>	<u>VKAACEKTEK</u>	<u>CVNGGECFMV</u>	<u>KDLSNPISRYL</u>	<u>CKCPNEFTGD</u>	500
RCQNYMFAST	YKAEELYO				518

Light chain (L)

DIEMTQSPDS	LAVSLGERAT	INCRSSQSVL	YSSSNRNYLA	WYQQNPQGPP	50
KLLIYWASTR	ESGVPDRFSG	SGSGTDFTLT	ISSLQAEDVA	VYVCQQYYST	100
PRTFGGQTKV	EIKRTVAASP	VFIFFPSDEQ	LKSGTASVVC	LLNNFYFREA	150
KVQWKVDNAL	QSGNSQASPT	EQDSKDSSTY	LSSTLTLSKA	DYEHKHYAC	200
ETVHOGTLSSP	VTKSNRGEVC				220

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión

448GGGGSGGGGS457

Post-translational modifications

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

Intra-chain H: 22-95, 144-200, 261-321, 367-425, 463-477, 471-491, 493-502
H": 22"-95", 144"-200", 261"-321", 367"-425", 463"-477", 471"-491", 493"-502"

Intra-chain L': 23'-94', 140'-200', '
L'': 23''-94'', 140''-200''

Inter-chain: H-L': 220-220' H"-L": 220"-220"
H-H": 226-226", 229-229"

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

H CH₂N84.4: 297, 297"

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

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

risimtinibum

risimtinib

(1³R,1⁵S)-N,1³,1⁵-trimethyl-3-oxo-6-oxa-4-aza-1(1)-piperazina-5(2,4)-pyridina-7(2)-naphthalena-2(1,4)-benzenaheptaphane-7⁵-carboxamide
tyrosine kinase inhibitor, antineoplastic

risimtinib

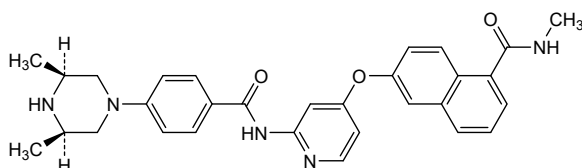
(1³R,1⁵S)-N,1³,1⁵-triméthyl-3-oxo-6-oxa-4-aza-1(1)-pipérazina-5(2,4)-pyridina-7(2)-naphthaléna-2(1,4)-benzénaphthaphane-7⁵-carboxamide
inhibiteur de tyrosine kinase, antinéoplasique

risimtinib

(¹³R,¹⁵S)-N,1,3,1⁵-trimetil-3-oxo-6-oxa-4-aza-1(1)-piperazina-5(2,4)-piridina-7(2)-naftalena-2(1,4)-bencenaheptafano-7⁵-carboxamida
inhibidor de la tirosina kinasa. antineoplásico

$$\text{C}_{30}\text{H}_{31}\text{N}_5\text{O}_3$$

2126751-11-7



rituximabum beta #

rituximab beta

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* MS4A1 (membrane-spanning 4-domains subfamily A member 1, CD20)], chimeric monoclonal antibody;
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-DG44, glycoform alfa
antineoplastique

rituximab bêta

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* MS4A1 (membre 1 de la sous-famille A à 4 domaines transmembranaires, CD20)], anticorps monoclonal chimérique;
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-DG44, glycoforme alfa
antineoplasique

rituximab beta

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* MS4A1 (miembro 1 de la subfamilia A con 4 dominios transmembranarios, CD20)], anticuerpo monoclonal quimérico;
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-DG44, forma glicosilada alfa
antineoplásico

3062244-96-3

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H⁺)
QVQLQQPGAE LVKPGASVKM SCKASGYTFT SYNHWVKQT PGRGLEWIGA 50
IYPNGDTSY NQKFKGKATL TADKSSSTAY MQLSSLTSED SAVYYCARST 100
YYGGDWYFNV WGAGTTVTVS AASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV 150
KDYFPEPPTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ 200
TYICNVNHKP SNTKVDKKA E PKSCDKTHTC PFCPAPELLG GPSVFLFPPK 250
PKDTLMISRT PEVTVVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKGQPREP 350
QVYTLPPSRD ELTKNQVSLT CLVKGFYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTTTP 400
VLDSDGSEFFL YSKLTVDKSR WQQGNVFSCS VMHEALHNYH TQKSLSLSPG 450
K 451

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L⁺)
QIVLSQSPAI LSASPGKVT MTCRASSVS YIHWFOQKPG SSPKPWIYAT 50
SNLASGVVPR FSGSGSGTSY SLTISRVEAE DAATYYCQQW TSNPPTFGGG 100
TKLEIKRTVA APSVFIFPPS DEQLKSGTAS VVCLLNNFYP REAKVQWKVD 150
NALQSGNSQE SVTEQDSKDS TYSLSSTLT TL 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-oxoprolylo)
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 biantennarios complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 451, 451"

rocduntatugum #
rocduntatug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IGKC of kappa free light chain (kFLC) and of cell surface associated form of kFLC (kappa myeloma antigen, KMA)], chimeric monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain chimeric (1-449) [VH (*Mus musculus* IGHV14-3*02 (99.0%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (100%), 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)], (222-214')-disulfide with L-kappa light chain chimeric (1'-214') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV6-15*01 (98.9%) -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')]; dimer (228-228":231-231")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
antineoplastic

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IGKC de chaîne légère kappa libre (kFLC) et d'une forme de kFLC associée à la membrane cellulaire (antigène kappa du myélome, KMA)]; anticorps monoclonal chimérique; chaîne lourde H-gamma1 chimérique (1-449) [VH (*Mus musculus* IGHV14-3*02 (99.0%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (100%), 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)], (222-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa chimérique (1'-214')

[V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV6-15*01 (98.9%) -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''); dimère (228-228":231-231")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa *antineoplasique*

rocduntatug

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IGKC de cadena ligera kappa libre (kFLC) y de una forma de kFLC asociada a la membrana celular (antígeno kappa del mieloma, KMA)]; anticuerpo monoclonal quimérico; cadena pesada H-gamma1 quimérica (1-449) [VH (*Mus musculus* IGHV14-3*02 (99.0%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (100%), 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)], (222-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa quimérica (1'-214') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV6-15*01 (98.9%) -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''); dímero (228-228":231-231")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa *antineoplásico*

1439158-60-7

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H")
EVQLQQSGAE LVKPGASVKL SCTASGFNIK DTYMHVWVKQR PEQGLEWIGR 50
IDPANGNTKY DPKFQGKATI IADTSSNTAY LQLSSLTSED TAVYYCARGV 100
YHDYDGDYWG QGTTTLTVSSA STKGPSVFPPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFPVAVLQSSG LYSLSVVTV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHKPSN TKVDKRVEPK SCDKTHTCPP CPAPELLGGP SVFLFPPKPK 250
DTLMISRTPPE VTCVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
YTLPPSREEM TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL 400
DSDGSFFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L', L'")
DIVMTQSQKF MSTSVGDRVS VTCKASQNVG TNVAWYQQKP GQSPKALIYS 50
TSYRYSGVPD RFTGSGSGTD FTLTISNVQS EDLAEYFCQQ YNSYPYTFGG 100
GTKLEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT 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) 22-96 146-202 263-323 369-427
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 biantenararios complejos fucosilados

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

rolditamigum #

rolditamig

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; 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 domain 4 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 *antineoplastic*

rolditamig

immunoglobuline (H-gamma1_L-kappa)_scFvhk-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; 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 scFvhk-G1(h-CH2-CH3) anti-ERBB2

domaine 4 humanisée knob (H") (1"-480") [scFvvh 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) coupleur (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) coupleur
(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")-trisulfure, 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
antinéoplasique

rolditamig

immunoglobulina (H-gamma1_L-kappa)_scFvvh-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;
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')-bisulfuro con la
cadena ligera L-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 scFvvh-G1(h-CH2-CH3) anti-ERBB2
dominio 4 humanizada knob (H") (1"-480") [scFvvh 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(tetráglicil-
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")-trisulfuro, 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
antineoplásico

3038136-62-5

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: H-gamma1 anti-ERBB2 domain 2 (hole) (H)

EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFT DYTMDWVRQA PGKGLEWVAD 50
VNPNSSGGSIY NQRFKGRFTL SVDRSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARNL 100
GPSFYFDYWG QGTLVTVSSA STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFPVAVLQSSG LYSLSVTVV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHHKPSN TKVDKKVEPK SCDKTHTCPP CPAPELLGGP SVFLFPPKPK 250
DTLMISRTPE VTCVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
CTLPPSREEM TKNQVLSLCA VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL 400
DSDGSFFLV S KLTVDKSRWQ QGNVFSCSVM HEALHNRTQ KSLSLSPGK 449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: L-kappa anti-ERBB2 domain 2 (L')

DIQMTQSPSS LSASVGDRTV ITCKASQDVS IGVAWYQQKP GKAPKLLIYS 50
ASYRYTGVPS RFSGSGSGTD FTLTISSLQP EDFATYYCQQ YYIYPTFTGQ 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLNNFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSSLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN R GEC 214

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: fused scFvhk-G1(h-CH2-CH3) anti-ERBB2 domain 4 (knob) (H'')

EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFNIE DTYIHWVRQA PGKGLEWVAR 50
IYPTNGYTRY ADSVKGRTI SADTSKNTAY LQMNSLRAED TAVYYCSRWG 100
GDGFYAMDYWG QGTLVTVSS GGGSGGGGGS GGGSGGGGGS DIQMTQSPSS 150
LSASVGDRTV ITCKASQDVS TAVAWYQQKP GKAPKLLIYS ASYLYSGVPS 200
RFSGSRSGTD FTLTISSLQP EDFATYYCQQ HYTPPTFTGQ GTKVEIKGEP 250
KSSDKTHTCP PCPAPELLGG PSVFLFPPKP KDTLMISRTPEVTCVVDVS 300
HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN STYRVVSVLT VLHQDWLNGK 350
EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ VYTLPPCREE MTKNQVSLWC 400
LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV LDSDGSFFLY SKLTVDKSRW 450
QQGNVFSCSV 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"
*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-antennaires complexes afucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos afucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 449, 480"

rolditamigum deuderuxtecanum #

rolditamig deuderuxtecan

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 *deuderuxtecan*, 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 259, 262, 214', 222", 228" and 231''' 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
antineoplastic

roliditamig deudéruxtécán

immunoglobuline (H-gamma1_L-kappa)_scFvhk-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 *deudéruxtécán*, 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 scFvhk-G1(h-CH2-CH3) anti-ERBB2 domaine 4 humanisée knob (H") (1"-480") [scFvhk 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(tetraglycyl-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")-trisulfure, 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 259, 262, 214', 222", 228" and 231'" avec des groupes (3*RS*)-1-[(10*S*)-10-benzyl-1-[[[(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]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 (*deuderuxtecán*) *antineoplasique*

roliditamis deuderuxtecán

inmunoglobulina (H-gamma1_L-kappa)_scFvhk-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 *deuderuxtecán*, 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')-bisulfuro 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 scFvhk-G1(h-CH2-CH3) anti-ERBB2 dominio 4 humanizada knob (H") (1"-480") [scFvhk 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")-trisulfuro, 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 259, 262, 214', 222", 228" and 231'" con grupos (3*RS*)-1-[(10*S*)-10-bencil-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(2,2-²H₂)-3-oxa-5,8,11,14,17-pentaazatricosan-23-il]-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo (*deuderuxtecán*) *antineoplásico*

3038136-63-6

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
 GPSFYFDYWG QGTLTVTVSSA STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
 YFPEPVTYSW NSGALTSQGVH TFPVLQSSG LYSLSSTVTV PSSSLGTQTY 200
 ICNVNHNKPSN TKVDKKVEPK SCDKTHTCPP CPAPELLGGP SVFLFPPKPK 250
 DTLMISRTPE VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYN 300
 TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
 CTLPPSREEM TKNQVSLSCA VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTPPVL 400
 DSDGSFFLVN KLTVDKSRWQ QGNVFCSSVM HEALHNRTQ KSLSLSPGK 449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: L-kappa anti-ERBB2 domain 2 (L')

DIQMTQSPSS LSASVGRDVT ITCKASQDVS IGVAWYQKP GKAPKLLIYS 50
 ASYRYTGVPN RFGSGSGSDT FTLTISLQPF EDFATYYCQQ YYIYPYTFGQ 100
 GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNFFY PREAKVQWKV 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
 LSSPVTKSFN RGEK 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 ADSVKGRTI SADTSKNTAY LQMNSLRAED TAVYYCSRWG 100
 GGGFYAMDYWG QGTLTVTVSS GGGSGGGGGS GGGSGGGGGS DIQMTQSPSS 150
 LSASVGRDVT ITCRASQDVN TAVAWYQKP GKAPKLLIYS ASYLYSGVPS 200
 RFGSGRSQDT FTLTISLQPF EDFATYYCQQ HYTTPPTFGQ GTKVEIKGPE 250
 KSSDKTHTCP PCPAPELLGG PSVFLFPPPK KDTLMISRTPEVTCVVVDV 300
 HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN STYRVVSVLT VLHQDWLNGK 350
 EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ VYTLPPCREE MTKNQVSLWC 400
 LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTPPV LDSDGSFFLY SKLTVDKSRW 450
 QQGNVFCSSV 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 thioester 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 están conjugados, cada uno a través de un enlace tioéter, 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-antennaires complexes afucosylés / glicanos de tipo CHO biantenaricos complejos afucosilados

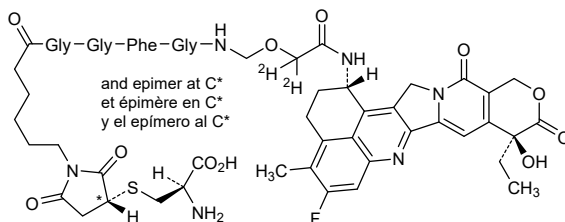
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: 449, 480"

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

C (259, 262, 214', 222", 228", 231")

*(deuterxtecana:mAb ~ 6:1)



rolzavosoritidum

rolzavosoritide

C-type natriuretic peptide (CNP, CNP2, NPPC), L-prolylglycyl[C-terminal 37-peptide (CNP-37)] (1-39 in the real sequence), substituted at N^6 of the L-lysyl residue 27 with a (28S)-28,46-dicarboxy-3-(2-hydroxyethyl)-7,16,25,30-tetraoxo-9,12,18,21-tetraoxa-3,6,15,24,29-pentaazahexatetracontan-1-oyl group; S^{23}, S^{39} -cyclo{L-prolylglycyl-L-glutamyl-L- α -glutamyl-L-histidyl-L-prolyl-L-asparaginyl-L-alanyl-L-arginyl-L-lysyl-L-tyrosyl-L-lysylglycyl-L-alanyl-L-asparaginyl-L-lysyl-L-lysylglycyl-L-leucyl-L-seryl-L-lysylglycyl-L-cysteinyl-L-phenylalanylglycyl-L-leucyl- N^6 -[(28S)-28,46-dicarboxy-3-(2-hydroxyethyl)-7,16,25,30-tetraoxo-9,12,18,21-tetraoxa-3,6,15,24,29-pentaazahexatetracontan-1-oyl]-L-lysyl-L-leucyl-L- α -aspartyl-L-arginyl-L-isoleucylglycyl-L-seryl-L-methionyl-L-serylglycyl-L-leucylglycyl-L-cysteine}

natriuretic peptide

rolzavosoritide

peptide natriurétique de type C (CNP, CNP2, NPPC), L-prolylglycyl[C-terminal 37-peptide (CNP-37)] (1-39 dans la séquence réelle), substitué en N^6 du résidu L-lysyle 27 par un groupe (28S)-28,46-dicarboxy-3-(2-hydroxyéthyl)-7,16,25,30-tétraoxo-9,12,18,21-tétraoxa-3,6,15,24,29-pentaazahexatétracontan-1-oyle; S^{23}, S^{39} -cyclo{L-prolylglycyl-L-glutamyl-L- α -glutamyl-L-histidyl-L-prolyl-L-asparaginyl-L-alanyl-L-arginyl-L-lysyl-L-tyrosyl-L-lysylglycyl-L-alanyl-L-asparaginyl-L-lysyl-L-lysylglycyl-L-leucyl-L-séryl-L-lysylglycyl-L-cystéinyl-L-phénylalanylglycyl-L-leucyl- N^6 -[(28S)-28,46-dicarboxy-3-(2-hydroxyéthyl)-7,16,25,30-tétraoxo-9,12,18,21-tétraoxa-3,6,15,24,29-pentaazahexatétracontan-1-oyle]-L-lysyl-L-leucyl-L- α -aspartyl-L-arginyl-L-isoleucylglycyl-L-séryl-L-méthionyl-L-sérylglycyl-L-leucylglycyl-L-cystéine}

peptide natriurétique

rolzavosoritida

péptido natriurético de tipo C (CNP, CNP2, NPPC), L-prolilglicil[C-terminal 37-péptido (CNP-37)] (1-39 en la secuencia real), sustituido en N^6 del residuo L-lisilo 27 con un grupo (28S)-28,46-dicarboxi-3-(2-hidroxietil)-7,16,25,30-tetraoxo-9,12,18,21-tetraoxa-3,6,15,24,29-pentaazahexatetracontane-1-oilo; S^{23}, S^{39} -ciclo{L-prolilglicil-L-glutaminil-L- α -glutamil-L-histidil-L-prolil-L-asparaginil-L-alanil-L-arginil-L-lisil-L-tirosil-L-lisilglicil-L-alanil-L-asparaginil-L-lisil-L-lisilglicil-L-leucil-L-seril-L-lisilglicil-L-cisteinil-L-fenilalanilglicil-L-leucil- N^6 -[(28S)-28,46-dicarboxi-3-(2-hidroxietil)-7,16,25,30-tetraoxo-9,12,18,21-tetraoxa-3,6,15,24,29-pentaazahexatetracontan-1-oil]-L-lisil-L-leucil-L- α -aspartil-L-arginil-L-isoleucilglicil-L-seril-L-metionil-L-serilglicil-L-leucilglicil-L-cisteína}

péptido natriurético

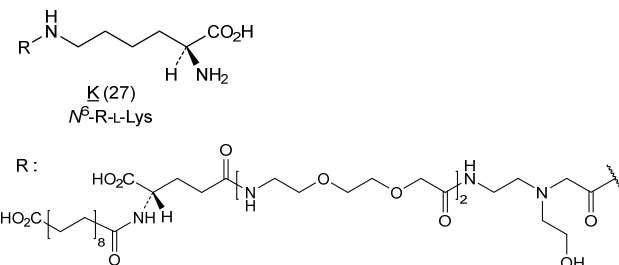
C₂₁₇H₃₆₃N₆₁O₆₅S₃

3067191-26-5

Sequence / Séquence / Secuencia

PGQEHNPARK YKGANKKGLS KGCFGLK^LDR IGSM^SGLGC 39Disulfide bridge location / Position du pont disulfure / Posición del puente disulfuro
23-39

Modified residue / Résidus modifié / Restos modificado

**romoverlibum**

romoverlib

N-[2-chloro-4-(trifluoromethyl)phenyl]-2-{2-(3,6-dihydro-2*H*-pyran-4-yl)-5-ethyl-6-[4-(5-hydroxy-6-methylpyrimidine-4-carbonyl)piperazin-1-yl]-7-oxo[1,2,4]triazolo[1,5-*a*]pyrimidin-4(7*H*)-yl}acetamide
antineoplastic

romoverlib

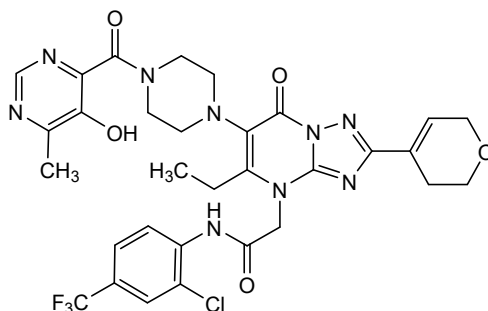
N-[2-chloro-4-(trifluorométhyl)phényl]-2-{2-(3,6-dihydro-2*H*-pyran-4-yl)-5-éthyl-6-[4-(5-hydroxy-6-méthylpyrimidine-4-carbonyl)pipérazin-1-yl]-7-oxo[1,2,4]triazolo[1,5-*a*]pyrimidin-4(7*H*)-yl}acétamide
antinéoplasique

romoverlib

N-[2-cloro-4-(trifluorometil)fenil]-2-{2-(3,6-dihidro-2*H*-piran-4-il)-5-etil-6-[4-(5-hidroxi-6-metilpirimidina-4-carbonil)piperazin-1-il]-7-oxo[1,2,4]triazolo[1,5-*a*]pirimidin-4(7*H*)-il}acetamida
antineoplásico

C₃₁H₃₁ClF₃N₉O₅

2869954-34-5



romucabtagenium autoleucelum #

romucabtagene autoleucel

autologous T lymphocytes obtained from peripheral blood mononuclear cells by leukapheresis, transduced with a non-replicating gamma-retroviral vector derived from myeloproliferative sarcoma virus and murine embryonic stem cell virus, encoding a chimeric antigen receptor (CAR) targeting the B-cell maturation antigen (BCMA; TNFRSF17, CD269) and a truncated human epidermal growth factor receptor (tEGFR) separated from the CAR by a P2A self-cleaving peptide sequence derived from porcine *teschovirus* type 1. The expressed transgene comprises 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 tEGFR is preceded by a granulocyte macrophage colony-stimulating factor receptor (GM-CSFR) signal peptide. The construct is flanked by 5' and 3' long terminal repeats (LTRs), which control transcription and polyadenylation respectively, and contains a psi (Ψ) packaging signal. The vector is pseudotyped with the gibbon ape leukaemia virus (GALV) envelope (Env) glycoprotein.

The peripheral blood mononuclear cells (PBMC) are selected and activated with anti-CD3 / anti-CD28 agonistic antibodies in growth media containing interleukin 2 (IL-2). The cells are then transduced with the retroviral viral vector and further expanded in growth medium containing IL-2. The T lymphocytes ($\geq 95\%$) are positive for the transgene ($\geq 15\%$ CAR positive), and express CD107a ($\geq 20\%$) after co-incubation with BCMA+ target cells. In addition, the cells demonstrate cytotoxicity against BCMA expressing cells and secrete interferon gamma (IFN- γ) and IL-2

cell-based gene therapy (antineoplastic)

romucabtagène autoleucel

lymphocytes T autologues obtenus à partir de cellules mononucléaires du sang périphérique par leucaphérèse, transduits avec un vecteur gamma-rétroviral non répliquatif, dérivé du virus du sarcome myéloprolifératif et du virus des cellules souches embryonnaires murines, codant un récepteur d'antigène chimérique (RAC) ciblant l'antigène de maturation des cellules B (BCMA; TNFRSF17, CD269) et un récepteur tronqué du facteur de croissance épidermique humain (tEGFR) séparé du RAC par une séquence peptidique auto-clivante P2A dérivée du *teschovirus* porcin de type 1. Le transgène exprimé comprend un peptide signal CD8 α , un fragment variable à chaîne unique anti-BCMA (scFv) dérivé du clone C11D5.3, une charnière CD8 α , une région transmembranaire CD8 α , un domaine de co-stimulation 4-1BB et un domaine de signalisation CD3 ζ . Le tEGFR est précédé d'un peptide signal du récepteur du facteur de stimulation des colonies de granulocytes et de macrophages (GM-CSFR). La construction est flanquée de répétitions terminales longues (LTR) en 5' et 3', qui contrôlent respectivement la transcription et la polyadénylation, et contient également un signal d'encapsulation psi (Ψ). Le vecteur est pseudotypé avec la glycoprotéine d'enveloppe (Env) du virus de la leucémie du singe gibbon (GALV).

Les cellules mononucléaires du sang périphérique (PBMC) sont sélectionnées et activées par des anticorps agonistes anti-CD3/anti-CD28 dans un milieu de croissance contenant de l'interleukine 2 (IL-2). Les cellules sont ensuite transduites par

le vecteur rétroviral et expansées dans un milieu de croissance contenant de l'IL-2. Les lymphocytes T ($\geq 95\%$) sont positifs pour le transgène ($\geq 15\%$ RAC+) et expriment CD107a ($\geq 20\%$) après co-incubation avec des cellules cibles BCMA+. De plus, les cellules présentent une cytotoxicité contre les cellules exprimant BCMA et sécrètent de l'interféron gamma (IFN- γ) et de l'IL-2

thérapie génique à base de cellules (antinéoplasique)

romucabtagén autoleucel

linfocitos T autólogos obtenidos de células mononucleares de sangre periférica por leucoaféresis, transducidos con un vector gamma retroviral no replicativo derivado del virus del sarcoma mieloproliferativo y del virus de células madre embrionarias murino, que codifica un receptor de antígenos quimérico (CAR) dirigido anti el antígeno de maduración de células B (BCMA; TNFRSF17, CD269) y un receptor del factor de crecimiento epidérmico humano truncado (tEGFR) separado del CAR por una secuencia del péptido de auto escisión P2A derivada del *teschovirus* porcino tipo 1. El transgén expresado 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 tEGFR está precedido por un péptido señal del receptor del factor estimulador de colonias de granulocitos macrófagos (GM-CSFR). El constructo está flanqueado por repeticiones terminales largas (LTRs) en 5' y 3', que controlan la transcripción y la poliadenilación respectivamente, y también contiene una señal de empaquetamiento psi (ψ). El vector está pseudotipado con la glicoproteína de envoltura (Env) del virus de la leucemia del gibbon (GALV).

Las células mononucleares de sangre periférica (PBMC) se seleccionan y activan con anticuerpos agonistas anti-CD3/anti-CD28 en medio de crecimiento que contiene interleuquina 2 (IL-2). Las células se transducen después con el vector retroviral y se expanden más en medio de crecimiento que contiene IL-2. Los linfocitos T ($\geq 95\%$) son positivos para el transgén ($\geq 15\%$ CAR+), y expresan CD107a ($\geq 20\%$) tras la coincubación con células diana BCMA+. Además, las células muestran citotoxicidad frente a células que expresan BCMA y secretan interferón gamma (IFN- γ) e IL-2

terapia génica basada en células (antineoplásico)

rusapefgenum plasmivecum #

rusapefgene plasmivec

DNA plasmid encoding human hepatocyte growth factor (HGF) under control of a cytomegalovirus (CMV) enhancer/promoter and terminated by a bovine growth hormone (bGH) polyadenylation signal. The plasmid also contains a pBR322 origin of replication and a kanamycin resistance gene *gene therapy (angiogenesis stimulator)*

rusapefgène plasmivec

plasmide d'ADN codant le facteur de croissance hépatocytaire (HGF) humain sous le contrôle d'un activateur/promoteur du cytomégalovirus (CMV), et terminé par un signal de polyadénylation de l'hormone de croissance bovine (bGH). Le plasmide contient également une origine de réplication pBR322, et un gène de résistance à la kanamycine *thérapie génique (stimulateur de l'angiogenèse)*

rusapefgen plasmivec	plásmido de ADN que codifica el factor de crecimiento de hepatocitos (HGF) humano bajo el control de un potenciador/promotor de citomegalovirus (CMV) y terminado por y una señal de poliadenilación de la hormona de crecimiento bovina (bGH). El plásmido también contiene un origen de replicación de pBR322 y un gen de resistencia a kanamicina <i>terapia génica (estimulante de la angiogénesis)</i>
	3053183-38-0
sacomitatugum # sacomitatug	immunoglobulin G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> MUC1 (mucin 1, polymorphic epithelial mucin, PEM, CD227)], humanized monoclonal antibody; H-gamma1 heavy chain humanized (1-447) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-72*01 (85.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.10.8] (26-33.51-60.99-106)) (1-117) - <i>Homo sapiens</i> IGHG1*07 (100%) G1m17, G1m1, G1m2 CH1 K120, CH3 D12, L14, G110 (CH1 K120 (214) (118-215), hinge 1-15 (216-230), CH2 (231-340), CH3 D12 (356), L14 (358), G110 (431) (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], (220-219')-disulfide with kappa light chain humanized (1'-219') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV2-28*01 (86.0%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27-37.55-57.94-102)) (1'-112') - <i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (158'), V101 (196') (113'-219')]; dimer (226-226":229-229")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa <i>antineoplastic</i>
sacomitatug	immunoglobuline G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> MUC1 (mucine 1, mucine épithéliale polymorphe, PEM, CD227)], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-447) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-72*01 (85.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.10.8] (26-33.51-60.99-106)) (1-117) - <i>Homo sapiens</i> IGHG1*07 (100%) G1m17, G1m1, G1m2 CH1 K120, CH3 D12, L14, G110 (CH1 K120 (214) (118-215), charnière 1-15 (216-230), CH2 (231-340), CH3 D12 (356), L14 (358), G110 (431) (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], (220-219')-disulfure avec la chaîne légère kappa humanisée (1'-219') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV2-28*01 (86.0%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27-37.55-57.94-102)) (1'-112') - <i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (158'), V101 (196') (113'-219')]; dimère (226-226":229-229")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa <i>antineoplasique</i>
sacomitatug	immunoglobulina G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> MUC1 (mucina 1, mucina epitelial polimórfica, PEM, CD227)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-447) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-72*01 (85.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.10.8] (26-33.51-60.99-106)) (1-117) - <i>Homo sapiens</i> IGHG1*07 (100%) G1m17, G1m1, G1m2 CH1 K120, CH3 D12, L14, G110 (CH1 K120 (214) (118-215), bisagra 1-15 (216-230), CH2 (231-340), CH3 D12 (356), L14 (358), G110 (431) (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], (220-219')-disulfuro con la cadena ligera kappa humanizada (1'-219') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV2-28*01 (86.0%) -IGKJ1*01

(100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27-37.55-57.94-102)) (1'-112') - *Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (158'), V101 (196') (113'-219'))]; dímero (226-226":229-229")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa antineoplásico

3055975-38-4

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H")
EVQLVESGGG LVQPGGSMRL SCVASGFFFS NYWMNWVRQA PGKGLEWVGE 50
IRLKSQYTT HYAESVKGRF TISRDDSKNS LYLQMNLSKT EDTAVYYCTR 100
HYYFDYWGQG TLVTSSAST KGPSVFPLAP SSKSTSGGTA ALGCLVKDYF 150
PEPVTVSWSN GALTSGVHTF PAVLQSSGLY SLSSVVTVP SSSLGQTYIC 200
NVNHKPSNTK VDKKVEPKSC DKTHTCPPCP APELLGGPSV FLFPPKPKDT 250
LMISRTPEVT CVVVDVSHED PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYNSTY 300
RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKALPA PIEKTSKAK GQPREPQVYT 350
LPPSRDELTK NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTTTPVLDS 400
DGSFFLYSKL TVDKSRWQQG NVFSCSVMHG GLHNHYTQKS LSLSPGK 447

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L")
DIVMTQSPLS NPVTGPEPAS ISCRSSKSLL HSNGITVFFW YLQKPGQSPQ 50
LLIYQMSNLA SGVPDRFSGS GSGTDFTLRI SRVEAEDVGV YYCAQNLLEP 100
PTFGGQTKVE IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVCL LNNFYPREAK 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"-98 144"-200 261"-321 367"-425
22"-98" 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
HCH2 N84.4: 297, 297"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenararios complejos fucosilados

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

sacomitatugum deruxtecanum #
sacomitatug deruxtecan

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* MUC1 (mucin 1, polymorphic epithelial mucin, PEM, CD227)], humanized monoclonal antibody, conjugated on an average of eight cysteinyl residues to *deruxtecan*, comprising a linker and a camptothecin derivative;
H-gamma1 heavy chain humanized (1-447) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-72*01 (85.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.10.8] (26-33.51-60.99-106)) (1-117) -*Homo sapiens*IGHG1*07 (100%) G1m17, G1m1, G1m2 CH1 K120, CH3 D12, L14, G110 (CH1 K120 (214) (118-215), hinge 1-15 (216-230), CH2 (231-340), CH3 D12 (356), L14 (358), G110 (431) (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], (220-219')-disulfide with kappa light chain humanized (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV2-28*01 (86.0%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27-37.55-57.94-102)) (1'-112') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (158), V101 (196) (113'-219'))]; dimer (226-226":229-229")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa; substituted at the sulfur atoms of an average of eight L-cysteinyl residues among 220, 226, 229, 219', 220", 226", 229" and 219'" with (3*RS*)-1-[(10*S*)-10-benzyl-1-[[[(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]amino}-1,6,9,12,15,18-hexaoxo-3-oxa-5,8,11,14,17-pentaazatricosan-23-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (*deruxtecán*) groups
antineoplastic

sacomitatug déruxtécan

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* MUC1 (mucine 1, mucine épithéliale polymorphique, PEM, CD227)], anticorps monoclonal humanisé, conjugué par huit résidus cystéinyle en moyenne au *déruxtécan*, comprenant un coupleur et un dérivé de la camptothécine;
chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-72*01 (85.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.10.8] (26-33.51-60.99-106)) (1-117) -*Homo sapiens* IGHG1*07 (100%) G1m17, G1m1, G1m2 CH1 K120, CH3 D12, L14, G110 (CH1 K120 (214) (118-215), charnière 1-15 (216-230), CH2 (231-340), CH3 D12 (356), L14 (358), G110 (431) (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], (220-219')-disulfure avec la chaîne légère kappa humanisée (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-28*01 (86.0%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27-37.55-57.94-102)) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (158), V101 (196) (113'-219')]; dimère (226-226":229-229")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa; substitué sur les atomes de soufre d'une moyenne de huit résidus L-cystéinyle parmi 220, 226, 229, 219', 220", 226", 229" and 219"" avec des groupes (3*RS*)-1-[(10*S*)-10-benzyl-1-[(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]amino}-1,6,9,12,15,18-hexaoxo-3-oxa-5,8,11,14,17-pentaazatricosan-23-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (*déruxtécan*)
antineoplasique

sacomitatug deruxtecán

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* MUC1 (mucina 1, mucina epitelial polimórfica, PEM, CD227)], anticuerpo monoclonal humanizado, conjugado por ocho residuos cisteinilo por término medio con *deruxtecán*, que comprende un conector y un derivado de la camptotecina;
cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-72*01 (85.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.10.8] (26-33.51-60.99-106)) (1-117) -*Homo sapiens* IGHG1*07 (100%) G1m17, G1m1, G1m2 CH1 K120, CH3 D12, L14, G110 (CH1 K120 (214) (118-215), bisagra 1-15 (216-230), CH2 (231-340), CH3 D12 (356), L14 (358), G110 (431) (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], (220-219')-disulfuro con la cadena ligera kappa humanizada (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-28*01 (86.0%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27-37.55-57.94-102)) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (158), V101 (196) (113'-219')]; dímero (226-226":229-229")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa; sustituido en los átomos de azufre de un promedio de ocho residuos de L-cisteinilo entre 220, 226, 229, 219', 220", 226", 229" and 219"" con grupos (3*RS*)-1-[(10*S*)-10-bencil-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 (*deruxtecán*)
antineoplásico

3055975-39-5

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

```

EVQLVESGGG LVQPGGSMRL SCVASGFFFS NYWMNWVRQA PGKGLEWVGE 50
IRLKSNEYTT HYAESVKGRF TISRDDSKNS LYLQMNSLKT EDTAVYYCTR 100
HYFFDYWGQG TLVTVSSAST KGPSVFPLAP SSKSTSGGTA ALGCLVKDYF 150
PEPVTVSWNS GALTSGVHTF PAVLQSSGLY SLSSVTVTPS SSLGTQTYIC 200
NVNHKPSNTK VDKKVEPKSC DKHTHTCPPCP APELLGGPSV FLFPPKPKDT 250
LMISRTPEVT CVVVDVSHED PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYNSTY 300
RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKALPA PIEKTISKAK GQPREPQVYT 350
LPPSRDELTK NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTTTPPVLD 400
DGSFFLYSKL TVDKSRWQQG NVFSCSVMHE GLHNHYTQKS LSLSPGK 447

```

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

```

DIVMTQSPPLS NPVTPGEPAS ISCRSSKSL L HSGITYFFW YLQKPGQSPQ 50
LLIYQMSNLA SGVPDRFSGS GSGTDFTLRI SRVEAEDVGV YYCAQNLLEP 100
PTFGQGTKVE IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVCL LNNFYPREAK 150
VQWVKDNLQ SGNSQESVTE QDSKDYSTYL 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) 22-98 144-200 261-321 367-425
 22"-98" 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"

*The four inter-chain disulfide bridges are not present, an average of eight cysteinyl are conjugated, each via a thioester bond, to a drug linker.

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

*Los cuatro puentes disulfuro intercatenarios no están presentes, un promedio de ocho 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: 297, 297"

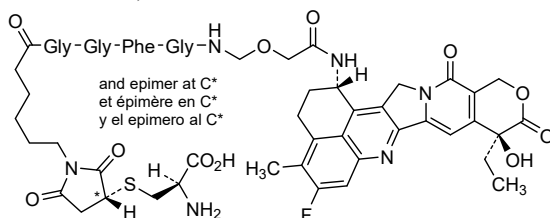
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados

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, 219', 220", 226", 229", 219''')

*(*deruxtec*:mAb ~ 8:1)

safiglipronum

safiglipron

(2²S,7²S)-1⁴-chloro-1²-fluoro-2²,2³-dihydro-5(2,1)-[1,3]benzimidazola-3(4,1)-piperidina-2(2,8)-[1,4]benzodioxina-7(2)-oxetana-1(1)-benzenaheptaphane-5⁶-carboxylic acid
glucagon-like peptide 1 (GLP-1) receptor agonist, antidiabetic

safiglipron

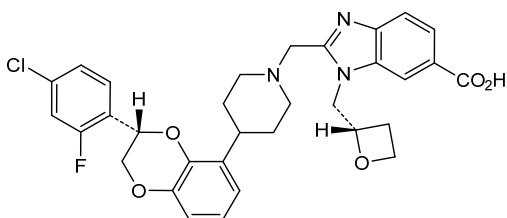
acide (2²S,7²S)-1⁴-chloro-1²-fluoro-2²,2³-dihydro-5(2,1)-[1,3]benzimidazola-3(4,1)-pipéridina-2(2,8)-[1,4]benzodioxina-7(2)-oxétana-1(1)-benzénaheptaphane-5⁶-carboxylique
agoniste du récepteur du peptide-1 de type glucagon (GLP-1), antidiabétique

safigliprón

ácido (2²S,7²S)-1⁴-cloro-1²-fluoro-2²,2³-dihidro-5(2,1)-[1,3]benzimidazola-3(4,1)-piperidina-2(2,8)-[1,4]benzodioxina-7(2)-oxetana-1(1)-bencenaheptafano-5⁶-carboxílico
agonista del receptor del péptido 1 similar al glucagón (GLP-1), antidiabético

C₃₂H₃₁ClFN₃O₅

2757506-39-9



sagidopgenum parvecum #
 sagidopgene parvec

recombinant non-replicating adeno-associated virus serotype 2 (rAAV2) vector encoding human tyrosine hydroxylase (TH; tyrosine 3-monooxygenase) isoform 1, under control of a cytomegalovirus (CMV) immediate-early (IE) enhancer/promoter and a human β -globin intron and terminated by a human growth hormone polyadenylation signal; flanked by AAV2 inverted terminal repeats (ITRs)
gene therapy (Parkinson's disease)

sagidopgène parvec

vecteur recombinant non réplcatif du virus adéno-associé de sérotype 2 (rAAV2) codant l'isoforme 1 de la tyrosine hydroxylase humaine (TH; tyrosine 3-monooxygénase), sous le contrôle d'un activateur/promoteur immédiat précoce (IE) du cytomégalo virus (CMV) et d'un intron de β -globine humaine et terminé par un signal de polyadénylation de l'hormone de croissance humaine; flanqué de répétitions terminales inversées (ITRs) d'AAV2
thérapie génique (maladie de Parkinson)

sagidopgén parvec

vector de virus adenoasociado del serotipo 2 recombinante (rAAV2), no replicativo, que codifica la isoforma 1 de la tirosina hidroxilasa humana (TH; tirosina 3-monooxigenasa), bajo el control de un promotor/potenciador inmediato-temprano (IE) del citomegalovirus (CMV) y un intrón de la β -globina humana y terminado por una señal de poliadenilación de la hormona de crecimiento humana; flanqueado por repeticiones terminales invertidas (ITRs) del AAV2
terapia génica (enfermedad de Parkinson)

3053589-37-7

solaprubartum #

solaprubart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF4 (tumor necrosis factor receptor (TNFR) superfamily member 4, OX40, CD134)], humanized monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain humanized (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV2-70*10 (93.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [10.7.10] (26-35.53-59.98-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 K120 (215) (119-216), hinge 1-15 (217-231), CH2 M15.1>Y (253), S16>T (255), T18>E (257) (232-341), CH3 D12 (357), L14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-213')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*01 (87.4%) -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 (227-227":230-230")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
immunosuppressant, atopic dermatitis

solaprubart

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF4 (membre 4 de la superfamille des récepteurs des facteurs de nécrose tumorale (TNFR), OX40, CD134)]; anticorps monoclonal humanisé;
chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV2-70*10 (93.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [10.7.10] (26-35.53-59.98-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 K120 (215) (119-216), charnière 1-15 (217-231), CH2 M15.1>Y (253), S16>T (255), T18>E (257) (232-341), CH3 D12 (357), L14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-213')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*01 (87.4%) -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 (227-227":230-230")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
immunosuppresseur, dermatite atopique

solaprubart

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF4 (miembro 4 de la superfamilia de los receptores de los factores de necrosis tumoral (TNFR), OX40, CD134)]; anticuerpo monoclonal humanizado;
cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV2-70*10 (93.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [10.7.10] (26-35.53-59.98-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 K120 (215) (119-216), bisagra 1-15 (217-231), CH2 M15.1>Y (253), S16>T (255), T18>E (257) (232-341), CH3 D12 (357), L14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-213')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*01 (87.4%) -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 (227-227":230-230")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hamster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa
immunosupresor, dermatitis atópica

3057433-10-7

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H")
QVTLKESGPA LVKPTQTLTL TCSFSGFSL S TSGMGVGWIR QPPGKALEWI 50
AHIWDDDKY YNTALKTRLT ISKDTSKNQV VLTMTNMDPV DTATYYCARI 100
DWDGFAYWQQ GTLVTVSSAS TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY 150
FPPEVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI 200
CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPELLGGPS VFLFPPKPKD 250
TLYITREPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY 350
TLPSPSRDEL T KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTPPVLD 400
SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L")
EIVLTQSPAT LSLSPGERAT LSCRASSSVS YMHWYQQKPG QAPRPWIYAT 50
SNRATGIPAR FSGSGSGTDY TLTISSLEPE DFAVYYCQF GAWPWTFGQ 100
TKVEIKRTVA APSVFIFPPS DEQLKSGTAS VVCLLNNFYP REAKVQWKVD 150
NALQSGNSQE SVTEQDSKDS TYSLSSTLT L 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) 22-97 145-201 262-322 368-426
22"-97" 145"-201" 262"-322" 368"-426"
Intra-L (C23-C104) 23'-87' 133'-193'
23"'-87'" 133"'-193'"
Inter-H-L (h 5-CL 126) 221-213' 221"-213"
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 > pyrrolutamy (pE, 5-oxopropyl) / pyrrolutamy (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 biantenaríos complejos fucosilados

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

soralimixinum
soralimixin

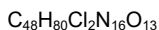
4,10-anhydro[(2S)-4-amino-2-(2,4-dichlorobenzamido)butanoyl-L-threonyl-(2S)-2,3-diaminopropanoyl-(2S)-2,4-diaminobutanoyl-(2S)-2,4-diaminobutanoyl-D-leucyl-(2S)-2-aminobutanoyl-(2S)-2,4-diaminobutanoyl-(2S)-2,4-diaminobutanoyl-L-threonine]antibacterial, polymyxin derivative

soralimixine

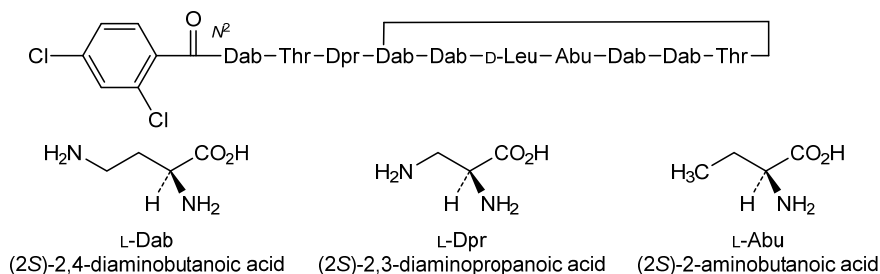
4,10-anhydro[(2S)-4-amino-2-(2,4-dichlorobenzamido)butanoyl-L-thréonyl-(2S)-2,3-diaminopropanoyl-(2S)-2,4-diaminobutanoyl-(2S)-2,4-diaminobutanoyl-D-leucyl-(2S)-2-aminobutanoyl-(2S)-2,4-diaminobutanoyl-(2S)-2,4-diaminobutanoyl-L-thréonine]antibactérien, dérivé de la polymyxine

soralimixina

4,10-anhidro[(2S)-4-amino-2-(2,4-diclorobenzamido)butanoil-L-treonil-(2S)-2,3-diaminopropanoil-(2S)-2,4-diaminobutanoil-(2S)-2,4-diaminobutanoil-D-leucil-(2S)-2-aminobutanoil-(2S)-2,4-diaminobutanoil-(2S)-2,4-diaminobutanoil-L-treonina]antibacteriano, derivado de la polimixina



1814918-91-6

**sorfequillum**

sorfequiline

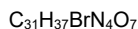
(1R,2S)-1-(6-bromo-2-methoxyquinolin-3-yl)-2-(2,6-dimethoxypyridin-4-yl)-4-(dimethylamino)-1-(2,3,6-trimethoxypyridin-4-yl)butan-2-ol
antibacterial, tuberculosis

sorféquiline

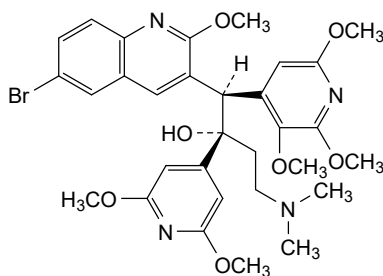
(1R,2S)-1-(6-bromo-2-méthoxyquinolin-3-yl)-2-(2,6-diméthoxypyridin-4-yl)-4-(diméthylamino)-1-(2,3,6-triméthoxypyridin-4-yl)butan-2-ol
antibactérien, tuberculose

sorfequilina

(1R,2S)-1-(6-bromo-2-metoxiquinolin-3-il)-2-(2,6-dimetoxipiridin-4-il)-4-(dimetilamino)-1-(2,3,6-trimetoxipiridin-4-il)butan-2-ol
antibacteriano, tuberculosis

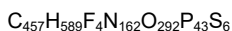


2332841-25-3

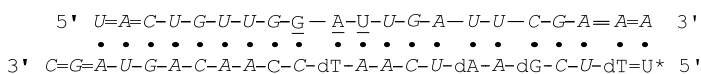
**surbisiranum**

surbisiran

*all-P-ambo-2'-O-methyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-methyl-P-thioadenylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroguanlyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorouridylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyl-P-thioadenylyl-(3'→5')-2'-O-methyl-P-thioadenylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenosine duplex with *all-P-ambo-2'-O-methyl-P-thiocytidylyl-(5'→3')-2'-O-methyl-P-thioguanlyl-(5'→3')-2'-O-methyladenylyl-(5'→3')-2'-O-**



2897552-25-7

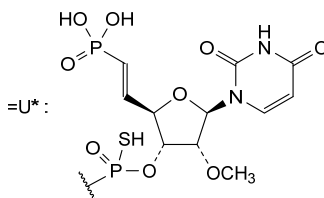


N : nucleotide / nucléotide / nucleótido

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

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

$$- : -\text{PO}(\text{OH})-$$
$$= \text{---PO(SH)---}$$


susineridinum

sysineridine

(4*S*,6*S*)-6-(propan-2-yl)-*N*-[2-[(9*R*)-9-(pyridin-2-yl)-6-oxaspiro[4.5]decan-9-yl]ethyl]-5,6-dihydro-4*H*-pyrrolo[1,2-*b*]pyrazol-4-amine

mu opioid receptor agonist, analgesic

susinéridine

(4*S*,6*S*)-6-(propan-2-yl)-*N*-[2-[(9*R*)-9-(pyridin-2-yl)-6-oxaspiro[4.5]décan-9-yl]éthyl]-5,6-dihydro-4*H*-pyrrolo[1,2-*b*]pyrazol-4-amine

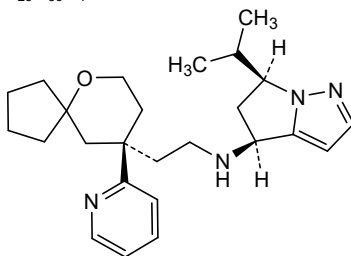
agoniste des récepteurs opioïdes μ , analgésique

susineridina

(4S,6S)-6-(propan-2-il)-N-2-[2-(9R)-9-(piridin-2-il)-6-oxaspiro[4.5]decan-9-il]etil-5,6-dihidro-4H-pirrol[1,2-b]pirazol-4-amina
agonista del receptor opioide μ , analgésico

$$\text{C}_{25}\text{H}_{36}\text{N}_4\text{O}$$

2667632-87-1



sutantatugum #

sutantatug

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 (1-446) [VH (<i>Homo sapiens</i>IGHV1-3*01 (89.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116) -<i>Homo sapiens</i>IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (213) (117-214), hinge 1-15 (215-229), CH2 (230-339), CH3 E12 (355), M14 (357) (340-444), CHS (445-446)) (117-446)], (219-214')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i>IGKV1-6*01 (84.2%) -IGKJ4*01 (91.7%), 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 (225-225'':228-228'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1SV, lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, glycoform alfa <i>antineoplastic</i>
sutantatug	immunoglobuline G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> NECTIN4 (nectine-4, molécule d'adhésion cellulaire nectine 4, PVRL4, apparenté 4 du récepteur du poliovirus, PPR4, LNIR)]; anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-446) [VH (<i>Homo sapiens</i>IGHV1-3*01 (89.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116) -<i>Homo sapiens</i>IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (213) (117-214), charnière 1-15 (215-229), CH2 (230-339), CH3 E12 (355), M14 (357) (340-444), CHS (445-446)) (117-446)], (219-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i>IGKV1-6*01 (84.2%) -IGKJ4*01 (91.7%), 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 (225-225'':228-228'')-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 <i>antineoplasique</i>
sutantatug	inmunoglobulina G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> NECTIN4 (nectina-4, molécula de adhesión celular nectina 4, PVRL4, relacionado con el receptor del poliovirus 4, PPR4, LNIR)]; anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-446) [VH (<i>Homo sapiens</i>IGHV1-3*01 (89.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116) -<i>Homo sapiens</i>IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (213) (117-214), bisagra 1-15 (215-229), CH2 (230-339), CH3 E12 (355), M14 (357) (340-444), CHS (445-446)) (117-446)], (219-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i>IGKV1-6*01 (84.2%) -IGKJ4*01 (91.7%), 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 (225-225'':228-228'')-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 <i>antineoplásico</i>

3049680-24-9

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H")
QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT SYIIHWVRQA PGQRLEWMGW 50
IYPGNVNTKY NENFRDRVIT TRDTSASTAY MELSSLRSED TAVYYCARGI 100
YYFDYWGGQT LVTVSSASTK GPSVFPLAPS SKSTSGGTAA LGCLVKDYFP 150
EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP AVLQSSGLYS LSSVTVTPSS SLGTQTYICN 200
VNHKPSNTKY DKRVEPKSCD KTHTCPPCPA PELLGGPSVF LFPPKPKDTL 250
MISRTPEVTC VVVDVSHEDP EVKFNWYVDG VEVHNAKTKP REEQYNSTYR 300
VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC KVSNAKLPAP IEKTISKAKG QPREPQVYTL 350
PPSREEMTKN QVSLTCLVKG FYPSDIAVEW ESNQGPENNY KTTTPVLDSD 400
GSFFLYSKLT VDKSRWQQGN VFSCSVMHEA LHNHYTQKSL SLSPGK 446

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L")
AIQMTQSPSS LSASVGDRVIT ITCKASQSVN NDVAWYQQKPK GKAPKLLIYY 50
ASNRDTPGPS RFGSGSGGTD FTLTISLQPD EDFATYFCHQ DYSSPTFFGG 100
GTFKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLNNFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT 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) 22-96 143-199 260-320 366-424
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"

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: 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"

sutantatugum envedotinum #
sutantatug envedotin

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 an average of two glutaminyl residues to *envedotin*, comprising a cleavable linker and monomethylauristatin E (MMAE);
H-gamma1 heavy chain humanized (1-446) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-3*01 (89.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (213) (117-214), hinge 1-15 (215-229), CH2 (230-339), CH3 E12 (355), M14 (357) (340-444), CHS (445-446)) (117-446)], (219-214')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-6*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 (225-225":228-228")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1SV, lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, glycoform alfa; substituted at the side chain nitrogen atom of an average of two L-glutaminyl residues among 294 and 294" with (6S,9S)-1-amino-6-({4-[(5S,8S,11S,12R)-11-[(2S)-butan-2-yl]-12-{2-[(2S)-2-[(1R,2R)-3-[(1S,2R)-1-hydroxy-1-phenylpropan-2-yl]amino]-1-methoxy-2-methyl-3-oxopropyl]pyrrolidin-1-yl}-2-oxoethyl)-4,10-

dimethyl-3,6,9-trioxo-5,8-di(propan-2-yl)-2,13-dioxo-4,7,10-triazatetradecan-1-yl]phenyl]carbamoyle)-1,8,11-trioxo-9-(propan-2-yl)-13,16,19-trioxa-2,7,10-triazahenicosan-21-yl (*envedotin*) groups
antineoplastic

sutantatug envédotine

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* NECTIN4 (nectine-4, molécule d'adhésion cellulaire nectine 4, PVRL4, apparenté 4 du récepteur du poliovirus, PPR4, LNIR)]; anticorps monoclonal humanisé, conjugué par deux résidus glutaminyle en moyenne à la *envédotine*, comprenant un coupleur clivable et monométhylauristatine E (MMAE); chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-446) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-3*01 (89.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (213) (117-214), charnière 1-15 (215-229), CH2 (230-339), CH3 E12 (355), M14 (357) (340-444), CHS (445-446)) (117-446)], (219-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-6*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 (225-225'':228-228'')-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; substitué sur l'atome d'azote de la chaîne latérale d'une moyenne de deux résidus L-glutaminyle 294 et 294" avec des groupes (6S,9S)-1-amino-6-({4-[(5S,8S,11S,12R)-11-[(2S)-butan-2-yl]-12-(2-[(2S)-2-[(1R,2R)-3-[(1S,2R)-1-hydroxy-1-phénylpropan-2-yl]amino]-1-méthoxy-2-méthyl-3-oxopropyl]pyrrolidin-1-yl)-2-oxoéthyl]-4,10-diméthyl-3,6,9-trioxo-5,8-di(propan-2-yl)-2,13-dioxo-4,7,10-triazatetradécan-1-yl]phényl]carbamoyle)-1,8,11-trioxo-9-(propan-2-yl)-13,16,19-trioxa-2,7,10-triazahénicosan-21-yle (*envédotine*)
antineoplasique

sutantatug envedotina

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* NECTIN4 (nectina-4, molécula de adhesión celular nectina 4, PVRL4, relacionado con el receptor del poliovirus 4, PPR4, LNIR)]; anticuerpo monoclonal humanizado, conjugado por dos residuos de glutaminilo por término medio con *envedotina*, que comprende un conector escindible y monometilauristatina E (MMAE); cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-446) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-3*01 (89.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (213) (117-214), bisagra 1-15 (215-229), CH2 (230-339), CH3 E12 (355), M14 (357) (340-444), CHS (445-446)) (117-446)], (219-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-6*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')]; dímero (225-225'':228-228'')-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; sustituido en el átomo de nitrógeno de la cadena lateral de un promedio de dos residuos de L-glutaminilo 294 y 294" con grupos (6S,9S)-1-amino-6-({4-[(5S,8S,11S,12R)-11-[(2S)-butan-2-il]-12-(2-[(2S)-2-[(1R,2R)-3-[(1S,2R)-1-fenil-1-hidroxipropan-2-il]amino]-1-metoxi-2-metil-3-oxopropil]pirrolidin-1-il)-2-oxoetil]-4,10-dimetil-3,6,9-

trioxo-5,8-di(propan-2-il)-2,13-dioxo-4,7,10-triazatetradecan-1-il]fenil]carbamoil)-1,8,11-trioxo-9-(propan-2-il)-13,16,19- trioxa-2,7,10-triazahenicosan-21-il (*envedotina*)
antineoplásico

3049680-25-0

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

QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT SYIIHWVRQA PGQRLEWMGW 50
 IYPGNVNTKY NENFRDRVIT TRDTSASTAY MELSSLRSED TAVYYCARGI 100
 YYFDYWGGQT LVTVSSASTK GPSVFPLAPS SKSTSGGTAA LGCLVKDYFP 150
 EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP AVLQSSGLYS LSSVVTVPSS SLGTQTYICN 200
 VNHKPSNTKV DKRVEPKSCD KTHTCPPCPA PELLGGPSVF LFPPKPKDTL 250
 MISRTPEVTC VVVDVSHEDP EVKFNWYVDG VEVHNAKTKP REEQYNSTYR 300
 VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC KVSNKALPAP IEKTISKAKG QPREPQVYTL 350
 PPSREEMTKN QVSLTCLVKG FYPSDIAVEW ESNQGPENNY KTTPLVLDSD 400
 GSFFLYSKLT VDKSRWQQGN VFSCSVMEHA LHNHYTQKSL SLSPGK 446

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

AIQMTQSPSS LSASVGDRVT ITCKASQSVN NDVAWYQQKP GKAPKLLIYY 50
 ASNRDTGVPS RFSGSGSGTD FTLTISSLQP EDFATYFCHQ DYSSPFTFGG 100
 GTKVEIKRTV AAPSVPFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYEKKK 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"

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: I, I"

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

H CH2 N84.4: 296, 296"

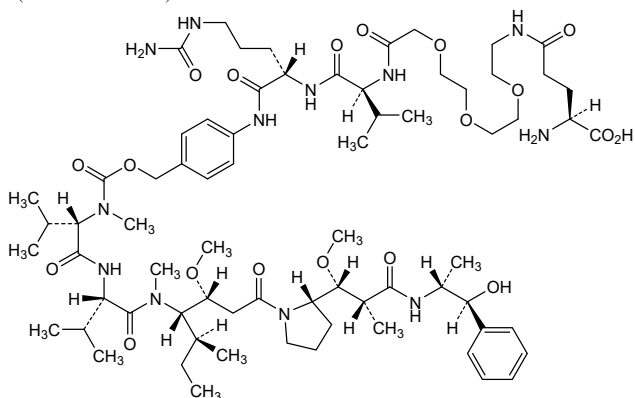
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados

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 *

H CH2 Q84.2: 294 and 294"

*(*envedotin*:mAb ~ 2:1)

tacadirsenum

tacadirsén *all-P-ambo-[2',3'-azanediyil-P,2',3'-trideoxy-P-(diméthylamino)-2',3'-seco](2'-N→5')(m⁵U-G-G-G-A-m⁵U-C-C-A-G-m⁵U-A-m⁵U-A-C-m⁵U-m⁵U-A-C)*
promotion of functional dystrophin synthesis, Duchenne muscular dystrophy

tacadirsén *tout-P-ambo-[2',3'-azanediyil-P,2',3'-tridésoxy-P-(diméthylamino)-2',3'-séco](2'-N→5')(m⁵U-G-G-G-A-m⁵U-C-C-A-G-m⁵U-A-m⁵U-A-C-m⁵U-m⁵U-A-C)*
stimulation de la synthèse de dystrophine fonctionnelle, dystrophie musculaire de Duchenne

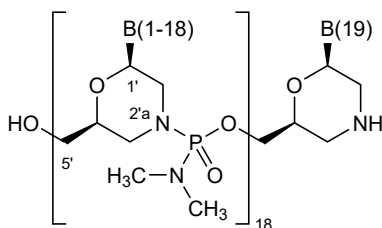
tacadirsén *todo-P-ambo-[2',3'-azanodiil-P,2',3'-tridesoxi-P-(dimetilamino)-2',3'-seco](2'-N→5')(m⁵U-G-G-G-A-m⁵U-C-C-A-G-m⁵U-A-m⁵U-A-C-m⁵U-m⁵U-A-C)*
estimulación de la síntesis de distrofina funcional, distrofia muscular de Duchenne

C₂₂₂H₃₄₄N₁₀₆O₇₆P₁₈

3037526-45-4

Sequence / Séquence / Secuencia

5' TGGGATCCAG TATACTTAC 3' (1-19)



B : nucleobase / nucléobase / nucleobase

taziguranum

taziguran

all-P-ambo-2'-O-methyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-methyl-P-thioadenylyl-(3'→5')-2'-O-methyl-P-thioadenylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-

methylcytidyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidyl-(3'→5')-2'-O-methyl-*P*-thiouridyl-(3'→5')-2'-O-methyl-*P*-thiouridyl-(3'→5')-2'-O-methyl-*P*-thiouridyl-(3'→5')-2'-O-methyluridine
gene editing (human albumin)

taziguran

tout-P-ambo-2'-O-méthyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-méthyl-P-thioadénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyl-P-thioadénylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-cytidyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-cytidyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-cytidyl-(3'→5')-cytidyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-cytidyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-O-méthyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-méthyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-méthyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridine
édition de gènes (albumine humaine)

tazigurán

todo-P-ambo-2'-O-metil-P-tiouridilil-(3'→5')-2'-O-metil-P-tioadenilil-(3'→5')-2'-O-metil-P-tioadenilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-citudilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-citudilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metilcitudilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metilcitudilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-citudilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-citudilil-(3'→5')-citudilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-citudilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metilcitudilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-

metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metil-P-tiouridilil-(3'→5')-2'-O-metil-P-tiouridilil-(3'→5')-2'-O-metil-P-tiouridilil-(3'→5')-2'-O-metiluridina edición de genes (*albumina humana*)

C₁₀₀₅H₁₂₆₇N₃₈₈O₆₈₆P₉₉S₆ 2415955-93-8

Sequence / Séquence / Secuencia

5' UAAAGCAUAG UGCAAUAGAU GUUUUAGAGC UAGAAAUAGC AAGUUAAAAU 50
AAGGCUAGUC CGUUAUCAAC UUGAAAAAGU GGCACCGAGU CGGUGCUUUU 3' 100
N : nucleotide / nucléotide / nucleótido
N : P-thio-N / P-thio-N / P-tio-N
N : 2'-O-methyl-N / 2'-O-méthyl-N / 2'-O-metil-N;
U : 2'-O-methyluridine / 2'-O-méthyluridine / 2'-O-metiluridina

tedixabanum
tedixaban

N-(5-chloropyridin-2-yl)-5-methyl-2-[4-(N-methylethanimidamido)benzamido]benzamide
blood coagulation factor Xa inhibitor

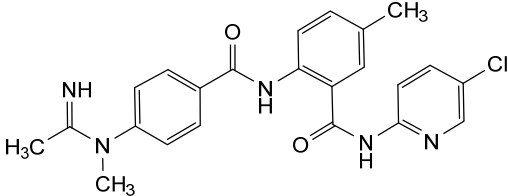
tédixaban

N-(5-chloropyridin-2-yl)-5-méthyl-2-[4-(N-méthyléthanimidamido)benzamido]benzamide
inhibiteur du facteur Xa de coagulation sanguine

tedixabán

N-(5-cloropiridin-2-il)-5-metil-2-[4-(N-metiletanimidamido)benzamido]benzamida
inhibidor del factor Xa de coagulación sanguínea

C₂₃H₂₂ClN₅O₂ 1333126-80-9



teotresgenum autogeleucelum #

teotresgene autogeleucel autologous T lymphocytes obtained from peripheral blood via leukapheresis, electroporated with three CRISPR/Cas9 (clustered regularly interspaced short palindromic repeats/CRISPR-associated protein 9) /guide RNA (gRNA) nucleoprotein complexes to disrupt the T cell receptor alpha chain constant (*TRAC*), T cell receptor beta constant (*TRBC*) 1 and 2, and TGF-beta receptor type-2 (*TGFBR2*) loci. At the same time, the cells are electroporated with linear, closed-end, double-stranded DNA (lc-dsDNA), encoding an HLA-C*08:02-restricted T cell receptor (TCR) targeting K-Ras variant G12D, which leads to site-specific integration of the dsDNA at the *TRAC* locus via homologous

recombination. The TCR transgene consists of TCR β and TCR α chains separated by self-cleaving 2A peptide sequences and by a modified dihydrofolate reductase (DHFR).

The apheresis material is enriched via immunomagnetic selection of CD4 and CD8 expressing cells and activated using anti-CD3 and anti-CD28 antibodies in growth media containing recombinant cytokines interleukin 7 (IL-7) and IL-15. The cells are then electroporated with the constructs before further expansion in media containing IL-7 and IL-15. During culture, the cells also undergo an enrichment of transgene positive T lymphocytes via chemoselection with methotrexate (MTX).

The T lymphocytes (sum of CD4⁺ plus CD8⁺ $\geq 80\%$) are enriched for CD8⁺ cells, with subsets of T helper lymphocytes (CD4⁺). The CD4⁺ subset is predominately composed of CD27⁺CD28⁺ and CD45RA⁺CCR7⁺ populations, whereas the CD8⁺ subset is a mixture of CD27⁺CD28⁺, CD45RA⁺CCR7⁺, CD45RA⁺CCR7⁻, and CD45RA⁺CD62L⁺ populations. The transgene (neoantigen-specific TCR) expression in the final substance is $\geq 40\%$, and the knock-out efficiencies for *TRAC*, *TRBC* and *TGFB2* are measured by digital PCR. Following co-culture of the T lymphocytes with tumor target cell lines the lymphocytes proliferate, are cytotoxic and secrete interferon gamma (IFN- γ) and IL-2 in response to antigen stimulation

cell-based gene therapy (antineoplastic)

téotresgène autogéleucel

lymphocytes T autologues obtenus à partir de sang périphérique par leucaphérèse, électroporés avec trois complexes nucléoprotéiques CRISPR/Cas9 (courtes répétitions palindromiques groupées et régulièrement espacées/protéine 9 associée à CRISPR) /ARN guide (ARNg) pour perturber le locus du gène de la chaîne constante alpha du récepteur des lymphocytes T (*TRAC*), celui de la chaîne constante bêta du récepteur des lymphocytes T (*TRBC*) 1 et 2, et celui du récepteur TGF- β de type 2 (*TGFB2*). Dans le même temps, les cellules sont électroporées avec de l'ADN double brin linéaire, fermé (lc-dsDNA), codant un récepteur des cellules T restreint par HLA-C*08:02 (TCR) ciblant la variante G12D de K-Ras, ce qui conduit à l'intégration spécifique du site de l'ADNdb au locus *TRAC* via la recombinaison homologue. Le transgène TCR est constitué de chaînes TCR β et TCR α séparées par des séquences peptidiques 2A auto-clivantes et par une dihydrofolate réductase modifiée (DHFR).

Le matériel d'aphérèse est enrichi par sélection immunomagnétique des cellules exprimant CD4 et CD8, puis activé par des anticorps anti-CD3 et anti-CD28 dans un milieu de croissance contenant des cytokines recombinantes interleukine-7 (IL-7) et IL-15. Les cellules sont ensuite électroporées avec ces constructions avant d'être à nouveau développées dans un milieu contenant de l'IL-7 et de l'IL-15. Pendant la culture, les cellules subissent également un enrichissement en lymphocytes T positifs au transgène par chimiosélection au méthotrexate (MTX).

Les lymphocytes T (somme CD4⁺ et CD8⁺ $\geq 80\%$) sont enrichis en cellules CD8⁺, avec des sous-populations de lymphocytes T auxiliaires (CD4⁺). La sous-population CD4⁺ est principalement composée des populations CD27⁺CD28⁺ et CD45RA⁺CCR7⁻, tandis que la sous-population CD8⁺ est un mélange des populations CD27⁺CD28⁺, CD45RA⁺CCR7⁻, CD45RA⁺CCR7⁺, et CD45RA⁺CD62L⁺. L'expression du transgène (TCR spécifique du néoantigène) dans la substance finale est $\geq 40\%$, et les efficacités d'inactivation de *TRAC*, *TRBC* et *TGFB2* sont mesurées par PCR numérique. Après co-culture des lymphocytes T avec des lignées

cellulaires tumorales cibles, les lymphocytes prolifèrent, sont cytotoxiques et sécrètent de l'interféron gamma (IFN- γ) et de l'IL-2 en réponse à la stimulation antigénique
thérapie génique à base de cellules (antineoplasique)

teotresgén autogeoleucel

linfocitos T autólogos obtenidos de sangre periférica por leucoaféresis, electroporados con tres complejos de nucleoproteína de CRISPR/Cas 9 (repeticiones palindrómicas agrupadas y espaciadas regularmente/proteína asociada a CRISPR 9) /ARN guía (ARNg) para interrumpir el locus del gen de la cadena constante alfa del receptor de linfocitos T (*TRAC*), el de la cadena constante beta del receptor de células T (*TRBC*) 1 y 2 y el del receptor de TGF-beta tipo 2 (*TGFBR2*). Al mismo tiempo, las células se electroporan con un ADN de doble cadena, linear, cerrado en los extremos (lc-dsADN), que codifica un receptor de células T (TCR) restringido por HLA-C*08:02 dirigido a la variante G12D de K-Ras, lo que conduce a una integración específica de sitio del dsADN en el locus *TRAC* mediante recombinación homóloga. El transgén del TCR consta de cadenas TCR β y TCR α separadas por secuencias del péptido de auto escisión 2A y por una dihidrofolato reductasa (DHFR) modificada. El material de aféresis se enriquece por selección inmunomagnética de células que expresan CD4 y CD8 y se activan usando anticuerpos anti-CD3 y anti-CD28 en medio de crecimiento que contiene las citoquinas recombinantes interleuquina 7 (IL-7) e IL-15. Las células se electroporan después con los constructos antes de más expansión en medio que contiene IL-7 e IL-15. Durante el cultivo, las células también experimentan un enriquecimiento de linfocitos T positivos para el transgén mediante quimioselección con metotrexato (MTX). Los linfocitos T (suma de CD4⁺ más CD8⁺ $\geq$ 80%) están enriquecidos para células CD8⁺, con subtipos de linfocitos T colaboradores (CD4⁺). El subtipo de CD4⁺ está compuesto predominantemente por las poblaciones CD27⁺CD28⁺ y CD45RA⁺CCR7⁺, mientras que el subtipo CD8⁺ es una mezcla de las poblaciones CD27⁺CD28⁺, CD45RA⁺CCR7⁺, CD45RA⁺CCR7⁻, y CD45RA⁺CD62L⁺. La especificación para la expresión del transgén (TCR específico del neoantígeno) en la sustancia final es de $\geq$ 40%, y las eficiencias de las eliminaciones de *TRAC*, *TRBC* y *TGFBR2*, se miden por PCR digital. Tras el cocultivo de los linfocitos T con líneas de células tumorales diana, los linfocitos proliferan, son citotóxicos y secretan interferón gamma (IFN- γ) e IL-2 en respuesta a la estimulación antigénica
terapia génica basada en células (antineoplásico)

tepsababartum #
 tepsababart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Staphylococcus aureus* ClfA (*Staphylococcus aureus* clumping factor A protein)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;
 H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-454) [VH (*Homo sapiens*IGHV4-4*08 (92.8%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.7.18] (26-33.51-57.96-113)) (1-124) -*Homo sapiens*IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 9-G1v78-4 CH3 C112, S113, Y114, L116, C117 (CH1 R120 (221) (125-222), hinge 1-15 (223-237), CH2 (238-347), CH3 E12 (363), M14 (365), L112>C (439), H113>S (440), N114>Y (441), Y116>L (443), T117>C (444) (348-452), CHS (453-454)) (125-454)], (227-214')-disulfide with

	L-kappa light chain <i>Homo sapiens</i> (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 (96.8%) -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')]; dimer (233-233":236-236")-bisdisulfide, produced in a cell line of Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, glycoform alfa <i>antibacterial</i>
tepsababart	immunoglobuline G1-kappa, anti-[<i>Staphylococcus aureus</i> ClfA (protéine facteur d'agglutination A de <i>Staphylococcus aureus</i>], anticorps monoclonal <i>Homo sapiens</i>; chaîne lourde H-gamma1 <i>Homo sapiens</i> (1-454) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV4-4*08 (92.8%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.7.18] (26-33.51-57.96-113)) (1-124) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 9-G1v78-4 CH3 C112, S113, Y114, L116, C117 (CH1 R120 (221) (125-222), charnière 1-15 (223-237), CH2 (238-347), CH3 E12 (363), M14 (365), L112>C (439), H113>S (440), N114>Y (441), Y116>L (443), T117>C (444) (348-452), CHS (453-454)) (125-454)], (227-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa <i>Homo sapiens</i> (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 (96.8%) -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 (233-233":236-236")-bisdisulfure, produit dans une lignée cellulaire des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa <i>antibactérien</i>
tepsababart	immunoglobulina G1-kappa, anti-[<i>Staphylococcus aureus</i> ClfA (proteína factor de aglutinación A de <i>Staphylococcus aureus</i>], anticuerpo monoclonal <i>Homo sapiens</i>; cadena pesada H-gamma1 <i>Homo sapiens</i> (1-454) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV4-4*08 (92.8%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.7.18] (26-33.51-57.96-113)) (1-124) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 9-G1v78-4 CH3 C112, S113, Y114, L116, C117 (CH1 R120 (221) (125-222), bisagra 1-15 (223-237), CH2 (238-347), CH3 E12 (363), M14 (365), L112>C (439), H113>S (440), N114>Y (441), Y116>L (443), T117>C (444) (348-452), CHS (453-454)) (125-454)], (227-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa <i>Homo sapiens</i> (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 (96.8%) -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')]; dímero (233-233":236-236")-bisdisulfuro, producido en una línea celular de las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, forma glicosilada alfa <i>antibacteriano</i>

3050776-33-2

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H")
QVQLQESGPG LVKPSSETLSL TCTVSGGSIQ NSYWSWIRQP PGKGLEWIGY 50
LYSSGRITNYT PSLKSRVTIS VDTSKNQFSL KLSSVTAADT AVYYCARTHL 100
GGFHYGGGFW FDPWGGQTLV TVSSASTKGP SVFPLAPSSK STSGGTAALG 150
CLVKDYFPEP VTVSWNSGAL TSGVHTFPAV LQSSGLYSL SVTVVPSSSL 200
GTQTYICNVN HKPSNTKVDK RVEPKSCDKT HTCPCCPAPE LLGGPSVFLF 250
PPKPKDTLMI SRTPEVTCVV VDVSHEDPEV KFNWYVDGVE VHNAKTKPRE 300
EQYNSTYRVV SVLTVLHQDW LNKKEYKCKV SNKALPAPIE KTISKAKGQP 350
REPQVYTLPP SREEMTKNQV SLTCLVKGEY PSDIAVEWES NGQPENNYKT 400
TPPVLDSDGS FFLYSKLTVD KSRWQQGNVF SCSVMHEACS YHLCQKSLSL 450
SPGK 454

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L")
DIQMTQSPSS LSASVGDRVT ITCRASQSIT SYLNWYQQKP GKAPKLLIYA 50
SSSLQSGVPS RFGSGSGGTD FTLTISSLQP EDFATYYCQE SYSTPPTFGQ 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSSLT LSKADYEKHK VYACEVTHGQ 200
LSSPVTKSFN RGEC 214

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-95 151-207 268-328 374-432
22"-95" 151"-207" 268"-328" 374"-432"

Intra-H (CH3 C112-C117)* 439-444
439"-444"

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

Inter-H-L (h 5-CL 126) 227-214' 227"-214"

Inter-H-H (h 11, h 14) 233-233" 236-236"

*Additional intra-H disulfide bridge, part of the variant 9-G1v78-4 to enhance FCGR2 binding

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 VH N66: 58, 58"

Aglycosylated / aglycosylé / aglicosilado
H CH2 N84.4: 304, 304"

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: 454, 454"

thyrotropinum beta #
thyrotropin beta

human thyrotropin subunit beta (thyroid-stimulating hormone subunit β , thyrotropin beta chain, TSH-B, TSHB) (Uniprot: P01222) non-covalently complexed with the glycoprotein hormones alpha chain (choriogonadotropin alpha chain, follicle-stimulating hormone alpha chain, FSH-alpha, chorionic gonadotrophin subunit alpha, CG-alpha, CGA) (Uniprot: P01215), heterodimer, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells with dihydrofolate reductase (DHFR) gene deficiency, glycoform beta
thyroid stimulating hormone (TSH), diagnostic

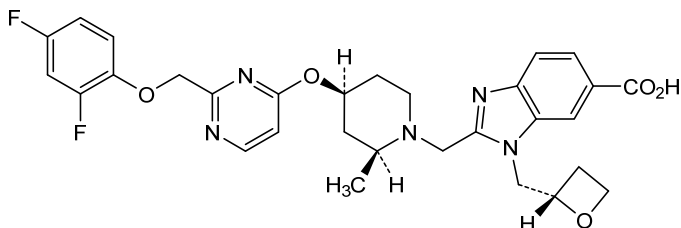
thyrotropine bêta	sous-unité bêta de la thyrotropine humaine (sous-unité β de l'hormone thyroestimulante, chaîne bêta de la thyrotropine, TSH-B, TSHB) (Uniprot: P01222), complexée de manière non covalente avec la chaîne alpha des hormones glycoprotéiques (chaîne alpha de la choriogonadotrophine, chaîne alpha de l'hormone folliculo-stimulante, FSH-alpha, sous-unité alpha de la gonadotrophine chorionique, CG-alpha, CGA) (Uniprot: P01215), hétérodimère, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO) présentant un déficit en gène de la dihydrofolate réductase (DHFR), glycoforme bêta <i>hormone stimulant la thyroïde (TSH), diagnostic</i>
tirotropina beta	subunidad beta de la tirotropina humana (subunidad β de la hormona estimulante de tiroides, cadena beta de la tirotropina, TSH-B, TSHB) (Uniprot: P01222), complejada de forma no covalente con la cadena alfa de las hormonas glicoproteicas (cadena alfa de la gonadotropina coriónica, cadena alfa de la hormona foliculoestimulante, FSH-alfa, subunidad alfa de la gonadotropina coriónica, CG alfa, CGA) (Uniprot: P01215), heterodímero, producido en células ováricas de hámster chino (CHO) con déficit del gen de la dihidrofolato reductasa (DHFR), gliciforma beta <i>hormona estimulante de la tiroides (TSH), diagnóstico</i>
3052985-57-3	
Sequence / Séquence / Secuencia	
β subunit	
FCIPTEYTMH IERRECAAYCL TINTTICAGY CMTRDINGK LFLPKYALSQD 50	
VCTYRDFIYR TVEIPGCPLH VAPYFSYPVA LSCKCGKCNT DYSDCIHEAI 100	
KTNVCTKPQK SYLVGFSV 118	
α subunit	
APDVQDCPEC TLQENPFFSQ PGAPILQCMG CCFSRAYPTP LRSKKTMLVQ 50	
KNVTSESTCC VAKSYNRVTV MGGFKVENHT ACHCSTCYH KS 92	
Post-translational modifications	
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro	
Intra β subunit: 2-52, 16-67, 19-105, 27-83, 31-85, 88-95	
Intra α subunit: 7-31, 10-60, 28-82, 32-84, 59-87	
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación	
β subunit: N23 α subunit: N52, N78	
Oxidation sites / Sites d'oxydation / Posiciones de oxidación	
α subunit: M29 (1.81%), M49 (1.06%), M71 (1.45%)	
Deamidation sites / Sites de désamidation / Posiciones de desamidación	
β subunit: N37 (1.33%)	
tifeglipronum	(1 ² S,5 ² S,5 ⁴ S)-10 ² ,10 ⁴ -difluoro-5 ² -methyl-6,9-dioxa-3(1,2)-[1,3]benzimidazola-7(4,2)-pyrimidina-5(1,4)-piperidina-1(2)-oxetana-10(1)-benzenadecaphane-3 ⁶ -carboxylic acid <i>glucagon-like peptide 1 (GLP-1) receptor agonist, antidiabetic</i>
tiféglipton	acide (1 ² S,5 ² S,5 ⁴ S)-10 ² ,10 ⁴ -difluoro-5 ² -méthyl-6,9-dioxa-3(1,2)-[1,3]benzimidazola-7(4,2)-pyrimidina-5(1,4)-pipéridina-1(2)-oxétana-10(1)-benzénadécaphane-3 ⁶ -carboxylique <i>agoniste du récepteur du peptide-1 de type glucagon (GLP-1), antidiabétique</i>

tifegliprón

ácido (1²S,5²S,5⁴S)-10²,10⁴-difluoro-5²-metil-6,9-dioxa-3(1,2)-[1,3]benzimidazola-7(4,2)-pirimidina-5(1,4)-piperidina-1(2)-oxetana-10(1)-bencenadecafano-3⁶-carboxílico
agonista del receptor del péptido 1 similar al glucagón (GLP-1), antidiabético

C₃₀H₃₁F₂N₅O₅

2810808-95-6



tipasertidegum
 tipasertideg

N-[2¹(2⁴)-*trans*-(10³*RS*)-1³-(difluorometil)-9³-metil-9²,10²,10⁶-trioxo-9²,9³-dihidro-5-oxa-9(4,1)-[1,3]benzimidazola-4(1,4),10(3)-dipiperidina-1(1)-pirazola-2(1,4)-ciclohexanadecaphan-7-yn-1⁴-yl]-5-[(1*R*,4*R*)-2-oxa-5-azabicyclo[2.2.1]heptan-5-yl]pirazolo[1,5-*a*]pyrimidine-3-carboxamide
serine/threonine kinase degradation inducer, antineoplastic

tipasertideg

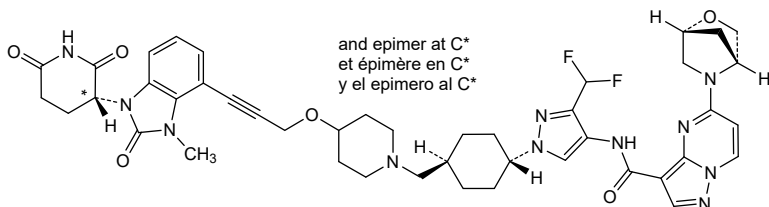
N-[2¹(2⁴)-*trans*-(10³*RS*)-1³-(difluorométhyl)-9³-méthyl-9²,10²,10⁶-trioxo-9²,9³-dihydro-5-oxa-9(4,1)-[1,3]benzimidazola-4(1,4),10(3)-dipipéridina-1(1)-pirazola-2(1,4)-ciclohexanadécaphan-7-yn-1⁴-yl]-5-[(1*R*,4*R*)-2-oxa-5-azabicyclo[2.2.1]heptan-5-yl]pirazolo[1,5-*a*]pyrimidine-3-carboxamide
induction de la dégradation de la sérine/thréonine kinase, antinéoplasique

tipasertideg

N-[2¹(2⁴)-*trans*-(10³*RS*)-1³-(difluorometil)-9³-metil-9²,10²,10⁶-trioxo-9²,9³-dihidro-5-oxa-9(4,1)-[1,3]benzimidazola-4(1,4),10(3)-dipiperidina-1(1)-pirazola-2(1,4)-ciclohexanadecafan-7-in-1⁴-il]-5-[(1*R*,4*R*)-2-oxa-5-il]pirazolo[1,5-*a*]pirimidina-3-carboxamida
inductor de la degradación de la serina/treonina kinasa, antineoplásico

C₄₄H₄₉F₂N₁₁O₆

2432994-31-3



tonadopgenum parvecum #

tonadopgene parvec recombinant non-replicating adeno-associated virus serotype 2 (rAAV2) vector encoding human aromatic L-amino acid decarboxylase (AADC, DDC, DOPA decarboxylase) under control of a cytomegalovirus (CMV) immediate-early (IE) enhancer/promoter and a human β -globin intron and terminated by a human growth hormone polyadenylation signal; flanked by AAV2 inverted terminal repeats (ITRs)
gene therapy (Parkinson's disease)

tonadopgène parvec vecteur recombinant non réplcatif du virus adéno-associé de sérotype 2 (rAAV2) codant la décarboxylase humaine des acides aminés aromatiques L (AADC, DDC, DOPA décarboxylase) sous le contrôle d'un activateur/promoteur immédiat précoce (IE) du cytomégalo virus (CMV) et d'un intron de β -globine humaine et terminé par un signal de polyadénylation de l'hormone de croissance humaine; flanqué de répétitions terminales inversées (ITRs) d'AAV2
thérapie génique (maladie de Parkinson)

tonadopgén parvec vector de virus adenoasociado del serotipo 2 recombinante (rAAV2), no replicativo, que codifica la descarboxilasa humana de aminoácidos aromáticos L (AADC, DDC, DOPA descarboxilasa) bajo el control de un promotor/potenciador inmediato-temprano (IE) del citomegalovirus (CMV) y un intrón de la b-globina humana y terminado por una señal de poliadenilación de la hormona de crecimiento humana; flanqueado por repeticiones terminales invertidas (ITRs) del AAV2
terapia génica (enfermedad de Parkinson)

3053586-07-2

tonobafuspum alfa #

tonobafusp alfa

human immunoglobulin G4-lambda anti-[*Homo sapiens* MELTF (melanotransferrin, melanoma-associated antigen p97, CD228 antigen, MAP97, MFI2) fused at the C-terminus of each heavy chain via peptide linker ⁴⁴⁷(GGGGS)₃⁴⁶¹ to lipocalin 2 (neutrophil gelatinase-associated lipocalin, NGAL, oncogene 24p3, siderocalin, Uniprot: P80188), engineered (23 mutated residues) to bind tumor necrosis factor receptor superfamily member 9 (TNFRSF9, 4-1BB, CD137); gamma4 heavy chain (1-446) [VH(*Homo sapiens* IGHV3-33*01 - (IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.11] (31-35.50-66.99-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG4*01 (CH1 (121-218), hinge S²²⁸>P (219-230), CH2 F²³⁴>A, L²³⁶>A (231-340), CH3 (341-446), CHS K⁴⁴⁷>del (446)) (121-446)], fused via peptide linker ⁴⁴⁷(GGGGS)₃⁴⁶¹ to human lipocalin 2 (neutrophil gelatinase-associated lipocalin, NGAL, oncogene 24p3, siderocalin, Uniprot: P80188), engineered (Q⁴⁸⁹>H, L⁴⁹⁷>Q, A⁵⁰¹>I, I⁵⁰²>R, Q⁵¹⁰>I, Y⁵¹³>M, N⁵²⁶>D, S⁵²⁹>M, L⁵³¹>K, R⁵³³>D, K⁵³⁴>D, D⁵³⁸>M, W⁵⁴⁰>D, R⁵⁴²>W, C⁵⁴⁸>S, N⁵⁵⁷>K, Y⁵⁶¹>F, L⁵⁶⁴>H, Y⁵⁶⁷>S, K⁵⁸⁶>F, S⁵⁸⁸>F, Y⁵⁹³>E, K⁵⁹⁵>Y) to bind tumor necrosis factor receptor superfamily member 9 (TNFRSF9, 4-1BB, CD137), (134-215')-disulfide with lambda light chain (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV2-23*02 -IGLJ1*01, CDR-Kabat [14.7.10] (23'-36'.52'-58'.91'-100')) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (111'-216')]; dimer (226-226'':229-229'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO), cell line CHO DG44, glycoform alfa
antineoplastic

tonobafusp alfa

immunoglobuline humaine G4-lambda anti-[*Homo sapiens* MELTF (mélano-transferrine, antigène p97 associé au mélanome, antigène CD228, MAP97, MFI2) fusionnée à l'extrémité C de chaque chaîne lourde à l'aide du coupleur peptidique ⁴⁴⁷(GGGGS)₃⁴⁶¹ à la lipocaline 2 (lipocaline associée à la gélatinase des neutrophiles, NGAL, oncogène 24p3, sidérocaldine, Uniprot: P80188), modifié (23 résidus mutés) pour se lier au membre 9 de la superfamille des récepteurs du facteur de nécrose tumorale (TNFRSF9, 4-1BB, CD137); chaîne lourde gamma4 (1-446) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-33*01 - (IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.11] (31-35. 50-66. 99-109)) (1-120) -*Homo sapiens*IGHG4*01 (CH1 (121-218), charnière S²²⁸>P (219-230), CH2 F²³⁴>A, L²³⁵>A (231-340), CH3 (341-446), CHS K447>del (446)) (121-446)], fusionnée à l'aide du coupleur peptidique ⁴⁴⁷(GGGGS)₃⁴⁶¹ à la lipocaline 2 humaine (lipocaline associée à la gélatinase des neutrophiles, NGAL, oncogène 24p3, sidérocaldine, Uniprot: P80188), modifiée (Q⁴⁸⁹>H, L⁴⁹⁷>Q, A⁵⁰¹>I, I⁵⁰²>R, Q⁵¹⁰>I, Y⁵¹³>M, N⁵²⁶>D, S⁵²⁹>M, L⁵³¹>K, R⁵³³>D, K⁵³⁴>D, D⁵³⁸>M, W⁵⁴⁰>D, R⁵⁴²>W, C⁵⁴⁸>S, N⁵⁵⁷>K, Y⁵⁶¹>F, L⁵⁶⁴>H, Y⁵⁶⁷>S, K⁵⁸⁶>F, S⁵⁸⁸>F, Y⁵⁹³>E, K⁵⁹⁵>Y) pour se lier au membre 9 de la superfamille des récepteurs du facteur de nécrose tumorale (TNFRSF9, 4-1BB, CD137), (134-215')-disulfure avec chaîne légère lambda (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens*IGLV2-23*02 - IGLJ1*01, CDR-Kabat [14.7.10] (23'-36'.52'-58'.91'-100')) (1'-110') - *Homo sapiens*IGLC2*01 (111'-216')]; dimère (226-226":229-229")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO DG44, glycoforme alfa antineoplasique

tonobafusp alfa

immunoglobulina humana G4-lambda anti-[*Homo sapiens* MELTF (melano-transferrina, antígeno p97 asociado al melanoma, antígeno CD228, MAP97, MFI2) fusionada en el extremo C-terminal de cada cadena pesada mediante el enlazador peptídico ⁴⁴⁷(GGGGS)₃⁴⁶¹ a la lipocalina 2 (lipocalina asociada a la gelatinasa de neutrófilos, NGAL, oncogén 24p3, siderocalina, Uniprot: P80188), diseñada (23 residuos mutados) para unirse al miembro 9 de la superfamilia de receptores del factor de necrosis tumoral (TNFRSF9, 4-1BB, CD137); cadena pesada gamma4 (1-446) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-33*01 - (IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.11] (31-35. 50-66. 99-109)) (1-120) -*Homo sapiens*IGHG4*01 (CH1 (121-218), bisagra S²²⁸>P (219-230), CH2 F²³⁴>A, L²³⁵>A (231-340), CH3 (341-446), CHS K447>del (446)) (121-446)], fusionada mediante el enlazador peptídico ⁴⁴⁷(GGGGS)₃⁴⁶¹ a la lipocalina 2 humana (lipocalina asociada a la gelatinasa de neutrófilos, NGAL, oncogén 24p3, siderocalina, Uniprot: P80188), modificada (Q⁴⁸⁹>H, L⁴⁹⁷>Q, A⁵⁰¹>I, I⁵⁰²>R, Q⁵¹⁰>I, Y⁵¹³>M, N⁵²⁶>D, S⁵²⁹>M, L⁵³¹>K, R⁵³³>D, K⁵³⁴>D, D⁵³⁸>M, W⁵⁴⁰>D, R⁵⁴²>W, C⁵⁴⁸>S, N⁵⁵⁷>K, Y⁵⁶¹>F, L⁵⁶⁴>H, Y⁵⁶⁷>S, K⁵⁸⁶>F, S⁵⁸⁸>F, Y⁵⁹³>E, K⁵⁹⁵>Y) para unirse al miembro 9 de la superfamilia de receptores del factor de necrosis tumoral (TNFRSF9, 4-1BB, CD137), (134-215')-disulfuro con cadena ligera lambda (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens*IGLV2-23*02 - IGLJ1*01, CDR-Kabat [14.7.10] (23'-36'.52'-58'.91'-100')) (1'-110') - *Homo sapiens*IGLC2*01 (111'-216')]; dímero (226-226":229-229")-bisdisulfuro, producido en células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO DG44, glicofoma alfa antineoplásico

3037637-48-9

Sequence / Séquence / Secuencia	
Heavy chain - lipocalin	
QVQLVESGGG VVQPGRSRLR SCAASGFTFS SYGIHWVRQA PGKGLEWVAV	50
IWYDGSNKYY ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVVYCARRG	100
DSSSWHFDYW GQGTLTVTSS ASTKGPSVFP LAPCSRSTSE STAALGCLVK	150
DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTKT	200
YTCNVDPKFS NTKVDKRVES KYGPPCP PCP APE AA GGPSV FLFPKPCKDT	250
LMISRTPEVT CVVVDVSQED PEVQFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQFNSTY	300
RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKGLPS SIEKTISKAK GQPREPQVYT	350
LPSPQEEMTK NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTTTPVLDS	400
DGSFFLYSRL TVDKSRWQEG NVFSCSVME ALHNHYTQKS LSLSLG GGGG	450
SGGGSGGGG QDSTSD LIP APPLSKV ELQ QNFQDNQ FHG KWYVV G QAGN	500
IRLR EDKD PI KMMAT IYELK EDKS YD VMV KFDD KK CMYD IWTF V PGSQP	550
GEFT L GKIKS FPGHT SSLVR VVST NY NQHA MVFF K FVFQN REEF Y ITLYG	600
RTKEL TSELK ENFIR FSKSL GLPEN HIVFP VPID QCIDG	639

Light chain	
QSALTQPASV SGSPGQSITI SCTGTSSDVG RHNLVSWYQQ HPGKVPKVM	50
YEVTKRPAVG SNRFGSGSKG NTASLTISGL QAEDADYYC CSYAGSSTYV	100
FGTGTRVTVL GQPKAAPSVT LFPPSSEELQ ANKATLVCLI SDFYPGAVTV	150
AWKADSSPVK AGVETTTPSK QSNNKYAASS YLSLTPEQWK SHRSYSCQVT	200
HEGSTVEKTV APTECS	216

Mutation / Mutation / Mutación
Fc: S²²⁸>P, F²³⁴>A, L²³⁵>A, K⁴⁴⁷>del
lipocalin: C⁴⁸⁹>H, I⁴⁹⁷>Q, A⁵⁰¹>L, I⁵⁰²>R, Q⁵¹⁰>L, Y⁵¹³>M, N⁵²⁶>D, S⁵²⁹>M, L⁵³¹>K, R⁵³³>D, K⁵³⁴>D, D⁵³⁸>M, W⁵⁴⁰>D, R⁵⁴²>W, C⁵⁴⁸>S, N⁵⁵⁷>K, Y⁵⁶¹>E, L⁵⁶⁴>H, Y⁵⁶⁷>S, K⁵⁸⁶>F, S⁵⁸⁸>F, Y⁵⁹³>E, K⁵⁹⁵>Y

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión
⁴⁴⁷GGGGSGGGSGGGGS⁴⁶¹

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-chain Heavy Chain (H): 22-96, 147-203, 261-321, 367-425, 537-636
Heavy Chain (H''): 22"-95", 147"-203", 261"-321", 367"-425", 537"-636"
Light Chain (L'): 22'-90', 138'-197'
Light Chain (L''): 22"'-90"', 138"'-197"
Inter-chain: H-L': 134-215' H"-L'': 134"-215" H-H'': 226-226" 229-229"

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

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutamínilo N-terminal
Q>pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl) H VH Q1: 1, 1"; L VL Q1: 1', 1"

torutamigum #
torutamig

immunoglobulin (H-gamma1_V-lambda-C-kappa) (V-kappa-C-gamma1_VH-C-kappa), anti-[*Homo sapiens* TNFRSF17 (tumor necrosis factor (TNF) receptor superfamily member 17, B cell maturation antigen, BCMA, TNFRSF13A, CD269)] and anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], chimeric, *Homo sapiens* monoclonal antibody, bispecific, bivalent; H-gamma1 heavy chain anti-TNFRSF17 chimeric hole (H) (1-451) [VH (*Lama glama* IGHV3S6*01 (82.5%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (100%)/*Homo sapiens* IGHV3-66 (81.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) - *Homo sapiens* IGHG1*01v, G1m17,1>G1m3,1 CH1 R120, CH3 D12, L14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18, 14-G1v75 CH3 C5, 14-G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) (CH1 R120 (218) (122-219), hinge 1-15 (220-234), CH2 L1.3>A (238), L1.2>A (239), M15.1>Y (256), S16>T (258), T18>E

(260)(235-344), CH3 Y5>C (353), D12 (360), L14 (362), T22>S (370), L24>A (372), Y86>V (411) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-217')-disulfide with V-lambda-C-kappa light chain anti-TNFRSF17 *Homo sapiens* (1'-217') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-36*01 (89.7%) -IGLJ3*02 (91.7%), CDR-IMGT [8.3.11] (26'-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')];
 V-kappa-C-gamma1 heavy chain anti-CD3E *Homo sapiens* knob (H") (1"-438") [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (93.7%) -IGKJ4*01 (81.8%), CDR-IMGT [6.3.9] (27"-32".50"-52".89"-97"), 12-KVv1 T125, V126, S127, S128 (E125>T (105")), I126>V (106")), K127>S (107")), InsS128 (108")) (1"-108") -*Homo sapiens* IGHG1*01v, G1m17, 1>G1m3, 1 CH1 R120, CH3 D12, L14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18, 14-G1v74 CH3 C10, 14-G1v32 CH3 W22 (knob) (CH1 R120 (205")) (109"-206"), hinge 1-15 (207"-221"), CH2 L1.3>A (225"), L1.2>A (226"), M15.1>Y (243"), S16>T (245"), T18>E (247") (222"-331"), CH3 S10>C (345"), D12 (347"), L14 (349"), T22>W (357") (332"-436"), CHS (437"-438")) (109"-438")], (211"-229")-disulfide with VH-C-kappa light chain anti-CD3E *Homo sapiens* (1"-229") [VH (*Homo sapiens* IGHV3-9*01 (93.9%) -IGHG1-IGHJ6*01 (76.5%), CDR-IMGT [8.8.16] (26"-33".51"-58".97"-112")) (1"-122") -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (168"), V101 (206")) (123"-229")]; dimer (230-217":233-220":353-345")-trisdysulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa
antineoplastic

torutamig

immunoglobuline (H-gamma1_V-lambda-C-kappa)_ (V-kappa-C-gamma1_VH-C-kappa), anti-[*Homo sapiens* TNFRSF17 (membre 17 de la superfamille des récepteurs du facteur de nécrose tumorale (TNF), antigène de maturation de cellule B, BCMA, TNFRSF13A, CD269)] et anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], anticorps monoclonal chimérique et *Homo sapiens*, bispécifique, bivalent;
 chaîne lourde H-gamma1 anti-TNFRSF17 chimérique hole (H) (1-451) [VH (*Lama glama* IGHV3S6*01 (82.5%) - (IGHD) -IGHJ6*01 (100%)/*Homo sapiens* IGHV3-66 (81.8%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*01v, G1m17, 1>G1m3, 1 CH1 R120, CH3 D12, L14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18, 14-G1v75 CH3 C5, 14-G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) (CH1 R120 (218) (122-219), charnière 1-15 (220-234), CH2 L1.3>A (238), L1.2>A (239), M15.1>Y (256), S16>T (258), T18>E (260) (235-344), CH3 Y5>C (353), D12 (360), L14 (362), T22>S (370), L24>A (372), Y86>V (411) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-217')-disulfure avec la chaîne légère V-lambda-C-kappa anti-TNFRSF17 *Homo sapiens* (1'-217') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-36*01 (89.7%) -IGLJ3*02 (91.7%), CDR-IMGT [8.3.11] (26'-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')];
 chaîne lourde V-kappa-C-gamma1 anti-CD3E *Homo sapiens* knob (H") (1"-438") [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (93.7%) -IGKJ4*01 (81.8%), CDR-IMGT [6.3.9] (27"-32".50"-52".89"-97"), 12-KVv1 T125, V126, S127, S128 (E125>T (105")), I126>V (106")), K127>S (107")), InsS128 (108")) (1"-108") -*Homo sapiens* IGHG1*01v, G1m17, 1>G1m3, 1 CH1 R120, CH3 D12, L14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18, 14-G1v74 CH3 C10, 14-G1v32 CH3 W22 (knob) (CH1 R120

(205") (109"-206"), charnière 1-15 (207"-221"), CH2 L1.3>A (225"), L1.2>A (226"), M15.1>Y (243"), S16>T (245"), T18>E (247") (222"-331"), CH3 S10>C (345"), D12 (347"), L14 (349"), T22>W (357") (332"-436"), CHS (437"-438") (109"-438"), (211"-229")-disulfure avec la chaîne légère VH-C-kappa anti-CD3E *Homo sapiens* (1"-229") [VH (*Homo sapiens* IGHV3-9*01 (93.9%) -IGHGD -IGHJ6*01 (76.5%), CDR-IMGT [8.8.16] (26"-33"-51"-58"-97"-112")) (1"-122") -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (168"), V101 (206")) (123"-229)]; dimère (230-217":233-220":353-345")-trisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa
antineoplasique

torutamig

immunoglobulina (H-gamma1_V-lambda-C-kappa)_ (V-kappa-C-gamma1_VH-C-kappa), anti-[*Homo sapiens* TNFRSF17 (miembro 17 de la superfamilia de los receptores del factor de necrosis tumoral (TNF), antígeno de maduración de célula B, BCMA, TNFRSF13A, CD269)] y anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 épsilon, Leu-4)], anticuerpo monoclonal quimérico y *Homo sapiens*, biespecífico, bivalente;
cadena pesada H-gamma1 anti-TNFRSF17 quimérico hole (H) (1-451) [VH (*Lama glama* IGHV3S6*01 (82.5%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (100%)/*Homo sapiens* IGHV3-66 (81.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*01v, G1m17, 1>G1m3, 1 CH1 R120, CH3 D12, L14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18, 14-G1v75 CH3 C5, 14-G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) (CH1 R120 (218) (122-219), bisagra 1-15 (220-234), CH2 L1.3>A (238), L1.2>A (239), M15.1>Y (256), S16>T (258), T18>E (260) (235-344), CH3 Y5>C (353), D12 (360), L14 (362), T22>S (370), L24>A (372), Y86>V (411) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-217")-disulfuro con la cadena ligera V-lambda-C-kappa anti-TNFRSF17 *Homo sapiens* (1'-217') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-36*01 (89.7%) -IGLJ3*02 (91.7%), CDR-IMGT [8.3.11] (26'-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')];
cadena pesada V-kappa-C-gamma1 anti-CD3E *Homo sapiens* knob (H") (1"-438") [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (93.7%) -IGKJ4*01 (81.8%), CDR-IMGT [6.3.9] (27"-32"-50"-52"-89"-97"), 12-KVv1 T125, V126, S127, S128 (E125>T (105"), I126>V (106"), K127>S (107"), InsS128 (108")) (1"-108") -*Homo sapiens* IGHG1*01v, G1m17, 1>G1m3, 1 CH1 R120, CH3 D12, L14, 6-G1v14 CH2 A1.3, A1.2, 9-G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18, 14-G1v74 CH3 C10, 14-G1v32 CH3 W22 (knob) (CH1 R120 (205") (109"-206"), bisagra 1-15 (207"-221"), CH2 L1.3>A (225"), L1.2>A (226"), M15.1>Y (243"), S16>T (245"), T18>E (247") (222"-331"), CH3 S10>C (345"), D12 (347"), L14 (349"), T22>W (357") (332"-436"), CHS (437"-438") (109"-438"), (211"-229")-disulfuro con la cadena ligera VH-C-kappa anti-CD3E *Homo sapiens* (1"-229") [VH (*Homo sapiens* IGHV3-9*01 (93.9%) -IGHGD -IGHJ6*01 (76.5%), CDR-IMGT [8.8.16] (26"-33"-51"-58"-97"-112")) (1"-122") -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (168"), V101 (206")) (123"-229)]; dímero (230-217":233-220":353-345")-trisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa
antineoplásico

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: H-gamma1 anti-TNFRSF17 (H) hole

EVQLVQSGGG LVQPGGSLRL SCAVSGFTFS SSVMSWVRQA PGKGFWEVWSG 50
 YNGGSDRAGF ADSVEGRFTI SRDNAKNTLY LQMNSLKPED TAVYYCARYI 100
 ANSGTYYYWYD WGQGLTLVTVS SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAAALGCLV 150
 KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ 200
 TYICNVNHPK SNTKVDKRVK PKSCDKTHTC PPCPAPEAAG GPSVFLFPFK 250
 PKDTLYITRE PEVTCVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
 NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKGQPREP 350
 QVCTLPSPSD ELTKNQVSLV CAVKGFYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTTP 400
 VLDSGGSFFL VSKLTVDKSR WQQGNVFSCS VMHEALHNHY TQKSLSLSPG 450
 K 451

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: V-lambda-C-kappa anti-TNFRSF17 (L')

QPVLTQPPSV SEAPRQRVTI SCSGSSSNIG NNAVNWYQQL PGKAPKLLIF 50
 KNNQRPSGVP DRFSGSKSGT SASLVISGLQ SEDEADYYCA AWDGSLNWM 100
 FGGGTKLTVL RTVAAPSVFI FPPSDEQLKS GTASVVCLLN NFYPREAKVQ 150
 WKVDNALQSG NSQESVTEQD SKDSTYSLSS TLTLKADYE KHKVYACEVT 200
 HQGLSSPVTK SFNRGEC 217

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: V-kappa-C-gamma1 anti-CD3E (H'') knob

EIVMTQSPGT LSVSPGERAT LSCRASQSI SNLAWYQKP GQAPRLLIYG 50
 SSTRATGVPA RFSGSGSGTD FTLTISLQS EDFAVVYQCH YNNWPLTFGG 100
 GTKVTVSSAS TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY FPEPVTVSWN 150
 SGALTSGVHT FPAVLQSSGL YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT 200
 KVDKRVPEKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS VFLFPPKPKD TLYITREPEV 250
 TCVVVDVSHD DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST YRVVSVLTVL 300
 HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPCRDEL 350
 KNQVSLWCLV KGFYPSDIAV EWESNGQFEN NYKTTPPVLD SDGSFFLYSK 400
 LTVDKSRWQQ GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 438

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: VH-C-kappa anti-CD3E (L'')

EVQLVQSGGG VVQPGRSRL SCAASGFTFN DYTMMHWIRQA PGKGLEWVSG 50
 ISWNGGSIGY ADSVKGRFTI SRDNAKNSLY LQMNSLRAED TALYYCAKDN 100
 SGYGHYYGYM DIWGQGTVE IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVVC 150
 LNNFYPREAK VQWKVDNALQ SGNSQESVTE QDSKSTYSL SSTLTLSKAD 200
 YEKKHVYACE 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 glutaminy cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal

Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl) / pyroglutamide (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 biantenaricos complejos fucosilados

tovesangenium parvecum #

tovesangene parvec recombinant non-replicating adeno-associated virus serotype 9 (rAAV9) vector encoding a miniaturised version of human SHANK3 (SH3 and multiple ankyrin repeat domains 3, proline-rich synapse-associated protein 2 (ProSAP2); corresponding to amino acids 537-782, 1347-1806 of the full-length SHANK3 protein, M1>added) preceded by a Kozak sequence with expression under control of the human synapsin I promoter, a Woodchuck hepatitis virus post-transcriptional regulatory element (WPRE) and a human growth hormone (hGH) polyadenylation signal; flanked by AAV2 inverted terminal repeats (ITRs)
gene therapy (SHANK3 haploinsufficiency)

tovésangène parvec vecteur recombinant non répliquatif du virus adéno-associé de sérotype 9 (rAAV9) codant une version miniaturisée de SHANK3 humain (SH3 et plusieurs domaines de répétition d'ankyrine 3, protéine 2 associée à la synapse riche en proline (ProSAP2); correspondant aux acides aminés 537-782, 1347-1806 de la protéine SHANK3 complète, M1>ajouté) précédé d'une séquence Kozak avec expression sous le contrôle du promoteur de la synapsine I humaine, d'un élément régulateur post-transcriptionnel du virus de l'hépatite de la marmotte (WPRE) et d'un signal de polyadénylation de l'hormone de croissance humaine (hGH); flanqué de répétitions terminales inversées (ITRs) d'AAV2
thérapie génique (haploinsuffisance du gène SHANK3)

tovesangén parvec vector de virus adenoasociado del serotipo 9 recombinante (rAAV9), no replicativo, que codifica una versión miniaturizada de SHANK3 humana (SH3 y múltiples dominios 3 de anquirina repetidos, proteína 2 asociada a sinapsis rica en prolina (ProSAP2); correspondiente a los aminoácidos 537-782, 1347-1806 de la proteína SHANK3 completa, M1>añadido) precedido por una secuencia Kozak con expresión bajo el control del promotor de la sinapsina I humana, un elemento regulador post-transcripcional del virus de la hepatitis de la marmota (WPRE) y una señal de poliadenilación de la hormona de crecimiento humana (hGH); flanqueado por repeticiones terminales invertidas (ITRs) del AAV2
terapia génica (haploinsuficiencia del gen SHANK3)

3064917-67-2

trastuzumabum videtecanum #

trastuzumab videtecan immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ERBB2 (receptor tyrosine-protein kinase erbB-2, epidermal growth factor receptor 2, EGFR2, HER2, HER-2, p185c-erbB2, NEU, CD340)], humanized monoclonal antibody, conjugated on an average of eight cysteinyl residues to *videtecan*, comprising a linker and a camptothecin derivative (*exatecan*);
H-gamma1 heavy chain humanized (1-449) [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) -*Homo sapiens*IGHG1*03v, 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 K2>del (449)) (121-449)], (223-214')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-39*01 (86.3%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, 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; substituted at the sulfur atoms of an average of eight L-cysteinyl residues among 223, 229, 232, 214', 223'', 229'', 232'' and 214''' with (3RS)-1-[(30S)-30-[(2S)-1-[(2S)-5-(carbamoylamino)-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]anilino]-1-oxopentan-2-yl]amino]-3-methyl-1-oxobutan-2-yl]carbamoyl]-26,32-dioxo-2,5,8,11,14,17,20,23-octaoxa-27,31-diazatritriacontan-33-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl] (*videtecan*) groups
antineoplastic

trastuzumab videtécán immunoglobuline G1-kappa, 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)], anticorps monoclonal humanisé, conjugué par huit résidus cystéinyle en moyenne au *videtécán*, comprenant un coupleur et un dérivé de la camptothécine (*exatécán*); chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-449) [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) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, 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 K2>del (449)) (121-449)], (223-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (86.3%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, 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; substituée sur les atomes de soufre d'une moyenne de huit résidus L-cystéinyle parmi 223, 229, 232, 214', 223'', 229'', 232'' and 214''' avec des groupes (3*RS*)-1-[(30*S*)-30'-{[(2*S*)-1-{[(2*S*)-5-(carbamoylamino)-1-{4-[[[(1*S*,9*S*)-9-ethyl-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]anilino]-1-oxopentan-2-yl]amino]-3-méthyl-1-oxobutan-2-yl]carbamoyl]-26,32-dioxo-2,5,8,11,14,17,20,23-octaoxa-27,31-diazatritriacontan-33-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (*videtécán*) antinéoplasique

trastuzumab videtecán inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ERBB2 (receptor tirosina-proteína kinasa erbB-2, receptor 2 del factor de crecimiento epidérmico, EGFR2, HER2, HER-2, p185c-erbB2, NEU, CD340)], anticuerpo monoclonal humanizado, conjugado por ocho residuos cisteinilo en promedio al *videtecán*, que comprende un conector y un derivado de la camptotecina (*exatecán*); cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-449) [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) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, 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 K2>del (449)) (121-449)], (223-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (86.3%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, 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, forma glicosilada alfa; sustituida en los átomos de azufre de un promedio de ocho residuos de L-cisteinilo entre 223, 229, 232, 214', 223'', 229'', 232'' and 214''' con grupos

(3*RS*)-1-[(30*S*)-30-[[[(2*S*)-1-[[[(2*S*)-5-(carbamoylamino)-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*]quinolein-1-il]carbamoyl]oxi)metil]anilino]-1-oxopentan-2-il]amino]-3-metil-1-oxobutan-2-il]carbamoyl]-26,32-dioxo-2,5,8,11,14,17,20,23-octaoxa-27,31-diazatritriacontan-33-il]-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo (*videtecán*)
antineoplásico

3061833-59-5

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

```
EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFNIK DTYIHWVRQA PGKGLEWVAR 50
IYPTNGYTRY ADSVKGRFTI SADTSKNATY LQMNSLRAED TAVYYCSRWG 100
GDGFYAMDYW GQGTLVTVSS ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK 150
DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT 200
YICNVNHKPS NTKVDKKVEP KSCDKTHTCP PCPAPELLGG PSVFLFPPKP 250
KDTLMISRTPEVTCVVVDVS HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN 300
STYRVVSVLT VLGQDWLNGK EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ 350
VYTLPPSREE MTKNQVSLTC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV 400
LDSGDSFFLY SKLTVDKSRW QQGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPG 449
```

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

```
DIQMTQSPSS LSASVGDRTV ITCRASQDVN TAVAWYQQKP GKAPKLLIYS 50
ASFLYSGVPS RFGSGRSGTD FTLTISSLQP EDFATYYCQQ HYTTPPTFGQ 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSPQESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGECL 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"

*The four inter-chain disulfide bridges are not present, an average of eight cysteinyl are conjugated, each via a thioester bond, to a drug linker.

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

*Los cuatro puentes disulfuro intercatenarios no están presentes, un promedio de ocho cisteinilo están conjugados, cada uno a través de un enlace tioéter, a un conector de fármaco.

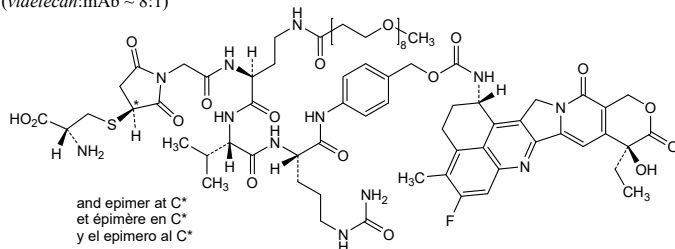
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

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 biantenarios complejos fucosilados

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

C (223, 229, 232, 214', 223", 229", 232" and 214''')

*(*videtecan*:mAb ~ 8:1)

tunlucabtagenum autoleucelum #

tunlucabtagene autoleucel

autologous T lymphocytes obtained by leukapheresis transduced with a replication-incompetent, self-inactivating (SIN) lentiviral vector encoding a bispecific chimeric antigen receptor (CAR) targeting B-cell maturation antigen (BCMA) and GPRC5D (G protein-coupled receptor, class C, group 5, member D), comprising a CD33 signal peptide, human anti-BCMA and anti-GPRC5D single chain variable fragment (scFv) binding domains, a modified human immunoglobulin G4 (IgG4) hinge, a CD28 transmembrane domain, and the 4-1BB co-stimulatory and CD3 ζ signalling domains, under control of a combined elongation factor 1 alpha (EF-1 α) promoter / human T-cell leukemia virus type 1 (HTLV-1) R enhancer.

The construct is flanked by 5' and 3' long terminal repeats (LTRs) and also contains a Psi (ψ) packaging signal, a partial *gag*, a Rev response element (RRE), a lentiviral FLAP structure, and a Woodchuck hepatitis virus post-transcriptional regulatory element (WPRE). The vector is pseudotyped with vesicular stomatitis virus (VSV) envelope glycoprotein G. The peripheral blood mononuclear cells (PBMC) are enriched for CD4+ and CD8+ T lymphocytes by immunoselection and activated with CD3 and CD28 agonists in growth media containing interleukin-2 (IL-2), interleukin-7 (IL-7), and interleukin-15 (IL-15). The cells are then transduced with the lentiviral vector and further expanded in media containing IL-2, IL-7, and IL-15. The T lymphocytes ($\geq 80.0\%$) are positive for the transgene ($\geq 10\%$ CAR+) and demonstrate cytotoxicity against antigen-expressing tumor cells as well as proliferation and secretion of pro-inflammatory cytokines such as IL-2, interferon gamma (IFN- γ), and tumor necrosis factor-alpha (TNF- α) upon antigen-specific stimulation
cell-based gene therapy (antineoplastic)

tunlucabtagène autoleucel

lymphocytes T autologues obtenus par leucaphérèse transduits avec un vecteur lentiviral incompétent pour la répllication et auto-inactifant (SIN) codant un récepteur antigénique chimérique bispécifique (RAC) ciblant l'antigène de maturation des cellules B (BCMA) et GPRC5D (récepteur couplé aux protéines G, classe C, groupe 5, membre D), comprenant un peptide signal CD33, des domaines de liaison constitués de fragments variables à chaîne unique (scFv) anti-BCMA et anti-GPRC5D humain, une charnière d'immunoglobuline G4 (IgG4) humaine modifiée, un domaine transmembranaire CD28 et les domaines de costimulation 4-1BB et de signalisation CD3 ζ , sous le contrôle d'un promoteur combiné du facteur d'élongation 1 alpha (EF-1 α)/amplificateur R du virus T-lymphotrope humain de type 1 (HTLV-1). La construction est flanquée de répétitions terminales (LTRs) de 5' et 3' et contient également un signal d'emballage Psi (ψ), un *gag* partiel, un élément de réponse Rev (RRE), une structure FLAP lentivirale et un élément de régulation post-transcriptionnelle du virus de l'hépatite de la marmotte (WPRE). Le vecteur est pseudotypé avec la glycoprotéine G d'enveloppe du virus de la stomatite vésiculaire (VSV). Les cellules mononucléaires du sang périphérique (CMSP) sont enrichies en lymphocytes T CD4+ et CD8+ par immunosélection et activées par des agonistes CD3 et CD28 dans des milieux de croissance contenant de l'interleukine-2 (IL-2), de l'interleukine-7 (IL-7) et de l'interleukine-15 (IL-15).

tunlucabtagén autoleucel

Les cellules sont ensuite transduites avec le vecteur lentiviral et expansées dans des milieux contenant de l'IL-2, de l'IL-7 et de l'IL-15. Les lymphocytes T ($\geq 80\%$) sont positifs pour le transgène ($\geq 10\%$ RAC positifs) et présentent une cytotoxicité contre les cellules tumorales exprimant l'antigène, ainsi qu'une prolifération et une sécrétion de cytokines pro-inflammatoires, telles que l'IL-2, l'interféron gamma (IFN- γ) et le facteur de nécrose tumorale alpha (TNF- α) lors d'une stimulation spécifique de l'antigène *thérapie génique à base de cellules (antineoplasique)*

linfocitos T autólogos obtenidos por leucoaféresis, transducidos con un vector lentiviral auto inactivante (SIN), incompetente para la replicación, que codifica un receptor de antígenos quimérico (CAR) biespecífico dirigido al antígeno de maduración de células B (BCMA) y GPRC5D (receptor acoplado a proteína G, clase C, grupo 5, miembro D), que consta de un péptido señal de CD33, dominios de unión de fragmentos variables de cadena sencilla (scFv) anti-BCMA y anti-GPRC5D, una bisagra modificada de la inmunoglobulina G4 (IgG4) humana, un dominio transmembrana de CD28 y los dominios coestimulador de 4-1BB y de señalización de CD3 ζ , bajo el control de un promotor combinado del factor de elongación 1 alfa (EF-1 α)/potenciador R del virus de la leucemia de células T humanas tipo 1 (HTLV-1).

El constructo está flanqueado por repeticiones terminales largas (LTRs) en 5' y 3' y contiene también una señal de empaquetamiento Psi (ψ), un *gag* parcial, un elemento de respuesta Rev (RRE), una estructura lentiviral FLAP y un elemento regulador post-transcripcional del virus de la hepatitis de la marmota (WPRE). El vector está pseudotipado con la glicoproteína G de la envuelta del virus de la estomatitis vesicular (VSV).

Las células mononucleares de sangre periférica (PBMC) se enriquecen para linfocitos T CD4+ y CD8+ mediante inmunoselección y se activan con agonistas de CD3 y CD28 en medio de crecimiento que contiene interleuquina-2 (IL-2), interleuquina-7 (IL-7) e interleuquina-15 (IL-15). Las células se transducen después con el vector lentiviral y se expanden más en medio que contiene IL-2, IL-7 e IL-15. Los linfocitos T ($\geq 80\%$) son positivos para el transgén ($\geq 10\%$ CAR+), y muestran citotoxicidad frente a células tumorales que expresan el antígeno así como proliferación y secreción de citoquinas proinflamatorias tales como IL-2, interferón gamma (IFN- γ) y factor de necrosis tumoral alfa (TNF- α) tras la estimulación específica de antígeno

terapia génica basada en células (antineoplásico)

turigrobartum #

turigrobart

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* EREG (epiregulin)], *Homo sapiens* monoclonal antibody; H-gamma4 heavy chain *Homo sapiens* (1-441) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-4*07 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.9] (26-33.51-57.96-104)) (1-115) -*Homo sapiens* IGHG4*01, *nG4m(a)* CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 6-G4v4 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 (116-213), hinge 1-12 S10>P (223) (214-225), CH2 L92 (304), F1.3>A (229), L1.2>A (230) (226-335), CH3 (336-440), CHS K2>del (441)) (116-441)], (129-215')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (94.8%) -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 (221-221":224-224")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa *analgesic*

turigrobart

immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* EREG (épiréguline)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*; chaîne lourde H-gamma4 *Homo sapiens* (1-441) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-4*07 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.9] (26-33.51-57.96-104)) (1-115) -*Homo sapiens* IGHG4*01, *nG4m(a)* CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 6-G4v4 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 (116-213), charnière 1-12 S10>P (223) (214-225), CH2 L92 (304), F1.3>A (229), L1.2>A (230) (226-335), CH3 (336-440), CHS K2>del (441)) (116-441)], (129-215')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (94.8%) -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 (221-221":224-224")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa *analgésique*

turigrobart

immunoglobulina G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* EREG (epiregulina)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*; cadena pesada H-gamma4 *Homo sapiens* (1-441) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-4*07 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.9] (26-33.51-57.96-104)) (1-115) -*Homo sapiens* IGHG4*01, *nG4m(a)* CH2 L92, 12-G4v5 h P10, 6-G4v4 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 (116-213), bisagra 1-12 S10>P (223) (214-225), CH2 L92 (304), F1.3>A (229), L1.2>A (230) (226-335), CH3 (336-440), CHS K2>del (441)) (116-441)], (129-215')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa *Homo sapiens* (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (94.8%) -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')]; dímero (221-221":224-224")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa *analgésico*

3047668-82-3

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

QVQLQESGPG LVKPSSETLSL TCTVSGGSIS SYVWSWIRQP AGKGLEWIGR 50
 IYPSGNTNYN PSLKSRVTIS VDTSKNQFSL KLSSVTAADT AVYYCARGGL 100
 VMDVWVGQGL VTVSSASTKG PSVFPLAPCS RSTSESTAAL GCLVKDYFPE 150
 PVTVSWNSGA LTSGVHTFPA VLQSSGLYSL SSVVTVPSSS LGTKTYTCNV 200
 DHKPSNTKVD KRVESKYGPP CPPCPAPEAA GGPSVFLFPP KPKDTLMISR 250
 TPEVTCVVDV VSQEDPEVQF NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ FNSTYRVVSV 300
 LTVLHQDWLN GKEYKCKVSN KGLPSSIEKT ISKAKGQPRE PQVYTLPPSQ 350
 EEMTKNQVSL TCLVKGFYPS DIAVEWESNG QPENNYKTTT PVLDSGDSFF 400
 LYSRLTVDKS RWQEGNVFSC SVMHEALHNN YTQKSLSLSL G 441

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

EIVLTQSPGT LSLSPGERAT LSCRASQSVE FSYLAWYQQK PGQAPRLLIY 50
 GASSRATGIP DRFSGSGSGT DFTLTISRLE PEDFAVYYCH QYGTNPFTFG 100
 QGTVKEIKRT VAAPSVFIFP PSDEQLKSGT ASVVCLLNNF YPREAKVQWK 150
 VDNALQSGNS QESVTEQDSK DSTYSLSTSL TSKADYEKH 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"-95" 142"-198" 256"-316" 362"-420"
 22"-95" 142"-198" 256"-316" 362"-420"
 Intra-L (C23-C104) 23"-89" 135"-195"
 23"-89" 135"-195"
 Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 129-215" 129"-215"
 Inter-H-H (h 8, h 11) 221-221" 224-224"

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutamínilo 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: 292, 292"

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

tusamitamabum sonditecanum #

tusamitamab sonditecan

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CEACAM5 (carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 5, CEA, CD66e)], monoclonal antibody, conjugated on an average of eight cysteinyl residues to *sonditecan*, comprising a cleavable linker and a camptothecin derivative;
 H-gamma1 heavy chain (1-449) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV5-12-1*01 (86.6%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (92.9%) A128>S (120)/*Homo sapiens* IGHV3-21*08 (78.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), 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 K>del (449) (121-449)], (223-214')-disulfide with L-kappa light chain (1'-214') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV12-44*01 (87.4%) -IGKJ4*01 (100%)/*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (82.1%) -IGKJ2*02 (90.9%) Q120>S (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 (229-229":232-232")-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 223, 229, 232, 214', 223", 229", 232" and 214'" with (3RS)-1-[3-({3-[5-[[[[(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)methyl]carbamoyloxy)methyl]-2-(β-D-glucopyranuronosyloxy)anilino]-3-oxopropyl)amino]-3-oxopropyl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (*sonditecan*) groups
antineoplastic

tusamitamab sonditécan	immunoglobuline G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> CEACAM5 (molécule d'adhésion cellulaire 5 apparentée à l'antigène carcinoembryonnaire, CEA, CD66e)], anticorps monoclonal, conjugué par huit résidus cystéinyle en moyenne au <i>sonditécan</i>, comprenant un coupleur clivable et un dérivé de la camptothécine; chaîne lourde H-gamma1 (1-449) [VH Musmus/Homsap (<i>Mus musculus</i> IGHV5-12-1*01 (86.6%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (92.9%) A128>S (120)/<i>Homo sapiens</i> IGHV3-21*08 (78.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -<i>Homo sapiens</i> 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 K>del (449) (121-449)], (223-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa (1'-214') [V-KAPPA Musmus/Homsap (<i>Mus musculus</i> IGKV12-44*01 (87.4%) -IGKJ4*01 (100%)/<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 (82.1%) -IGKJ2*02 (90.9%) Q120>S (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 (229-229":232-232")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1SV, glycoforme alfa; substituée sur les atomes de soufre d'une moyenne de huit résidus L-cystéinyle parmi 223, 229, 232, 214', 223", 229", 232" and 214"" avec des groupes (3RS)-1-[3-({3-[5-(((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)méthyl]carbamoil)oxy)méthyl]-2-(β-D-glucopyranuronosyloxy)anilino]-3-oxopropyl]amino]-3-oxopropyl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (<i>sonditécan</i>) <i>antineoplasique</i>
tusamitamab sonditecán	inmunoglobulina G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> CEACAM5 (molécule de adhesión celular 5 relacionada con el antígeno carcinoembrionario, CEA, CD66e)], anticuerpo monoclonal; conjugado por ocho residuos cisteinilo por término medio con <i>sonditecán</i>, que comprende un conector escindible y un derivado de la camptotecina; cadena pesada H-gamma1 (1-449) [VH Musmus/Homsap (<i>Mus musculus</i> IGHV5-12-1*01 (86.6%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (92.9%) A128>S (120)/<i>Homo sapiens</i> IGHV3-21*08 (78.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%) CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109) (1-120) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (217) (121-218), bisagra1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361) (344-448), CHS K>del (449) (121-449)], (223-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa (1'-214') [V-KAPPA Musmus/Homsap (<i>Mus musculus</i> IGKV12-44*01 (87.4%) -IGKJ4*01 (100%)/<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 (82.1%) -IGKJ2*02 (90.9%) Q120>S (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 (229-229":232-232")-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 223, 229, 232, 214', 223", 229", 232" and 214"" con grupos (3RS)-1-[3-({3-[5-(((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]metil]carbamoil)oxi]metil)-2-(β-D-glucopiranosiloxi)anilino]-3-oxopropil]amino]-3-oxopropil]-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo (<i>sonditecán</i>) <i>antineoplásico</i>

3037527-80-0

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

```

EVQLQESGGPG LVKPGGSLSL SCAASGFVFS SYDMSWVRQT PERGLEWVAY 50
ISSGGGITYA PSTVKGRFTV SRDNAKTLY LQMNSLTSED TAVYYCAAHY 100
FGSSGPFAYW GQGLTIVTVSS ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK 150
DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT 200
YICNVNHPKS NTKVDKKVEP KSCDKTHTCP PCPAPELLGG PSVFLFPPKP 250
KDTLMISRTPEVTCVVVDVS HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN 300
STYRVVSVLT VLHQDWLNGK EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ 350
VYTLPPSRDE LTKNQVSLTC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV 400
LDSGGSFFLY SKLTVDKSRW QQGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPG 449

```

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

```

DIQMTQSPAS LSASVGRDVT ITCRAENIF SYLAWYQQKP GKSPKLLVYN 50
TRTLAEGVPS RFSGSGSGTD FSLTISSLQP EDFATYYCQH HYGTPTTFGS 100
GTKLEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKP 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT 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
 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"

*The four inter-chain disulfide bridges are not present, an average of eight cysteinyl are conjugated, each via a thioester bond, to a drug linker.

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

*Los cuatro puentes disulfuro intercatenarios no están presentes, un promedio de ocho 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

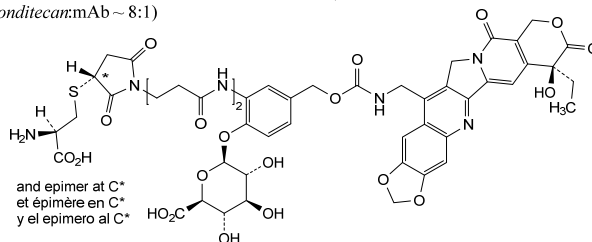
H CH2 N84.4: 300, 300"

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

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

C (223, 229, 232, 214', 223", 229", 232" and 214")

*(sonditecam:mAb ~ 8:1)



ubiquinol

ubiquinol

2-[(*all-E*)-3,7,11,15,19,23,27,31,35,39-decamethyltetraconta-2,6,10,14,18,22,26,30,34,38-decaen-1-yl]-5,6-dimethoxy-3-methylbenzene-1,4-diol
antioxydant

ubiquinol

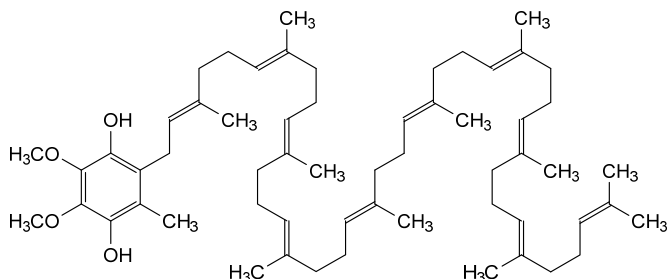
2-[(*all-E*)-3,7,11,15,19,23,27,31,35,39-décaméthyltétracenta-2,6,10,14,18,22,26,30,34,38-décaén-1-yl]-5,6-diméthoxy-3-méthylbenzène-1,4-diol
antioxydant

ubiquinol

2-[(*all-E*)-3,7,11,15,19,23,27,31,35,39-decametiltetraconta-2,6,10,14,18,22,26,30,34,38-decaen-1-yl]-5,6-dimethoxy-3-methylbenzene-1,4-diol
antioxidante

C₅₉H₉₂O₄

992-78-9



vadalentamigum #
vadalentamig

immunoglobulin (H-gamma1_L-kappa)_scFvkh-G1(h-CH2-CH3), anti-[*Homo sapiens* KLRK1 (killer cell lectin like receptor K1, NKG2D, KLR, NKG2-D, CD314)] and anti-[*Homo sapiens* EGFR (epidermal growth factor receptor, receptor tyrosine-protein kinase erbB-1, ERBB1, HER1, HER-1, ERBB)], *Homo sapiens* monoclonal antibody, KLRK1 agonist, scFv derived from *panitumumab*, bispecific;

H-gamma1 heavy chain anti-KLRK1 *Homo sapiens* (H) (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-21*01 (100%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (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, 14-G1v75 CH3 C5, 14-G1v90 CH3 E16, W88 (CH1 K120 (219) (123-220), hinge 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 Y5>C (354), D12 (361), L14 (363), K16>E (365), K88>W (414) (346-450), CHS K2>del (451)) (123-451)], (225-214')-disulfide with L-kappa light chain anti-KLRK1 *Homo sapiens* (L') (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (97.9%) -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')]; fused scFvkh-G1(h-CH2-CH3) heavy chain anti-EGFR *Homo sapiens* (H") (1"-474") [scFvkh anti-EGFR *Homo sapiens* (1"-246"), 11-scFv-v2 C120 (VL)-C49 (VH) [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (95.8%) -IGKJ1*01 (90.0%) Q120>C (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27"-32".50"-52".89"-97")) (1"-107") -20-mer tetrakis(tetraglycyl-seryl) linker (108"-127") -VH (*Homo sapiens* IGHV4-61*01 (87.9%) -IGHD -IGHJ3*02 (100%), VH G49>C (173"), CDR-IMGT [10.7.11] (153"-162".180"-186".225"-235")) (128"-246") -2-mer glycyl-seryl linker (247"-248") -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH3 D12, L14, 14-G1v91 CH3 R3, V84 .2, T85.1, 14-G1v74 CH3 C10 (hinge 6-15 (249"-258"), CH2 (259"-368"), CH3 Q3>R (375), S10>C (382"), D12 (384), L14 (386), D84.2>V (427), F85.1>T (433) (369"-473"), CHS K2>del (474")) (249"-474")]; dimer (231-254":234-257":354-382")-trisdissulfide, produced in a cell line of Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, glycoform alfa
antineoplastic

vadalentamig

immunoglobuline (H-gamma1_L-kappa)_scFvkh-G1(h-CH2-CH3), anti-[*Homo sapiens* KLRK1 (récepteur lectine like K1 de cellule tueuse, NKG2D, KLR, NKG2-D, CD314)] et anti-[*Homo sapiens* EGFR (récepteur du facteur de croissance épidermique, récepteur tyrosine-protéine kinase erbB1, ERBB1, HER1, HER-1, ERBB)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*, agoniste de KLRK1, scFv dérivé de *panitumumab*, bispécifique;

chaîne lourde H-gamma1 anti-KLRK1 *Homo sapiens* (H) (1-451) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-21*01 (100%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (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, 14-G1v75 CH3 C5, 14-G1v90 CH3 E16, W88 (CH1 K120 (219) (123-220), charnière 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 Y5>C (354), D12 (361), L14 (363), K16>E (365), K88>W (414) (346-450), CHS K2>del (451)) (123-451)], (225-214')-bisdisulfure avec la chaîne légère L-kappa anti-KLRK1 *Homo sapiens* (L') (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-12*01 (97.9%) -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'')];

chaîne lourde fusionnée scFvkh-G1(h-CH2-CH3) anti-EGFR *Homo sapiens* (H") (1"-474'') [scFvkh anti-EGFR *Homo sapiens* (1"-246''), 11-scFv-v2 C120 (VL)-C49 (VH) [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-33*01 (95.8%) -IGKJ1*01 (90.0%) Q120>C (100''), CDR-IMGT [6.3.9] (27"-32".50"-52".89"-97'')) (1"-107'') -20-mer tétrakis(tétraglycyl-séryl) coupleur (108"-127'') -VH (*Homo sapiens*IGHV4-61*01 (87.9%) -IGHD -IGHJ3*02 (100%), VH G49>C (173''), CDR-IMGT [10.7.11] (153"-162".180"-186".225"-235'')) (128"-246'') -2-mer glycyl-séryl coupleur (247"-248'') -*Homo sapiens*IGHG1*01, G1m17,1 CH3 D12, L14, 14-G1v91 CH3 R3, V84 .2, T85.1, 14-G1v74 CH3 C10 (charnière 6-15 (249"-258''), CH2 (259"-368''), CH3 Q3>R (375), S10>C (382''), D12 (384), L14 (386), D84.2>V (427), F85.1>T (433) (369"-473''), CHS K2>del (474'')) (249"-474'')]; dimère (231-254'':234-257'':354-382'')-trisdisulfure, produit dans une lignée cellulaire des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa

antinéoplasique

vadalentamig

inmunoglobulina (H-gamma1_L-kappa)_scFvkh-G1(h-CH2-CH3), anti-[*Homo sapiens* KLRK1 (receptor lectina like K1 de célula asesina, NKG2D, KLR, NKG2-D, CD314)] y anti-[*Homo sapiens* EGFR (receptor del factor de crecimiento epidérmico, receptor tirosina-proteína quinasa erbB1, ERBB1, HER1, HER-1, ERBB)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*, agonista de KLRK1, scFv derivado de *panitumumab*, biespecífico;

cadena pesada H-gamma1 anti-KLRK1 *Homo sapiens* (H) (1-451) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-21*01 (100%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (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, 14-G1v75 CH3 C5, 14-G1v90 CH3 E16, W88 (CH1 K120 (219) (123-220), bisagra 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 Y5>C (354), D12 (361), L14 (363), K16>E (365), K88>W (414) (346-450), CHS K2>del (451)) (123-451)], (225-214')-bisdisulfuro con la cadena ligera L-kappa anti-KLRK1 *Homo sapiens* (L') (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-12*01 (97.9%) -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'')];

cadena pesada fusionada scFvkh-G1(h-CH2-CH3) anti-EGFR *Homo sapiens* (H") (1"-474'') [scFvkh anti-EGFR *Homo sapiens*

(1"-246"), 11-scFv-v2 C120 (VL)-C49 (VH) [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (95.8%) -IGKJ1*01 (90.0%) Q120>C (100"), CDR-IMGT [6.3.9] (27"-32".50"-52".89"-97")) (1"-107")) -20-mer tetrakis(tetraglicil-seril) enlace (108"-127") -VH (*Homo sapiens* IGHV4-61*01 (87.9%) -IGHD -IGHJ3*02 (100%), VH G49>C (173"), CDR-IMGT [10.7.11] (153"-162".180"-186".225"-235")) (128"-246") -2-mer glicil-seril enlace (247"-248") -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH3 D12, L14, 14-G1v91 CH3 R3, V84 .2, T85.1, 14-G1v74 CH3 C10 (bisagra 6-15 (249"-258"), CH2 (259"-368"), CH3 Q3>R (375), S10>C (382"), D12 (384), L14 (386), D84.2>V (427), F85.1>T (433) (369"-473"), CHS K2>del (474")) (249"-474")]; dímero (231-254":234-257":354-382")-trisdisulfuro, producido en una línea celular de las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, forma glicosilada alfa antineoplásico

3030203-93-8

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada : H-gamma1 anti-KLRK1 (H)
EVQLVESGGG LVKPGGSLRL SCAASGFTFS SYSMNWVRQA PGKGLEWVSS 50
ISSSSSYIYY ADSVKGRFTI SRDNAKNSLY LQMNSLRAED TAVYYCARGA 100
PIGAAGAGWFD PWGQGTLTVT SSASTKGPSV FFLAPSSKST SGGTAALGCL 150
VKDYFFPEPVT PWSNMGALTS GVHTFFPAVLQ SSGLYSLSSV VTPVSSSLGT 200
QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSCDKTHT CPPCPAPELL GGPSVFLFPP 250
KPKDFTLMSR TPEVTCVVVD VSHEDPEVKF NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ 300
YNSTYRVVSV LTVLHQDWLN GKEYKCKVSN KALPAIEKT ISKAGGQPRE 350
PQVCTLPSSR DELTENQVSL TCLVKGFYPS DIAVEWESNG QPENNYKTTT 400
PVLDSGDSFF LYSWLTVDKS RWQQGNVFSC SVMHEALHNN YTQKSLSLSP 450
G 451

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera : L-kappa anti-KLRK1 (L)
DIQMTQSPSS VSASVGDRVIT ITCRASQGIS SWLAWYQQKP GKAPKLLIYA 50
ASSLQSGVPS RFSGSGSGTD FTLTISSLQP EDFATYYCQQ GVSFPRFTFGG 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKG 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSSLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGECL 214

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada : scFvkh-G1(h-CH2-CH3) anti-EGFR (H)
DIQMTQSPSS LSASVGDRVIT ITCQASQDIS NYLNWYQQKP GKAPKLLIYD 50
ASNLETTGVPS RFSGSGSGTD FTFITISLQP EDIATYYCQH FRHLPLAFGC 100
GTKVEIKGGG GSGGGGSGGG GSGGGGSQVQ LQESGPGLVK PSETLSLTCT 150
VSGGSVSSGD YYWTWIRQSP GKCLEWIGHI YYSGNNTNYP RLKSRRLTISI 200
DTSKTQFSLK LSSVTAADTA IYYCVRDRVIT GAFDIWGGQT MVTVSSGSDK 250
THTCPPCPAP ELLGGPSVFL FPPKPKDTLM ISRTPEVTCV VVDVSHEDPE 300
VKFNWYVDGV EVHNAKTKPR EEQYNSTYRV VSVLTVLHQD WLNGKEYKCK 350
VSNKALPAPI EKTISKAKGQ PREPRVYTL PCRDELTKNQ VSLTCLVKGF 400
YPSDIAVEWE SNGQPENNYK TTPPVLVSDG SFTLYSKLTV DKSRWQQGNV 450
FSCSVMEAL HNHYTKSLS LSPG 474

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) 23"-88" 149"-224" 289"-349" 395"-453"
Intra-H" scFv C120 (VL)-C49 (VH)* 100"-173"
Intra-L' (C23-C104) 23'-88' 134'-194'
Inter-H-L' (h 5-CL 126) 225-214'
Inter-H-H" (h 11, h 14) 231-254" 234-257"
Inter-H-H" (CH3 C5-C10)** 354-382"
*engineered additional disulfide bond C120 (VL)-C49 (VH) to stabilize the scFv (variant 11-scFv-v2).
**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: 302, 325"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados

valancitugum #

valancitug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* VEGFA (vascular endothelial growth factor A, VEGF-A, VEGF)], humanized monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain humanized (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*02 (75.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.9.16] (26-33.51-59.97-112)) (1-123) -*Homo sapiens* IGHG1*03v (100%) G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K(220) (124-221), hinge 1-15 (222-236), CH2 (237-346), CH3 E12 (362), M14 (364) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-214')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (87.4%) -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')]; dimer (232-232":235-235")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
angiogenesis inhibitor

valancitug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* VEGFA facteur de croissance A de l'endothélium vasculaire, VEGF-A, VEGF)], anticorps monoclonal humanisé;
chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*02 (75.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.9.16] (26-33.51-59.97-112)) (1-123) -*Homo sapiens* IGHG1*03v (100%) G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (220) (124-221), charnière 1-15 (222-236), CH2 (237-346), CH3 E12 (362), M14 (364) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (87.4%) -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')]; dimère (232-232":235-235")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
inhibiteur de l'angiogenèse

valancitug

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* VEGFA factor de crecimiento A del endotelio vascular, VEGF-A, VEGF)], anticuerpo monoclonal humanizado;
cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*02 (75.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.9.16] (26-33.51-59.97-112)) (1-123) -*Homo sapiens* IGHG1*03v (100%) G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (220) (124-221), bisagra 1-15 (222-236), CH2 (237-346), CH3 E12 (362), M14 (364) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (87.4%) -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 (232-232":235-235")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa
inhibidor de la angiogenesis

2766342-47-4

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H")
EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGYDFT HYGMNWVRQA PGKGLEWVGW 50
INTYTGEPITY AADFKRRFTF SLDTSKSTAY LQMNSLRAED TAVYYCAKYP 100
YYYGTSHWYF DVWGQGTIVT VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC 150
LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG 200
TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSCDKTH TCPPCPAPEL LGGPSVFLFP 250
PKPKDTLMIS RTPEVTCVVV DVSHEDPEVK FNWYVDGVEV HNAKTKPREE 300
QYNSTYRVVS VLTVLHQDWL NGKEYCKKVS NKALPAPIEK TISKAKGQPR 350
EPQVYTLPPS REEMTKNQVS LTCLVKGFYP SDIAVEWESN GQFENNYKTT 400
PPVLDSDGSF FLYSKLTVDK SRWQQGNVFS CSMVHEALHN HYTQKSLSL 450
PGK 453

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L")
DIQLTQSPSS LSASVGDRTV ITCSASQDIS NYLNWYQQKP GKAPKVLIIYF 50
TSSLHSGVPS RFSGSGSGTD FTLTISSLQP EDFATYYCQQ YSTVPWTFGQ 100
GTRKVELIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQK 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
LSPPVTKSFN 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-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 / Coupeure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 453, 453"

vanoglipelum
vanoglipel

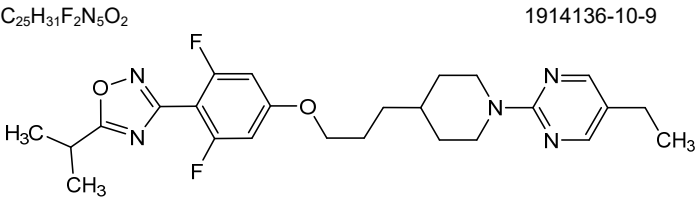
1⁵-ethyl-7³,7⁵-difluoro-8⁵-(propan-2-yl)-6-oxa-1(2)-pyrimidina-2(1,4)-
piperidina-8(3)-[1,2,4]oxadiazola-7(1,4)-benzenaocaphane
*G-protein-coupled receptor 119 (GPR119) activator, steatohepatitis and
type 2 diabetes*

vanoglipel

1⁵-éthyl-7³,7⁵-difluoro-8⁵-(propan-2-yl)-6-oxa-1(2)-pyrimidina-2(1,4)-
pipéridina-8(3)-[1,2,4]oxadiazola-7(1,4)-benzénaocaphane
*agoniste du récepteur couplé aux protéines G 119 (GPR119), stéatose
hépatique et diabète de type 2*

vanoglipel

1⁵-etil-7³,7⁵-difluoro-8⁵-(propan-2-il)-6-oxa-1(2)-pirimidina-2(1,4)-
piperidina-8(3)-[1,2,4]oxadiazola-7(1,4)-bencenaocafano
*agonista del receptor acoplado a proteína G 119 (GPR119),
esteatohepatitis y diabetes de tipo 2*



varzutamigum #
varzutamig

immunoglobulin VH-prodomain-scFvhl-VH-G1(CH1-h5)_prodomain-L-kappa, anti-[*Homo sapiens* ALB (albumin, human serum albumin, HSA)], anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)] and anti-[*Homo sapiens* EGFR (epidermal growth factor receptor, receptor tyrosine-protein kinase erbB-1, ERBB1, HER1, HER-1, ERBB)], humanized, *Homo sapiens* and chimeric monoclonal antibody, trispecific, trivalent; fused heavy chain VH-prodomain-scFvhl-VH-G1(CH1-h5) heavy chain (VH anti-ALB humanized, scFvhl anti-CDE3E chimeric and *Homo sapiens*, and VH anti-EGFR chimeric) (H) (1-653) [VH anti-ALB humanized (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (81.4%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124)-prodomain [9-mer tetraglycyl-seryl-triglycyl-seryl linker (125-133) -16-mer GGVYCGPEFDES VGCM mask (134-149) -8-mer tetraglycyl-seryl-triglycyl linker (150-157) -16-mer LSGRSDAGSPLGLAGS cleavable linker (158-173) -4-mer triglycyl-seryl linker (174-177)] (125-177) -scFvhl anti-CD3E chimeric (178-426) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV10-1*04 (92.0%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (86.7%)/*Homo sapiens* IGHV3-73*01 (87.0%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (100%), CDR-IMGT [8.10.16] (203-210.228-237.276-291)) (178-302) -15-mer tris(tetraglycyl-seryl) linker (303-317) -V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV7-43*01 (85.1%) -IGLJ3*02 (100%), CDR-IMGT [9.3.9] (343-351.369-371.408-416)) (318-426)] -5-mer tetraglycyl-seryl linker (427-431) -VH-G1(CH1-h) anti-EGFR chimeric (432-653)[VH (*Mus musculus* IGHV2-2*03 (93.8%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.13] (457-464.482-488.527-539)) (432-550) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (CH1-h5) (CH1 G1m17, CH1 K120(647) (551-648), hinge 1-5 (649-653)) (551-653)], (653-256')-disulfide with fused light chain prodomain-L-kappa light chain anti-EGFR chimeric (L') (1'-256') [prodomain (16-mer GGPCRSHIDVAKPICV mask (1'-16') -7-mer tetraglycyl-seryl-diglycyl linker (17'-23') -16-mer LSGRSDAGSPLGLAGS cleavable linker (24'-39') -3-mer diglycyl-seryl linker (40'-42')) (1'-42') -V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV5-48*01 (95.8%) -IGKJ5*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (69'-74'.92'-94'.131'-139')) (43'-149') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (195'), V101 (233')) (150'-256')], produced in a cell line of Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, glycoform alfa
antineoplastic

varzutamig

immunoglobuline VH-prodomain-scFvhl-VH-G1(CH1-h5)_prodomain-L-kappa, anti-[*Homo sapiens* ALB (albumine, sérum albumine humaine, SAH)], anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)] et anti-[*Homo sapiens* EGFR (récepteur du facteur de croissance épidermique, récepteur tyrosine-protéine kinase erbB1, ERBB1, HER1, HER-1, ERBB)], anticorps monoclonal humanisé, *Homo sapiens* et chimérique, trispécifique, trivalent; chaîne lourde fusionnée VH-prodomain-scFvhl-VH-G1(CH1-h5) (VH anti-ALB humanisé, scFvhl anti-CDE3 chimérique et *Homo sapiens*, et VH anti-EGFR chimérique (H) (1-653) [VH anti-ALB humanisé (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (81.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124)-prodomain [9-mer tétraglycyl-séryl-triglycyl-séryl coupleur (125-133) -16-mer masque GGVYCGPEFDES VGCM (134-149) -8-mer tétraglycyl-séryl-triglycyl coupleur (150-157) -16-mer coupleur clivable LSGRSDAGSPLGLAGS (158-173) -4-

mer triglycyl-séryl coupleur (174-177) -scFvhl anti-CD3E chimérique (178-426) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV10-1*04 (92.0%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (86.7%)/*Homo sapiens* IGHV3-73*01 (87.0%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (100%), CDR-IMGT [8.10.16] (203-210.228-237.276-291)) (178-302) -15-mer tris(tétraglycyl-séryl) coupleur (303-317) -V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV7-43*01 (85.1%) -IGLJ3*02 (100%), CDR-IMGT [9.3.9] (343-351.369-371.408-416)) (318-426)] -5-mer tétraglycyl-séryl coupleur (427-431) -VH'-G1(CH1-h) anti-EGFR chimérique (432-653)[VH (*Mus musculus* IGHV2-2*03 (93.8%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.13] (457-464.482-488.527-539)) (432-550) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (CH1-h5) (CH1 G1m17, CH1 K120 (647) (551-648), charnière 1-5 (649-653)) (551-653)]], (653-256')-disulfure avec la chaîne légère fusionnée prodomaine-L-kappa anti-EGFR chimérique (L') (1'-256') [prodomaine (16-mer masque GGPCRSHIDVAKPICV (1'-16') -7-mer tétraglycyl-séryl-diglycyl coupleur (17'-23') -16-mer coupleur clivable LSGRSDAGSPLGLAGS (24'-39') -3-mer diglycyl-séryl coupleur (40'-42')) (1'-42')] -V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV5-48*01 (95.8%) -IGKJ5*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (69'-74'.92'-94'.131'-139')) (43'-149') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (195'), V101 (233')) (150'-256')], produit dans une lignée cellulaire des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa antinéoplasique

varzutamig

inmunoglobulina VH-prodomain-scFvhl-VH-G1(CH1-h5) _prodominio-L-kappa, anti-[*Homo sapiens* ALB (albúmina, albúmina sérica humana, SAH)], anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 épsilon, Leu-4)] y anti-[*Homo sapiens* EGFR (receptor del factor de crecimiento epidérmico, receptor tirosina-proteína quinasa erbB1, ERBB1, HER1, HER-1, ERBB)], anticuerpo monoclonal humanizado, *Homo sapiens* y quimérico, triespecífico, trivalente; cadena pesada fusionada VH-prodomaine-scFvhl-VH-G1(CH1-h5) (VH anti-ALB humanizado, scFvhl anti-CDE3 quimérico y *Homo sapiens*, y VH anti-EGFR quimérico (H) (1-653) [VH anti-ALB humanizado (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (81.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124)-prodominio [9-mer tetraglicil-seril-triglicil-seril enlace (125-133) -16-mer máscara GGVCYCGPEFDESVCVM (134-149) -8-mer tetraglicil-seril-triglicil enlancer (150-157) -16-mer enlace escindible LSGRSDAGSPLGLAGS (158-173) -4-mer triglicil-seril enlace (174-177) -scFvhl anti-CD3E quimérico (178-426) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV10-1*04 (92.0%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (86.7%)/*Homo sapiens* IGHV3-73*01 (87.0%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (100%), CDR-IMGT [8.10.16] (203-210.228-237.276-291)) (178-302) -15-mer tris(tetraglicil-seril) enlace (303-317) -V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV7-43*01 (85.1%) -IGLJ3*02 (100%), CDR-IMGT [9.3.9] (343-351.369-371.408-416)) (318-426)] -5-mer tetraglicil-seril enlace (427-431) -VH'-G1(CH1-h) anti-EGFR quimérico (432-653) [VH (*Mus musculus* IGHV2-2*03 (93.8%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.13] (457-464.482-488.527-539)) (432-550) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (CH1-h5) (CH1 G1m17, CH1 K120 (647) (551-648), bisagra1-5 (649-653)) (551-653)]], (653-256')-disulfuro con la cadena ligera fusionada prodominio-L-kappa anti-EGFR quimérico (L') (1'-256') [prodominio (16-mer máscara GGPCRSHIDVAKPICV (1'-16') -7-mer tetraglicil-seril-diglicil enlace (17'-23') -16-mer enlace escindible

LSGRSDAGSPLGLAGS (24'-39') -3-mer diglicil-seril enlace (40'-42'') (1'-42'') -V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV5-48*01 (95.8%) -IGKJ5*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (69'-74'.92'-94'.131'-139'') (43'-149') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (195'), V101 (233')) (150'-256''), producido en una línea celular de las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, forma glicosilada alfa antineoplásico

3064817-31-5

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: fused heavy chain VH anti-ALB

-prodomain-scFvhl anti-CD3E -VH-G1(CH1-h5) anti-EGFR (H)

EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGSTFY TAVMGWVRQA PGKGLEWVAA 50
 IRWTALTTSY ADSVKGRFTI SRDGAKTLY LQMNSLRPED TAVYYCAARG 100
 TLGLFTADS YDYWGQGLV TVSSGGGGSG GSGGGVYCGP EFDESVCMG 150
 GGGSGGGLSG RSDAGSPLGL AGSGGGSEVQ LVESGGGLVQ PGGSLKLSA 200
 ASGFTFNKYA MNWVRQAPGK GLEWVARIRS KYNNYATYYA DSVKDRFTIS 250
 RDSKNTAYL QMNNLKTEDT AVYYCVRHGN FGNSYISYWA YWGQGLTVTV 300
 SSGGGSGGG GSGGGGSQTV VTQEPSLTVS PGGTVTLTCG SSTGAVTSGN 350
 YPNWVQKPG QAPRGLIGGT KFLAPGTPAR FSGSLLGGKA ALTLSGVQPE 400
 DEAEYYCVLW YSNRWVFGGG TKLTVLGGG SQVQLKQSGP GLVQPSQSL 450
 ITCTVSGFSL TNYGVHWVRQ SPGKGLEWLG VIWSSGNTDY NTPFTSRLSI 500
 NKDNSKSQVF FKMNSLQSN TAIYYCARAL TYYDYEFAVW GQGTLLVTVSA 550
 ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK DYFPEPVTVS WNSGALTSGN 600
 HTFPAVLQSS GLYSLSVVT VPSSSLGTQT YICNVNHKPS NTKVDKKVEP 650
 KSC 653

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: fused light chain prodomain-L-kappa anti-EGFR (L')

GGPCRSHIDV AKPICVGGGG SGGLSGRSDA GSPLGLAGSG GSDILLTQSP 50
 VILSVSPGER VSFSCRASQS IGTNIHWYQQ RTNGSPRLLI KYASESISGI 100
 PSRFSGSGSG TDFTLINSV ESEDYADYYC QQNNNWPTTF GAGTKLELKR 150
 TVAAPSVFIF PPSDEQLKSG TASVCLLNN FYPREAKVQW KVDNALQSGN 200
 SQESVTEQDS KDSYSLSSST LTLKADYDK HKVYACEVTH QGLSSPVTKS 250
 FNRGEC 256

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-96 199-275 339-407 453-526 577-633

Intra-H linker (C14-C24) 138-148

Intra-L prodomain 4'-15'

Intra-L (C23-C104) 65'-130' 176'-236'

Inter-H-L (h 5-CL 126) 653-256'

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

H VH N97: 519

The glycans G2FS1, G2FS2 and G2F representing >70% of total glycosylation /

les glycanes G2FS1, G2FS2 et G2F représentant >70% de la glycosylation totale /

los glicanos G2FS1, G2FS2 y G2F representan >70% de la glicosilación total

vedastotugum #

vedastotug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF4 (tumor necrosis factor receptor (TNFR) superfamily member 4, OX40, CD134)], *Homo sapiens* monoclonal blocking antibody;

H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-33*03 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (219) (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* IGKV1-39*01 (90.5%) -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 (231-231'':234-234'')-bisdisulfide, produced in a cell line from Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, lacking the enzyme alpha-(1,6)-fucosyltransferase (FUT8-KO), glycoform alfa <i>immunostimulant</i>
védastotug	immunoglobuline G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> TNFRSF4 (membre 4 de la superfamille des récepteurs des facteurs de nécrose tumorale (TNFR), OX40, CD134)], anticorps monoclonal <i>Homo sapiens</i> bloquant; chaîne lourde H-gamma1 <i>Homo sapiens</i> (1-452) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-33*03 (96.9%) -(IGHD) - IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (219) (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 <i>Homo sapiens</i> (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 (90.5%) -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 (231-231'':234-234'')-bisdisulfure, produit dans une lignée cellulaire des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, ne présentant pas l'enzyme alpha-(1,6)-fucosyltransférase (FUT8-KO), glycoforme alfa <i>immunostimulant</i>
vedastotug	inmunoglobulina G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> TNFRSF4 (miembro 4 de la superfamilia de los receptores de los factores de necrosis tumoral (TNFR), OX40, CD134)], anticuerpo monoclonal <i>Homo sapiens</i> bloqueante; cadena pesada H-gamma1 <i>Homo sapiens</i> (1-452) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-33*03 (96.9%) -(IGHD) - IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (219) (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 <i>Homo sapiens</i> (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 (90.5%) -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 (231-231'':234-234'')-bisdisulfuro, producido en una línea celular de las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, en ausencia de la enzima alfa-1,6-fucosiltransferasa (FUT8-KO), forma glicosilada alfa <i>inmunostimulante</i>

2878367-20-3

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H ¹)			
QVQLVESGSGG	VVQPGESLRL	SCAASGFTFS	SYGMHWVRQA PGKGLEWVAV 50
IWEDGSNQYY	ADSVKGRFTI	SRDNSKNTLY	LQMNSLRAED TAVVYCAKDN 100
QDTSPPDVGID	YWGQGTLLTV	SSASTKGPSV	FPLAPSSKST SGGTAALGCL 150
VKDYFFPEPVT	VSWNSGALTS	GVHTFFPAVLQ	SSGLYSLSSV VTPSSSLGT 200
QTYICNVNHK	PSNTKVDKKV	EPKSCDKTHT	CPPCPAPELL GGPSVFLFPP 250
KPKDITLMISR	TPEVTCVVVD	VSHEDPEVKF	NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ 300
YNSTYRVVSV	LTVLHQDWLN	GKEYCKVSN	KALPAPIEKT ISKAKGQPRE 350
PQVYTLPPSR	DELTKNQVSL	TCLVKGFYPS	DIAVEWESNG QPENNYKTP 400
PVLDSGDSFF	LYSKLTVDKS	RWQQGNVFSC	SVMHEALHNH YTKSLSLSP 450
SK			452

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L ¹)			
DIQMTQSPSS	LSASVGDRVT	ITCRASQNIS	PFLNWYQQKP GKAPKLLIYA 50
AVGLQSGVPS	RFGSGSGTD	FTLTISSLQP	EDFATYYCQQ YTDYPLTFGG 100
GTKVEIKRTV	AAPSVFIFPP	SDEQLKSGTA	SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD	STYSLSTLT	LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
LSPPVTKSFN	RGEC		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-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutamínilo 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: 302, 302"	
Afucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes afucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos afucosilados	
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal	
H CHS K2: 452, 452"	

ventegatidium
ventegatide

matrix extracellular phosphoglycoprotein (MEPE, osteoblast/osteocyte factor 45, OF45, osteoregulin) (*Homo sapiens*), peptide fragment (225-247, 1-23 in the real sequence), C^{1.23}-amide, not glycosylated;
L-threonyl-L- α -aspartyl-L-leucyl-L-glutaminy-L- α -glutamyl-L-arginylglycyl-L- α -aspartyl-L-asparaginy-L- α -aspartyl-L-isoleucyl-L-seryl-L-prolyl-L-phenylalanyl-L-serylglycyl-L- α -aspartylglycyl-L-glutaminy-L-prolyl-L-phenylalanyl-L-lysyl-L-isoasparagine *integrin-binding peptide, osteoarthritis*

ventégatide

phosphoglycoprotéine extracellulaire matricielle (PGEM, facteur 45 ostéoblaste/ostéocyte, OF45, ostéoréguline) (*Homo sapiens*), fragment peptidique (225-247, 1-23 dans la séquence réelle), C^{1.23}-amide, non glycosylé;
L-thréonyl-L- α -aspartyl-L-leucyl-L-glutaminy-L- α -glutamyl-L-arginylglycyl-L- α -aspartyl-L-asparaginy-L- α -aspartyl-L-isoleucyl-L-séryl-L-prolyl-L-phénylalanyl-L-sérylglycyl-L- α -aspartylglycyl-L-glutaminy-L-prolyl-L-phénylalanyl-L-lysyl-L-isoasparagine *peptide de liaison à l'intégrine, arthrose*

ventegatida

fosfoglicoproteína extracelular de matriz (MEPE, factor 45 de osteoblastos/osteocitos, OF45, osteorregulina) (*Homo sapiens*), fragmento peptídico (225-247, 1-23 en la secuencia real), C^{1.23}-amida, no glicosilada; L-treonil-L- α -aspartil-L-leucil-L-glutaminil-L- α -glutamil-L-arginilglicil-L- α -aspartil-L-asparaginil-L- α -aspartil-L-isoleucil-L-seril-L-prolil-L-fenilalanil-L-serilglicil-L- α -aspartilglicil-L-glutaminil-L-prolil-L-fenilalanil-L-lisil-L-isoasparagina
péptido de unión a integrina, osteoartritis

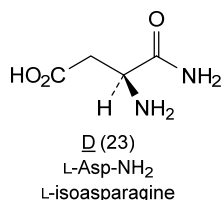
C₁₀₇H₁₆₁N₃₁O₄₁

478496-41-2

Sequence / Séquence / Secuencia

TDLQERGDND ISPFSGDGQP FKD 23

Modified residues / Residus modifiés / Restos modificados



venzukitagenum autoleucelum #
venzukitagene autoleucel

autologous T lymphocytes obtained from peripheral blood, transduced with a non-replicating retroviral murine leukemia virus vector (MuLV) encoding a chimeric antigen receptor (CAR) consisting of modified interleukin 13 (IL-13) that binds preferentially the IL-13 receptor subunit α -2 chain (IL13RA2). The expressed transgene comprises a human immunoglobulin heavy chain signal peptide, mutated IL-13 (1-10>del, E21K, R74D, S77D, R117K), human CD8 α hinge, human CD8 α transmembrane domain, 4-1BB intracellular co-stimulatory domain and CD3 ζ -signalling domain, under control of the intrinsic 5' long terminal repeat (LTR) promoter. The construct is flanked by 5' and 3' LTRs and also contains a MuLV packaging signal and a MuLV *pol* region.

The peripheral blood mononuclear cells (PBMC) are selected and activated with anti-CD3 / anti-CD28 agonistic antibodies and proliferated in growth media containing interleukin 2 (IL-2). The cells are then transduced with the retroviral viral vector and further expanded in growth media containing IL-2. The cell suspension consists of CD3+ T lymphocytes (>95%), with $\geq 10\%$ of the T lymphocytes expressing the IL-13 CAR transgene, with the proportion of CD3 negative cells that are CD20 positive being less than 3%. The transduced T lymphocytes demonstrate cytotoxicity against IL13RA2-expressing target cells
cell-based gene therapy (antineoplastic)

venzukitagène autoleucel

lymphocytes T autologues obtenus à partir de sang périphérique, transduits avec un vecteur rétroviral non réplicatif du virus de la leucémie murine (MuLV)

codant un récepteur antigénique chimérique (RAC) constitué d'interleukine 13 (IL-13) modifiée qui se lie préférentiellement à la chaîne α -2 de la sous-unité du récepteur de l'IL-13 (IL13R α 2). Le transgène exprimé comprend un peptide signal de chaîne lourde d'immunoglobuline humaine, de l'IL-13 mutée (1-10>dél, E21K, R74D, S77D, R117K), une charnière CD8 α humaine, un domaine transmembranaire CD8 α humain, un domaine de co-stimulation intracellulaire 4-1BB et un domaine de signalisation CD3 ζ , sous le contrôle du promoteur intrinsèque de la répétition terminale longue (LTR) 5'. La construction est flanquée des LTRs 5' et 3' et contient également un signal d'emballage MuLV et une région *pol* MuLV. Les cellules mononucléaires du sang périphérique (PBMC) sont sélectionnées et activées par des anticorps agonistes anti-CD3/anti-CD28, puis expansées dans un milieu de culture contenant de l'interleukine 2 (IL-2). Les cellules sont ensuite transduites avec le vecteur rétroviral, puis expansées dans un milieu de culture contenant de l'IL-2. La suspension cellulaire est composée de lymphocytes T CD3+ (>95%), dont $\geq 10\%$ expriment le transgène RAC IL-13, et avec la proportion de cellules CD3 négatives qui sont CD20 positives inférieure à 3%. Les lymphocytes T transduits présentent une cytotoxicité contre les cellules cibles exprimant l'IL13R α 2

thérapie génique à base de cellules (antineoplasique)

venzukitagén autoleucel

linfocitos T autólogos obtenidos de sangre periférica, transducidos con un vector retroviral del virus de la leucemia murino (MuLV), no replicativo, que codifica un receptor de antígenos quimérico (CAR) consistente en interleuquina 13 (IL-13) modificada que se une preferentemente a la cadena α -2 de la subunidad del receptor de IL-13 (IL13R α 2). El transgén expresado consta de un péptido señal de la cadena pesada de inmunoglobulina humana, IL-13 mutada (1-10>del, E21K, R74D, S77D, R117K), una bisagra de CD8 α , un dominio transmembrana de CD8 α , un dominio intracelular coestimulador de 4-1BB y un dominio de señalización de CD3 ζ , bajo el control del promotor intrínseco de la repetición terminal larga (LTR) 5'. El constructo está flanqueado por LTRs 5' y 3' y también contiene una señal de empaquetamiento del MuLV y una región *pol* del MuLV.

Las células mononucleares de sangre periférica (PBMC) se seleccionan y activan con anticuerpos agonistas anti-CD3/anti-CD28 y proliferan en medio de crecimiento que contiene interleuquina 2 (IL-2). Las células después se transducen con el vector retroviral y se expanden más en medio de crecimiento que contiene IL-2. La suspensión celular consiste en linfocitos T CD3+ (>95%), con $\geq 10\%$ de linfocitos T que expresan el transgén del CAR IL-13, y la proporción de células CD3 negativas que son CD20 positivas es menor del 3%. Los linfocitos T transducidos muestran citotoxicidad frente a células diana que expresan IL13R α 2

terapia génica basada en células (antineoplásico)

vepugratinibum

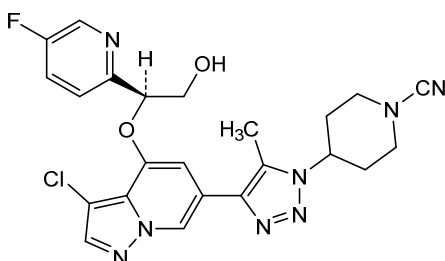
vepugratinib 4-(4-{3-chloro-4-[(1S)-1-(5-fluoropyridin-2-yl)-2-hydroxyethoxy]pyrazolo[1,5-a]pyridin-6-yl}-5-methyl-1*H*-1,2,3-triazol-1-yl)piperidine-1-carbonitrile
fibroblast growth factor receptor tyrosine kinase inhibitor, antineoplastic

vépugratinib 4-(4-{3-chloro-4-[(1*S*)-1-(5-fluoropyridin-2-yl)-2-hydroxyéthoxy]pyrazolo[1,5-a]pyridin-6-yl}-5-méthyl-1*H*-1,2,3-triazol-1-yl)pipéridine-1-carbonitrile
inhibiteur de la tyrosine kinase du récepteur du facteur de croissance des fibroblastes, antinéoplasique

vepugratinib 4-(4-{3-cloro-4-[(1*S*)-1-(5-fluoropiridin-2-il)-2-hidroxietoxi]pirazolo[1,5-a]piridin-6-il}-5-metil-1*H*-1,2,3-triazol-1-il)piperidina-1-carbonitrilo
inhibidor tirosin-kinasa del receptor del factor de crecimiento de fibroblastos, antineoplásico

C₂₃H₂₂ClFN₈O₂

2833703-74-3

**vexicitinibum**

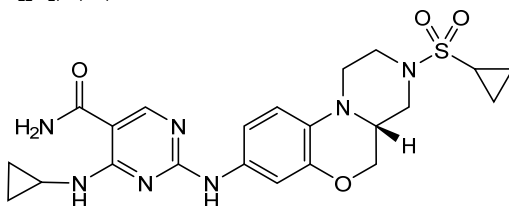
vexicitinib (3^{4a}*R*)-2,2-dioxo-3¹,3²,3^{4a},3⁵-tetrahydro-3⁴*H*-2λ⁶-thia-4,6-diaza-3(3,8)-pyrazino[2,1-*c*][1,4]benzoxazina-5(2,4)-pyrimidina-1,7(1)-dicyclopropanaheptaphane-5⁵-carboxamide
Janus kinase inhibitor, anti-inflammatory, immunosuppressant

véxicitinib (3^{4a}*R*)-2,2-dioxo-3¹,3²,3^{4a},3⁵-tétrahydro-3⁴*H*-2λ⁶-thia-4,6-diaza-3(3,8)-pyrazino[2,1-*c*][1,4]benzoxazina-5(2,4)-pyrimidina-1,7(1)-dicyclopropanaheptaphane-5⁵-carboxamide
inhibiteur de la tyrosine kinase Janus, anti-inflammatoire, immunosuppresseur

vexicitinib (3^{4a}*R*)-2,2-dioxo-3¹,3²,3^{4a},3⁵-tetrahydro-3⁴*H*-2λ⁶-tia-4,6-diaza-3(3,8)-pirazino[2,1-*c*][1,4]benzoxazina-5(2,4)-pirimidina-1,7(1)-díciclopropanaheptafano-5⁵-carboxamida
inhibidor de la tirosina kinase Janus, antiinflamatorio, inmunosupresor

C₂₂H₂₇N₇O₄S

2230362-69-1



vonaprumentum #

vonaprument

immunoglobulin Fab VH-G1(CH1-10h)_L-kappa, anti-[*Homo sapiens* C1q (complement C1q) globular head region], monoclonal antibody;
 VH-G1(CH1-10h) chain anti-C1q (H) (1-229) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV1-64*01 (82.5%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%) S123>T (116)/*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (79.4%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -G1(CH1-10h) *Homo sapiens* IGHG1*01 CH1 G1m17 K120 (CH1 K120 (218) (122-219), hinge 1-10 (220-229)) (122-229)], (224-214')-disulfide with L-kappa light chain anti-C1q (L') (1'-214') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV16-104*01 (89.5%) -IGKJ2*03 (90.9%) S120>Q (100')/*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (80.9%) -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, non-glycosylated
immunosuppressant, macular degeneration

vonaprument

immunoglobuline Fab VH-G1(CH1-10h)_L-kappa, anti-[*Homo sapiens* C1q (complément C1q)] région de la tête globulaire, anticorps monoclonal;
 chaîne VH-G1(CH1-10h) anti-C1q (H) (1-229) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV1-64*01 (82.5%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%) S123>T (116)/*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (79.4%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -G1(CH1-10h) *Homo sapiens* IGHG1*01 CH1 G1m17 K120 (CH1 K120 (218) (122-219), charnière 1-10 (220-229)) (122-229)], (224-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa anti-C1q (L') (1'-214') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV16-104*01 (89.5%) -IGKJ2*03 (90.9%) S120>Q (100')/*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (80.9%) -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), non-glycosylé
immunosuppresseur, dégénérescence maculaire

vonaprument

inmunoglobulina Fab VH-G1(CH1-10h)_L-kappa, anti-[*Homo sapiens* C1q (complemento C1q)] región de la cabeza globular, anticuerpo monoclonal;
 cadena VH-G1(CH1-10h) anti-C1q (H) (1-229) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV1-64*01 (82.5%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%) S123>T (116)/*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (79.4%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -G1(CH1-10h) *Homo sapiens* IGHG1*01 CH1 G1m17 K120 (CH1 K120 (218) (122-219), bisagra 1-10 (220-229)) (122-229)], (224-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa anti-C1q (L') (1'-214') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV16-104*01 (89.5%) -IGKJ2*03 (90.9%) S120>Q (100')/*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (80.9%) -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), no glicosilado
inmunosupresor, degeneración macular

3050549-24-8

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada : VH-G1(CH1-10h) (H)
QQLVQSGAE LKKPGASVKV SCKSSGYHFT SYMMHWVKQA PQGGLEWIGV 50
IHPNSGSINY NEKFESRVTI TVDKSTSTAY MELSSLRSED TAVYYCAGER 100
DSTEVLPM DY WGQGTTVTVS SASTKGPSVF FLAPSSKSTS GGTAALGCLV 150
KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ 200
TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSCDKHT 229

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera : L-kappa (L')
DVQITQSPSS LSASLGERAT INCRASKSIN KYLAHYQQKP GKAPKLLIYS 50
GSTLQSGIPA RFGSGSGSTD FTLTISSLEP EDFAMYYCQQ HNEYPLTFGQ 100
GTKLEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT 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
Intra-L' (C23-C104) 23'-88' 134'-194'
Inter-H-L' (h 5-CL 126) 224-214'
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

vopesglegenum parvecum #

vopesglegene parvec recombinant non-replicating adeno-associated virus serotype 9 (rAAV9) vector encoding codon-optimised human N-glycanase 1 (NGLY1, peptide-N(4)-(N-acetyl-beta-glucosaminyl)asparagine amidase, PNG1) under control of the CAG promoter (cytomegalovirus (CMV) immediate-early enhancer/chicken β-actin gene promoter/rabbit β-globin gene splice acceptor) and a mutated Woodchuck hepatitis virus post-transcriptional regulatory (WPRE-mut6), and terminated by a rabbit β-globin gene polyadenylation signal; flanked by AAV2 inverted terminal repeats (ITRs)
gene therapy (N-glycanase 1 (NGLY1) deficiency)

vopesglégène parvec vecteur recombinant non réplcatif du virus adéno-associé de sérotype 9 (rAAV9) codant la N-glycanase 1 humaine optimisée en termes de codons (NGLY1, peptide-N(4)-(N-acétyl-béta-glucosaminyl)asparagine amidase, PNG1) sous le contrôle du promoteur CAG (amplificateur précoce immédiat du cytomégalo virus (CMV)/promoteur du gène de la β-actine du poulet/accepteur d'épissage du gène de la β-globine du lapin), et un régulateur post-transcriptionnel du virus de l'hépatite de la marmotte muté (WPRE-mut6), et terminé par un signal de polyadénylation du gène de la β-globine du lapin; flanqué de répétitions terminales inversées (ITRs) AAV2
thérapie génique (déficit en N-glycanase 1 (NGLY1))

vopesglegén parvec vector de virus adenoasociado del serotipo 9 recombinante (rAAV9), no replicativo, que codifica, con codones optimizados, la N-glicanasa 1 (NGLY1, péptido-N(4)-(N-acetil-beta-glucosaminil)asparagina amidasa, PNG1) bajo el control del promotor CAG (potenciador inmediato-temprano de citomegalovirus (CMV)/promotor del gen de la β-actina de pollo/aceptor de procesamiento del gen de la β-globina de conejo) y un elemento regulador post-transcripcional del virus de la hepatitis de la marmota mutado (WPRE-mut6), y terminado por una señal de poliadenilación del gen de la β-globina de conejo; flanqueado por repeticiones terminales invertidas (ITRs) del AAV2
terapia génica (déficit de N-glicanasa 1 (NGLY1))

2857154-13-1

vorsetuzumabum beta #

vorsetuzumab beta

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD70 (tumor necrosis factor superfamily member 7, TNFSF7, CD27LG, CD27L)], monoclonal antibody; H-gamma1 heavy chain (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*02 (86.7%) E51>K (46) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) L123>T (113), 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)], (221-218')-disulfide with L-kappa light chain (1'-218') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV3-12*01 (84.8%) -IGKJ1*01 (83.3%) G120>Q (104'), L124>V (108')/*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (79.2%) -IGKJ1*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 (227'-227":230-230")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DG44, in the presence of 2-fluorofucose (2FF), glycoform alfa
antineoplastic

vorsétuzumab bêta

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD70 (membre 7 de la superfamille du facteur de nécrose tumorale (TNF), TNFSF7, CD27LG, CD27L)]; anticorps monoclonal; chaîne lourde H-gamma1 (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*02 (86.7%) E51>K (46) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) L123>T (113), 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)], (221-218')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa (1'-218') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV3-12*01 (84.8%) -IGKJ1*01 (83.3%) G120>Q (104'), L124>V (108')/*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (79.2%) -IGKJ1*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 (227'-227":230-230")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DG44, en présence de 2-fluorofucose (2FF), glycoforme alfa
antinéoplasique

vorsetuzumab beta

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD70 (miembro 7 de la superfamilia del factor de necrosis tumoral (TNF), TNFSF7, CD27LG, CD27L)]; anticuerpo monoclonal; cadena pesada H-gamma1 (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*02 (86.7%) E51>K (46) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) L123>T (113), 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)], (221-218')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa (1'-218') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV3-12*01 (84.8%) -IGKJ1*01 (83.3%) G120>Q (104'), L124>V (108')/*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (79.2%) -IGKJ1*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 (227-227'':230-230'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DG44, en presencia de 2-fluorofucosa, forma glicosilada alfa antineoplásico

3055304-29-2

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

```

QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT NYGMNWRVQA PGQGLKWMGW 50
INTYTGPTY ADAPKGRVTM TRDTSISTAY MELSRRLSDD TAVYYCARYD 100
GDYGM DYWGQ GTTVTVSSAS TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY 150
FPEPVTWSN SGALTSVGHV FPAVLQSSGL YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI 200
CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPELLGGPS VFLFPPKPKD 250
TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY 350
TLPPSRDEL TKNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD 400
SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

```

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

```

DIVMTQSPDS LAVSLGERAT INCRASKSVS TSGYSFMHWY QQKPGPQPKL 50
LIYLASNLDES GVPDRFSGSG SGTDFTLTIS SLQAEDVAVY YCQHSREVFW 100
TFGQGTKEI KRTVAAPSVF IFPPSDEQLK SGTASVCLL NNFYPREAKV 150
QWKVDNALQS GNSQESVTEQ DSKDSTYSLT 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) 22-96 145-201 262-322 368-426
 22"-96" 145"-201" 262"-322" 368"-426"

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) 227-227" 230-230"

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutamínilo 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: 298, 298"

Afucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans without galactose / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes afucosylés sans galactose / glicanos de tipo CHO biantenarijos complejos afucosilados sin galactosa

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

H CHS K2: 448, 448"

vuragadgenum parvecum #

vuragadgene parvec

recombinant non-replicating adeno-associated virus serotype 2 (rAAV2) vector encoding human glutamate decarboxylase 1 (GAD1, 67kDa glutamic acid decarboxylase, GAD67, glutamate decarboxylase 67kDa isoform) under control of a cytomegalovirus (CMV) immediate-early enhancer and chicken beta-actin promoter, Woodchuck hepatitis virus post-transcriptional regulatory element

(WPRE) and a bovine growth hormone polyadenylation signal; flanked by AAV2 inverted terminal repeats (ITRs)
gene therapy (Parkinson's disease)

vuragadgène parvec

vecteur recombinant non réplcatif du virus adéno-associé de sérotype 2 (rAAV2) codant la glutamate décarboxylase 1 humaine (GAD1, 67 kDa acide glutamique décarboxylase, GAD67, isoforme de 67 kDa de la glutamate décarboxylase), sous le contrôle d'un activateur immédiat précoce du cytomégalo-virus (CMV) et d'un promoteur de la beta-actine de poulet, d'un élément régulateur post-transcriptionnel du virus de l'hépatite de la marmotte (WPRE), et d'un signal de polyadénylation de l'hormone de croissance bovine; flanqué de répétitions terminales inversées (ITRs) d'AAV2
thérapie génique (maladie de Parkinson)

vuragadgén parvec

vector de virus adenoasociado del serotipo 2 recombinante (rAAV2), no replicativo, que codifica la glutamato descarboxilasa 1 humana (GAD1, 67kDa ácido glutámico descarboxilasa, GAD67, isoforma de 67kDa de la glutamato descarboxilasa) bajo el control de un potenciador inmediato-temprano del citomegalovirus (CMV) y un promotor de la beta-actina de pollo, elemento regulador post-transcripcional del virus de la hepatitis de la marmota (WPRE) y una señal de poliadenilación de la hormona de crecimiento humana; flanqueado por repeticiones terminales invertidas (ITRs) del AAV2
terapia génica (enfermedad de Parkinson)

3056068-67-5

vustanaciclibum

vustanaciclib

(4S)-4-(diméthylamino)-1-[6-({4-[3-(propan-2-yl)pyrazolo[1,5-a]pyridin-5-yl]pyrimidin-2-yl}amino)pyridin-3-yl]piperidin-2-one
cyclin dependent kinase inhibitor, antineoplastic

vustanaciclib

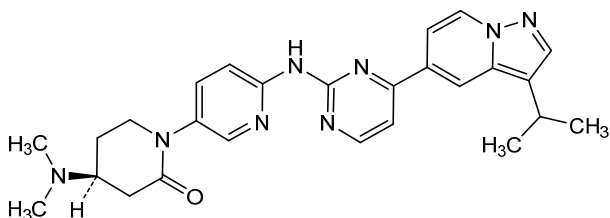
(4S)-4-(diméthylamino)-1-[6-({4-[3-(propan-2-yl)pyrazolo[1,5-a]pyridin-5-yl]pyrimidin-2-yl}amino)pyridin-3-yl]pipéridin-2-one
inhibiteur des kinases dépendantes des cyclines, antinéoplasique

vustanaciclib

(4S)-4-(dimetilamino)-1-[6-({4-[3-(propan-2-il)pirazolo[1,5-a]piridin-5-il]pirimidin-2-il}amino)piridin-3-il]piperidin-2-ona
inhibidor de las kinasas dependientes de las ciclinas, antineoplásico

C₂₆H₃₀N₈O

2531743-46-9



xaranetidum xaranetide	octadeca(D-arginine); D-arginy-D-arginy-D-arginy-D-arginy-D-arginy-D- arginy-D-arginy-D-arginy-D-arginy-D-arginy-D- arginy-D-arginy-D-arginy-D-arginy-D-arginy-D- arginy-D-arginy-D-arginine <i>neuroprotectant</i>
xaranétide	octadéca(D-arginine); D-arginy-D-arginy-D-arginy-D-arginy-D-arginy-D- arginy-D-arginy-D-arginy-D-arginy-D-arginy-D- arginy-D-arginy-D-arginy-D-arginy-D-arginy-D- arginy-D-arginy-D-arginine <i>neuroprotecteur</i>
xaranetida	octadeca(D-arginina); D-arginil-D-arginil-D-arginil-D-arginil-D-arginil-D- arginil-D-arginil-D-arginil-D-arginil-D-arginil-D-arginil- D-arginil-D-arginil-D-arginil-D-arginil-D-arginil-D- arginil-D-arginina <i>neuroprotector</i>
	$C_{108}H_{218}N_{72}O_{19}$ 3062244-70-3
	<u>RRRRRRRRRR</u> <u>RRRRRRRR</u> 18
	The chemical structure shows the side chain of an arginine residue. It consists of a guanidino group (H₂N-C(=NH)-NH-) attached to a four-carbon chain. The fourth carbon is the alpha-carbon, which is bonded to a hydrogen atom (H) and an amino group (NH₂). The carboxyl group (CO₂H) is also attached to the alpha-carbon. The structure is labeled R (1-18) and D-Arg.
zabopegdutidum zabopegdutide	16,20-anhydro(L-histidyl-2-methylalanyl-L- glutaminyglycyl-L-threonyl-L-phenylalanyl-L- threonyl-L-seryl-L-α-aspartyl-L-tyrosyl-L-seryl-L- lysyl-L-tyrosyl-L-leucyl-L-α-aspartyl-L-α-glutamyl- L-glutaminy-L-alanyl-L-alanyl-L-lysyl-L-α- glutamyl-L-phenylalanyl-L-valyl-L-glutaminy-L- tryptophyl-L-leucyl-L-methionyl-L-asparaginy-L- threonyl-S-((3RS)-1-[3-({3-[ω-3-(((2RS)-2,3- bis[ω-methoxypoly(oxyethylene)-α- yl]propoxy}carbonyl)amino]propoxy}poly(oxyeth- ylene)-α-yl]propyl)amino)-3-oxopropyl]-2,5- dioxypyrrolidin-3-yl)-L-cysteinamide) <i>glucagon and glucagon-like peptide 1 (GLP-1) receptor agonist, obesity</i>
zabopegdutide	16,20-anhydro(L-histidyl-2-méthylalanyl-L- glutaminyglycyl-L-thréonyl-L-phénylalanyl-L- thréonyl-L-séryl-L-α-aspartyl-L-tyrosyl-L-séryl-L- lysyl-L-tyrosyl-L-leucyl-L-α-aspartyl-L-α-glutamyl- L-glutaminy-L-alanyl-L-alanyl-L-lysyl-L-α- glutamyl-L-phénylalanyl-L-valyl-L-glutaminy-L- tryptophyl-L-leucyl-L-méthionyl-L-asparaginy-L- thréonyl-S-((3RS)-1-[3-({3-[ω-3-(((2RS)-2,3- bis[ω-méthoxypoly(oxyéthylène)-α- yl]propoxy}carbonyl)amino]propoxy}poly(oxyéth

zabopegdutida

ylène)-α-yl]propyl]amino)-3-oxopropyl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl]-L-cystéinamide)
agoniste des récepteurs du glucagon et du peptide 1 de type glucagon (GLP-1), obésité

16,20-anhidro(L-histidil-2-metilalanil-L-glutaminilglicil-L-treonil-L-fenilalanil-L-treonil-L-seril-L-α-aspartil-L-tirosil-L-seril-L-lisil-L-tirosil-L-leucil-L-α-aspartil-L-α-glutamyl-L-glutaminil-L-alanil-L-alanil-L-lisil-L-α-glutamyl-L-fenilalanil-L-valil-L-glutaminil-L-triptofil-L-leucil-L-metionil-L-asparaginil-L-treonil-S-((3*RS*)-1-[3-({3-[w-({3-[[({2*RS*)-2,3-bis[w-metoxipoli(oxietileno)-α-il]propoxi]carbonil]amino]propoxi]poli(oxietileno)-α-il]propil]amino)-3-oxopropil]-2,5-dioxopirrolidin-3-il]-L-cisteinamida)
agonista de los receptores del glucagón y del péptido 1 similar al glucagón (GLP-1), obesidad

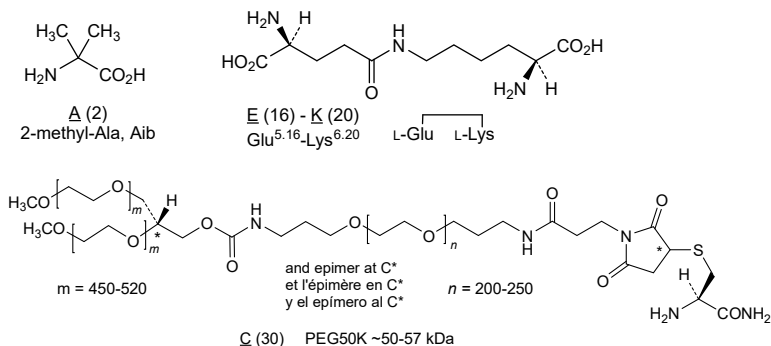
$C_{176}H_{259}N_{43}O_{56}S_2(C_2H_4O)_n(C_2H_4O)_{2m}$
 $n=200-250, m=450-520$ (50-57 kDa)

2468152-46-5

Sequence / Séquence / Secuencia

HAQGTF $\underline{T}$ SDY SKYLDEQAAK E $\underline{F}$ VQWLMNT $\underline{C}$ 30

Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados



zafinofuspum alfa #

zafinofusp alfa

human *N*-sulphoglucosamine sulphohydrolase (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 EPKSC⁴⁸⁷⁻⁵⁸⁸>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 sulphohydrolase (1'-482') fused via peptide linker ⁴⁸³GGGGS⁴⁸⁷ to a human immunoglobulin G1 (IgG1) Fc fragment (h-CH2-CH3-CHS domains) (488'-714') [*Homo*

	<i>sapiens</i>IGHG1*01 (hinge EPKSC^{487'-588'}>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 <i>enzyme replacement therapy (mucopolysaccharidosis)</i>
zafinofusp alfa	<i>N</i>-sulfoglucosamine 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) [<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01 (charnière EPKSC^{487'-588'}>del (488'-497'), CH2 L^{501'}>A, L^{502'}>A, P^{596'}>S (498'-607'), CH3 T^{633'}>W, N^{651'}>Y, Q^{653'}>T, P^{654'}>E, E^{655'}>W, N^{656'}>A, D^{680'}>T, S^{682'}>E, R^{683'}>E, N^{688'}>F (608'-712'), CHS (713'-714'))], (493-493':496-496')-disulfure avec la <i>N</i>-sulfoglucosamine sulfohydrolase humaine (1'-482') fusionnée via le lieu peptidique ^{483'}GGGGS^{487'} à un fragment Fc d'immunoglobuline G1 (IgG1) humaine (domaines h-CH2-CH3-CHS) (488'-714') [<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01 (charnière EPKSC^{487'-588'}>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'))], produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire GS-CHO, glycoforme alfa <i>thérapie enzymatique substitutive</i> (<i>mucopolysaccharidose</i>)
zafinofusp alfa	<i>N</i>-sulfoglucosamina 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) [<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01 (bisagra EPKSC^{487'-588'}>del (488'-497'), CH2 L^{501'}>A, L^{502'}>A, P^{596'}>S (498'-607'), CH3 T^{633'}>W, N^{651'}>Y, Q^{653'}>T, P^{654'}>E, E^{655'}>W, N^{656'}>A, D^{680'}>T, S^{682'}>E, R^{683'}>E, N^{688'}>F (608'-712'), CHS (713'-714'))], (493-493':496-496')-disulfuro con <i>N</i>-sulfoglucosamina sulfohidrolasa humana (1'-482') fusionada mediante un enlazador peptídico ^{483'}GGGGS^{487'} a un fragmento Fc de inmunoglobulina G1 (IgG1) humana (dominios h-CH2-CH3-CHS) (488'-714') [<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01 (bisagra EPKSC^{487'-588'}>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, glicofoma alfa <i>tratamiento enzimático de sustitución</i> (<i>mucopolisaccharidosis</i>)

3066674-28-7

Sequence / Séquence / Secuencia	
SGSH-Fc (knob, anti-TfR1)	
RPRNALLLLA DDGGFESGAY NNSAIATPHL DALARRSLLF RNAFTSVSSC	50
SPSRASLLTG LPQHONGMYG LHQDVHHFNS FDKVRSPLPL LSQAGVRTGI	100
IGKKHVGPEP VYPFDAYTE ENGSLVQVGR NITRIKLLVR KFLQTQDDRP	150
FFLYVAFHDP HRCGHSQPQY GTFCEKFGNG ESGMGRIPDW TPQAYDPLDV	200
LVPYFVNPTP AARADLAAQY TTVGRMDQGV GLVLQELRDA GVLNDTLVIF	250
TSDNIGIPFP GRNLYWPGT AEPLLVSSPE HPKRWGQVSE AYVSLDLTLP	300
TILDWFSIPY PSYAIFGSKT IHLTGRSLLP ALEAEPLWAT VFGSQSHHEV	350
TMSYPMRSVQ HRHFRLVHNL NFKMPFFIDQ DFYVSPTFQD LLNRTTAGQP	400
TGWYKDLRHY YYRARWELYD RSRDPHETQN LATDPRFAQL LEMLRDQLAK	450
WQWETHDPWV CAPDGVLEEK LSPQCQPLHN ELGGGGS DKT HTCPPCPAPE	500
AAGGPSVFLEF PPKPKDTLMI SRTPEVTCVV VDVSHEDPEV KFNWYVDGVE	550
VHNAKTKPRE EQYNSTYRVV SVLTVLHQDW LNGKEYKCKV SNKALSAPIE	600
KTISKAKGQP REPQVYTLPP SRDELTKNQV SLWCLVKGFY PSDIAVEWES	650
YGTWANYKT TPPVLDSGDS FFLYSKLTVT KEEWQQGFV F	700
NHYTQKSLSL SPGK	714

SGSH-Fc' (hole)	
RPRNALLLLA DDGGFESGAY NNSAIATPHL DALARRSLLF RNAFTSVSSC	50
SPSRASLLTG LPQHONGMYG LHQDVHHFNS FDKVRSPLPL LSQAGVRTGI	100
IGKKHVGPEP VYPFDAYTE ENGSLVQVGR NITRIKLLVR KFLQTQDDRP	150
FFLYVAFHDP HRCGHSQPQY GTFCEKFGNG ESGMGRIPDW TPQAYDPLDV	200
LVPYFVNPTP AARADLAAQY TTVGRMDQGV GLVLQELRDA GVLNDTLVIF	250
TSDNIGIPFP GRNLYWPGT AEPLLVSSPE HPKRWGQVSE AYVSLDLTLP	300
TILDWFSIPY PSYAIFGSKT IHLTGRSLLP ALEAEPLWAT VFGSQSHHEV	350
TMSYPMRSVQ HRHFRLVHNL NFKMPFFIDQ DFYVSPTFQD LLNRTTAGQP	400
TGWYKDLRHY YYRARWELYD RSRDPHETQN LATDPRFAQL LEMLRDQLAK	450
WQWETHDPWV CAPDGVLEEK LSPQCQPLHN ELGGGGS DKT HTCPPCPAPE	500
AAGGPSVFLEF PPKPKDTLMI SRTPEVTCVV VDVSHEDPEV KFNWYVDGVE	550
VHNAKTKPRE EQYNSTYRVV SVLTVLHQDW LNGKEYKCKV SNKALSAPIE	600
KTISKAKGQP REPQVYTLPP SRDELTKNQV SLSCAVKGFY PSDIAVEWES	650
NGQFENNYKT TPPVLDSGDS FFLVSKLTVD KSRWQQGNVF SCSVMHEALH	700
NHYTQKSLSL SPGK	714

Mutation / Mutation / Mutación
SGSH-Fc (anti-TfR1): EPKSC⁴⁸⁷⁻⁵⁸⁸>del, L⁵⁰¹>**A**, L⁵⁰²>**A**, P⁵⁹⁶>**S**, T⁶³³>**W**, N⁶⁵¹>**Y**,
⁶⁵³Q⁶⁵⁶OPEN⁶⁵⁶>**TEWA**, D⁶⁸⁰>**T**, S⁶⁸²>**E**, R⁶⁸³>**E**, N⁶⁸⁸>**F**
SGSH-Fc': EPKSC⁴⁸⁷⁻⁵⁸⁸>del, L⁵⁰¹>**A**, L⁵⁰²>**A**, P⁵⁹⁶>**S**, T⁶³³>**S**, L⁶³⁵>**A**, Y⁶⁷⁴>

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión
⁴⁸³GGGS⁴⁸⁷, ⁴⁸³GGGS⁴⁸⁷

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra- SGSH-Fc (anti-TfR1): 163-174, 461-475, 528-588, 634-692
SGSH-Fc': 163'-174', 461'-475', 528'-588', 634'-692'
Inter-chain SGSH-Fc- SGSH-Fc': 493-493', 496-496'

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
N21, N131, N244, N393, N564; N21', N131', N244', N393', N564'

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: K714, K714'

Modified cysteine / Cystéine modifiée / Cisteína modificada
C>3-oxoAla (formylglycine): C50, C50'

zantrutidum

zantrutide

16,20-anhydro{L-histidyl-2-methylalanyl-L-histidylglycyl-L-threonyl-L-phenylalanyl-L-threonyl-L-seryl-L-α-aspartyl-L-tyrosyl-L-seryl-N⁶-[(22S)-22,42-dicarboxy-10,19,24-trioxo-3,6,12,15-tetraoxa-9,18,23-triazadotetracontan-1-oyl]-L-lysyl-L-tyrosyl-L-leucyl-L-α-aspartyl-L-α-glutamyl-L-lysyl-L-alanyl-L-alanyl-L-lysyl-L-α-aspartyl-L-phenylalanyl-L-valyl-L-glutamyl-L-tryptophyl-L-leucyl-L-leucyl-L-α-aspartyl-L-glutamyl-L-histidyl-L-prolyl-L-seryl-L-serylglycyl-L-glutamyl-L-prolyl-L-prolyl-L-prolyl-L-serinamide}

glucagon, gastric inhibitory polypeptide (GIP) and glucagon-like peptide 1 (GLP-1) receptor agonist, metabolic diseases

zantrutide

16,20-anhydro{L-histidyl-2-méthylalanyl-L-histidylglycyl-L-thréonyl-L-phénylalanyl-L-thréonyl-L-séryl-L-α-aspartyl-L-tyrosyl-L-séryl-N⁶-[(22S)-22,42-dicarboxy-10,19,24-trioxo-3,6,12,15-tétraoxa-9,18,23-triazadotétracontan-1-oyl]-L-lysyl-L-tyrosyl-L-leucyl-L-α-aspartyl-L-α-glutamyl-L-lysyl-L-alanyl-L-alanyl-L-lysyl-L-α-aspartyl-L-phénylalanyl-L-valyl-L-glutamyl-L-tryptophyl-L-leucyl-L-leucyl-L-α-aspartyl-L-glutamyl-L-histidyl-L-prolyl-L-séryl-L-sérylglycyl-L-glutamyl-L-prolyl-L-prolyl-L-prolyl-L-sérinamide}

agoniste du glucagon, des récepteurs du peptide 1 de type glucagon (GLP-1) et du polypeptide insulinothéropé dépendant du glucose (GIP), maladies métaboliques

zantrutida

16,20-anhidro{L-histidil-2-metilalanil-L-histidilglicil-L-treonil-L-fenilalanil-L-treonil-L-seril-L-α-aspartil-L-tirosil-L-seril-N⁶-[(22S)-22,42-dicarboxi-10,19,24-trioxo-3,6,12,15-tetraoxa-9,18,23-triazadotetracontan-1-oi]-L-lisil-L-tirosil-L-leucil-L-α-aspartil-L-α-glutamil-L-lisil-L-alanil-L-alanil-L-lisil-L-α-aspartil-L-fenilalanil-L-valil-L-glutaminil-L-triptofil-L-leucil-L-leucil-L-α-aspartil-L-glutaminil-L-histidil-L-prolil-L-seril-L-serilglicil-L-glutaminil-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

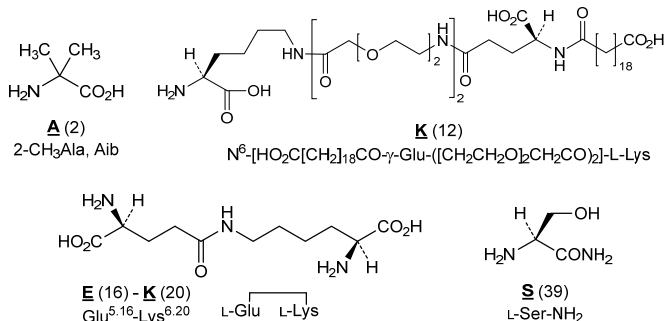
C₂₃₆H₃₅₂N₅₆O₇₂

3060140-36-2

Sequence / Séquence / Secuencia

HAHGTFSTDY SKYLDEKAAKDFVQWLDDQH PSSGQPPPS S 39

Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados



zareprumigum #
zareprumig

immunoglobulin (H-gamma1_L-kappa) [(H-gamma1-VH-C-kappa_V-kappa-CH1)_L-kappa], anti-[*Homo sapiens* MS4A1 (membrane-spanning 4-domains subfamily A member 1, CD20)], anti-[*Homo sapiens* TFRC (transferrin receptor, TFR1, TFR1, CD71)], monoclonal antibody, bispecific, trivalent; H-gamma1 heavy chain anti-MS4A1 hole (H) (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, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 17-G1v57 CH1 E26, E119, 6-G1v14-49 CH2 A1.3, A1.2, G114, 14-G1v75 CH3 C5, 14-G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) (CH1 K120 (216), K26>E (149), K119>E (215) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237), P114>G (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)], (222-219')-disulfide with L-kappa light chain anti-MS4A1 (L') (1'-219') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV2-109*01 (90.0%) -IGKJ2*01 (91.7%) L124>V (109'))/*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 (98.1%) Km3 A45.1, V101, 17-KCv57 R12, K13 (C-KAPPA E12>R (128'), Q13>K (129'), A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219'')]; fused heavy chain bispecific H-gamma1 anti-MS4A1 knob -VH-C-kappa anti-TFRC (H'') (1''-695'') [H-gamma1 heavy chain anti-MS4A1 knob (1''-448'') [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, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 17-G1v57 CH1 E26, E119, 6-G1v14-49 CH2 A1.3, A1.2, G114, 14-G1v74 CH3 C10, 14-G1v32 CH3 W22 (knob) (CH1 K120 (216), K26>E (149), K119>E (215) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237), P114>G (331) (233-342), CH3 S10>C (356''), D12 (358''), L14 (360''), T22>W (368'') (343''-447''), CHS K2>del (448'') (120''-448'')]-18-mer bisglycyl-seryl-tris(tetraglycyl-seryl) linker (449''-466'') -VH-C-kappa anti-TFRC (467''-695'') [VH (*Homo sapiens* IGHV4-31*02 (76.0%) -IGHD -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.7.19] (491''-498''.516''-522''.559''-577'') (467''-588'') -*Homo sapiens* IGKC*01 (99.1%) Km3 A45.1, V101, 12-KCv96 A1.4, S1.3 (C-KAPPA R1.4>A (589''), T1.3>S (590''), A45.1 (634''), V101 (672'') (589''-695'')], (222''-219'')-disulfide with L-kappa light chain anti-MS4A1 (L''') (1'''-219''') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV2-109*01 (90.0%) -IGKJ2*01 (91.7%) L124>V (109''))/*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 (98.1%) Km3 A45.1, V101 17-KCv57 R12, K13 (C-KAPPA E12>R (128'''), Q13>K (129'''), A45.1 (158'''), V101 (196''') (113'''-219'''), (695'''-215''')-disulfide with V-kappa-CH1 light chain anti-TFRC (L''') (1'''-215''') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (96.7%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.12] (27'''-32''''.50'''-52''''.89'''-100''') (1'''-110''') -2-mer bis(seryl) linker (111'''-112''') -*Homo sapiens* IGHG1*01 CH1 hinge1-5, G1m17 CH1 K120 (209''') (113'''-210'''), hinge 1-5 (211'''-215''') (113'''-215''')]; dimer (228-228'':231-231'':351-356'')-trisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
immunomodulator, multiple sclerosis

zaréprumig

immunoglobuline (H-gamma1_L-kappa) [(H-gamma1-VH-C-kappa_V-kappa-CH1)_L-kappa], anti-[*Homo sapiens* MS4A1 (membre 1 de la sous-famille A à 4 domaines transmembranaires, CD20)], anti-[*Homo sapiens* TFRC (récepteur de la transferrine, TFR1, TFR1, CD71)], anticorps monoclonal, bispécifique, trivalent;

chaîne lourde H-gamma1 anti-MS4A1 hole (H) (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, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 17-G1v57 CH1 E26, E119, 6-G1v14-49 CH2 A1.3, A1.2, G114, 14-G1v75 CH3 C5, 14-G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) (CH1 K120 (216), K26>E (149), K119>E (215) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237), P114>G (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)], (222-219')-disulfure avec la chaîne légère L- anti-MS4A1 (L') (1'-219') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV2-109*01 (90.0%) -IGKJ2*01 (91.7%) L124>V (109')/*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 (98.1%) Km3 A45.1, V101, 17-KCv57 R12, K13 (C-KAPPA E12>R (128'), Q13>K (129'), A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')];

chaîne lourde fusionnée bispécifique H-gamma1 anti-MS4A1 knob -VH-C-kappa anti-TFRC (H") (1"-695") [chaîne lourde H-gamma1 anti-MS4A1 knob (H") (1"-448") [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, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 17-G1v57 CH1 E26, E119, 6-G1v14-49 CH2 A1.3, A1.2, G114, 14-G1v74 CH3 C10, 14-G1v32 CH3 W22 (knob) (CH1 K120 (216), K26>E (149), K119>E (215) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237), P114>G (331) (233-342), CH3 S10>C (356"), D12 (358"), L14 (360"), T22>W (368") (343"-447"), CHS K2>del (448")) (120"-448")] -18-mer bisglycyl-séryl-tris(tétraglycyl-séryl) coupleur (449"-466") -VH-C-kappa anti-TFRC humanisée (467"-695") [VH (*Homo sapiens* IGHV4-31*02 (76.0%) -IGHD -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.7.19] (491"-498".516"-522".559"-577"))] (467"-588") -*Homo sapiens* IGKC*01 (99.1%) Km3 A45.1, V101, 12-KCv96 A1.4, S1.3 (C-KAPPA R1.4>A (589"), T1.3>S (590"), A45.1 (634"), V101 (672")) (589"-695")], (222"-219'")-disulfure avec la chaîne légère L-kappa anti-MS4A1 (L'") (1'""-219'") [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV2-109*01 (90.0%) -IGKJ2*01 (91.7%) L124>V (109'")/*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 (98.1%) Km3 A45.1, V101, 17-KCv57 R12, K13 (C-KAPPA E12>R (128'""), Q13>K (129'""), A45.1 (158'""), V101 (196'"")) (113'""-219'")], (695"-215'"")-disulfure avec la chaîne légère V-kappa-CH1 anti-TFRC (L'"" (1'""-215'"")) [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (96.7%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.12] (27'""-32'"" .50'""-52'"" .89'""-100'"")) (1'""-110'"")-2-mer bis(séryl) coupleur (111'""-112'"")) -*Homo sapiens* IGHG1*01 CH1 charnière 1-5, G1m17 CH1 K120 (209'"" (113'""-210'""), charnière 1-5 (211'""-215'"")) (113'""-215'"")]; dimère (228-228'":231-231'":351-356'")-trisdifure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa

immunomodulateur, sclérose en plaques

zareprumig

inmunoglobulina (H-gamma1_L-kappa) [(H-gamma1-VH-C-kappa_V-kappa-CH1)_L-kappa], anti-[*Homo sapiens* MS4A1 (miembro 1 de la subfamilia A con 4 dominios transmembranarios, CD20)], anti-[*Homo sapiens* TFRC (receptor de la transferrina, Tfr1, TFR1, CD71)], anticuerpo monoclonal, biespecífico, trivalente;

cadena pesada H-gamma1 anti-MS4A1 hole (H) (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, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 17-G1v57 CH1 E26, E119, 6-G1v14-49 CH2 A1.3, A1.2, G114, 14-G1v75 CH3 C5, 14-G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) (CH1 K120 (216), K26>E (149), K119>E (215) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237), P114>G (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)], (222-219')-disulfuro con la cadena ligera L- anti-MS4A1 (L') (1'-219') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV2-109*01 (90.0%) -IGKJ2*01 (91.7%) L124>V (109')/*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 (98.1%) Km3 A45.1, V101, 17-KCv57 R12, K13 (C-KAPPA E12>R (128'), Q13>K (129'), A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')];

cadena pesada fusionada biespecifica H-gamma1 anti-MS4A1 knob -VH-C-kappa anti-TFRC (H") (1"-695") [cadena pesada H-gamma1 anti-MS4A1 knob (H") (1"-448") [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, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 17-G1v57 CH1 E26, E119, 6-G1v14-49 CH2 A1.3, A1.2, G114, 14-G1v74 CH3 C10, 14-G1v32 CH3 W22 (knob) (CH1 K120 (216), K26>E (149), K119>E (215) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237), P114>G (331) (233-342), CH3 S10>C (356"), D12 (358"), L14 (360"), T22>W (368") (343"-447"), CHS K2>del (448")) (120"-448")] -18-mer bisglicil-seril-tris(tetraglicil-seril) enlace (449"-466") -VH-C-kappa anti-TFRC (467"-695") [VH (*Homo sapiens* IGHV4-31*02 (76.0%) -IGHD -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.7.19] (491"-498".516"-522".559"-577")) (467"-588") -*Homo sapiens* IGKC*01 (99.1%) Km3 A45.1, V101, 12-KCv96 A1.4, S1.3 (C-KAPPA R1.4>A (589"), T1.3>S (590"), A45.1 (634"), V101 (672")) (589"- 695"))], (222"-219")-disulfuro con la cadena ligera L-kappa anti-MS4A1 (L'") (1"-219") [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV2-109*01 (90.0%) -IGKJ2*01 (91.7%) L124>V (109'")/*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 (98.1%) Km3 A45.1, V101, 17-KCv57 R12, K13 (C-KAPPA E12>R (128'""), Q13>K (129'""), A45.1 (158'""), V101 (196'"")) (113'""-219'""), (695"-215'"")-disulfuro con la cadena ligera V-kappa-CH1 anti-TFRC (L'"" (1'""-215'"")) [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (96.7%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.12] (27'""-32'"" 50'""-52'"" 89'""-100'"")) (1'""-110'"")-2-mer bis(seril) enlace (111'""-112'"" -*Homo sapiens* IGHG1*01 CH1 bisagra 1-5, G1m17 CH1 K120 (209'"")) (113'""-210'""), charnière 1-5 (211'""-215'"")) (113'""-215'"")]; dímero (228-228":231-231":351-356")-trisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa

inmunomodulador, esclerosis múltiple

3062698-53-4

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: H-gamma1 anti-MS4A1 (H) hole
QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGYAFS YSWINWVRQA PGQGLEWMGR 50
IFPGDGDSTDY NGKFKGRVTI TADKSTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARNV 100
FDGYWLIVYG QGTLVTVSSA STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVED 150
YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TTPAVLQSSG LYSLSSTVTV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHKPSN TKVDEKVEPK SCDKTHTCPP CPAPEAAGGP SVFLFPPKPK 250
DTLMISRTEP VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL GAPIETISK AKGQPREPQV 350
CTLPPSRDEL TKNQVSLSCA VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTPPV 400
DSDGSFFLV S KLTVDKSRWQ QGNVFSCSV M HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: L-kappa anti-MS4A1 (L, L'')
DIVMTQTPLS LPVTPGEPAS ISCRSSKSL L HSNGITLYW YLQKPGQSPQ 50
LLIYQMSNLV SGVPDRFSGS GSGTDFTLKI SRVEAEDVGV YYCAQNLLEP 100
YTFGGGTKEV IKRTVAAPSV FIFPPSDRKL KSGTASVVCL LNNFYPREAK 150
VQWKVDNALQ SGNSQESVTE QDSKDSYSL SSSLTTLKAD YEKKHYACE 200
VTHQGLSSPV KTSFNREGC 219

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: Fused H-gamma1 anti-MS4A1 knob -VH-C-kappa anti-TFRC (H')
QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGYAFS YSWINWVRQA PGQGLEWMGR 50
IFPGDGDSTDY NGKFKGRVTI TADKSTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARNV 100
FDGYWLIVYG QGTLVTVSSA STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVED 150
YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TTPAVLQSSG LYSLSSTVTV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHKPSN TKVDEKVEPK SCDKTHTCPP CPAPEAAGGP SVFLFPPKPK 250
DTLMISRTEP VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL GAPIETISK AKGQPREPQV 350
YTLPPCRDEL TKNQVSLWCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTPPV 400
DSDGSFFLV S KLTVDKSRWQ QGNVFSCSV M HEALHNHYTQ KSLSLSPGGG 450
SGGGSGGGG SGGGGSQSMQ ESGPGLVKPS QTLSTLTCTVS GFSLSSYAMS 500
WIRQHPGKGL EWIGYIWSGG STDYASWAKS RVTISKTSTT VSLKLSVTA 550
ADTAVYCAR RYGTSPDYG DASGDFPWGQ GTLVTVSSAS VAAPSVFIFF 600
PSDEQLKSGT ASVVCLLNNF YPREAKVQWK VDNALQSGNS QESVTEQDSK 650
DSTYSLSTL TSKADYEKH KRYACEVTHQ GLSSPVTKSF NRGE C 695

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: V-kappa-CH1 anti-TFRC (L'')
AIQLTQSPSS LSASVGDRTV ITCRASQSI S SYLAWYQQKP GKAPKLLIYR 50
ASTLASGVPS RFGSGSGTD FTLTISSLQ P EDFATYYCQ NYASSNVDT 100
FGGGTKEVIK SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL VKDYFPEPV 150
VSWNSGALT S GVHTFPAVLQ SSGLYSLSSV VTPVSSSLGT QTYICNVNHK 200
PSNTKVDKKV EPKSC 215

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" 263"-323" 369"-427" 487"-558" 615"-675"
Intra-L' (C23-C104) 23'-93' 139'-199'
Intra-L'' (C23-C104) 23'''-93''' 139'''-199'''
Intra-L''' (C23-C104) 23'''-88''' 139'''-195'''
Inter-H-L', inter-H"-L'' (h 5-CL 126) 222'-219' 222"-219"
Inter-H"-L''' (CL 126-h 5)* 695"-215"
Inter-H-H'' (h 11, h 14) 228"-228" 231"-231"
Inter-H-H'' (CH3 C5-C10)** 351-356"
*between C-KAPPA and CH1 of the crossover.
** 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 glutamínilo N-terminal
Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxoprollyl) / pyroglutamyle (pE, 5-oxoprolyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)
H VH Q1: I', I''

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 / Coupeure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 449

zeclantamigum #
zeclantamig

immunoglobulin (H-gamma1 L-kappa)_scFvkh-G1(h-CH2-CH3), anti-[*Homo sapiens* EPCAM (epithelial cell adhesion molecule, tumor-associated calcium signal transducer 1, TACSTD1, gastrointestinal tumor-associated protein 2, GA733-2, epithelial glycoprotein 2, EGP-2, KSA, KS1/4 antigen, M4S1, tumor antigen 17-1A, Ep-CAM, EpCAM, CD326)] and anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], chimeric monoclonal antibody, bispecific, trivalent;
H-gamma1 heavy chain anti-EPCAM chimeric knob (H) (1-450) [VH (*Mus musculus* IGHV1-47-1*01 (88.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%) S123>T (115), CDR-IMGT [8.8.12] (27-34.52-59.98-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 14-G1v32 CH3 W22 (knob), 14-G1v72-2 CH3 D79, D88 (CH1 K120 (217) (121-218), hinge 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361), T22>W (369), K79>D (395), K88>D (412) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-220')-disulfide with L-kappa light chain anti-EPCAM chimeric (1'-220') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV8-19*01 (98.0%) -IGKJ5*01 (91.7%) L126>I (112'), 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')];
fused scFvkh-G1(h-CH2-CH3) heavy chain anti-CD3E chimeric hole (H'') (1"-476'') [scFvkh anti-CD3E *Homo sapiens* (1"-240'') [VH (*Mus musculus* IGHV1-18-13*01 (93.8%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.12] (26"-33".51"-58".97"-108'')) (1"-119'') -15-mer tris(tetraglycyl-seryl) linker (120"-134'') -V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV4-59*01 (94.6%) -IGKJ5*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (161"-165".183"-185".222"-230'')) (135"-240'') -4-mer (glycyl-trialanyl) linker (241"-244'')]-*Homo sapiens* IGHG1*01 h-CH2-CH3-CHS, G1m17,1 CH3 D12, L14, 14-G1v31-1 CH3 A86 (hole), 14-G1v73-5 CH3 R24, K84.2 (hinge 1-15 (245"-259''), CH2 (260"-369''), CH3 D12 (385''), L14 (387''), L24>R (397''), D84.2>K (428''), Y86>A (436'') (370"-474''), CHS (475"-476'')) (245"-476'')]; dimer (229-255'':232-258'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-S, glycoform alfa antineoplastic

zéclantamig

immunoglobuline (H-gamma1 L-kappa)_scFvkh-G1(h-CH2-CH3), anti-[*Homo sapiens* EPCAM (molécule d'adhésion des cellules épithéliales, transducteur 1 du signal calcium associé aux tumeurs, TACSTD1, protéine 2 associée aux tumeurs gastrointestinales, GA733-2, glycoprotéine épithéliale 2, EGP-2, KSA, antigène KS1/4, M4S1, antigène tumoral 17-1A, Ep-CAM, EpCAM, CD326)] et anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], anticorps monoclonal chimérique, bispécifique, trivalent;
chaîne lourde H-gamma1 anti-EPCAM chimérique (H) (1-450) knob [VH (*Mus musculus* IGHV1-47-1*01 (88.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%) S123>T (115), CDR-IMGT [8.8.12] (27-34.52-59.98-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 14-G1v32 CH3 W22 (knob), 14-G1v72-2 CH3 D79, D88 (CH1 K120 (217) (121-218), charnière 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361), T22>W (369), K79>D (395), K88>D (412) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-220')-bisdisulfure avec la chaîne légère L-kappa anti-EPCAM chimérique (H'') (1'-220') hole [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV8-19*01 (98.0%) -IGKJ5*01

(91.7%) L126>I (112'), 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 fusionnée scFv_hk-G1(h-CH2-CH3) anti-CD3E chimérique (H'') (1''-476'') hole [scFv_hk anti-CD3E *Homo sapiens* (1''-240'') [VH (*Mus musculus* IGHV1-18-13*01 (93.8%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.12] (26''-33''.51''-58''.97''-108'') (1''-119'') -15-mer tris(tétraglycyl-séryl) coupleur (120''-134'') -V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV4-59*01 (94.6%) -IGKJ5*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (161''-165''.183''-185''.222''-230'') (135''-240'') -4-mer (glycyl-trialanyl) coupleur (241''-244'') -*Homo sapiens* IGHG1*01 h-CH2-CH3-CHS, G1m17,1 CH3 D12, L14, 14-G1v31-1 CH3 A86 (hole) 14-G1v73-5 CH3 R24, K84.2 (charnière 1-15 (245''-259''), CH2 (260''-369''), CH3 D12 (385''), L14 (387''), L24>R (397''), D84.2>K (428''), Y86>A (436'') (370''-474''), CHS (475''-476'') (245''-476'')]]; dimère (229-255'':232-258'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-S, glycoforme alfa antinéoplasique

zeclantamig

inmunoglobulina (H-gamma1_L-kappa)_scFv_hk-G1(h-CH2-CH3), anti-[*Homo sapiens* EPCAM (molécule de adhesion de las células epiteliales, transductor 1 de señal calcio asociada a los tumores, TACSTD1, proteína 2 asociada a los tumores gastrointestinales, GA733-2, glicoproteína epitelial 2, EGP-2, KSA, antígeno KS1/4, M4S1, antígeno tumoral 17-1A, EpCAM, EpCAM, CD326)] y anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 épsilon, Leu-4)], anticuerpo monoclonal quimérico, biespecífico, trivalente; cadena pesada H-gamma1 anti-EPCAM quimérico (H) (1-450) knob [VH (*Mus musculus* IGHV1-47-1*01 (88.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%) S123>T (115), CDR-IMGT [8.8.12] (27-34.52-59.98-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, 14-G1v32 CH3 W22 (knob), 14-G1v72-2 CH3 D79, D88 (CH1 K120 (217) (121-218), bisagra 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361), T22>W (369), K79>D (395), K88>D (412) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-220')-bisdisulfuro con la cadena ligera L-kappa anti-EPCAM quimérica (H'') (1'-220') hole [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV8-19*01 (98.0%) -IGKJ5*01 (91.7%) L126>I (112'), 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 fusionada scFv_hk-G1(h-CH2-CH3) anti-CD3E quimérica (H'') (1''-476'') hole [scFv_hk anti-CD3E *Homo sapiens* (1''-240'') [VH (*Mus musculus* IGHV1-18-13*01 (93.8%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.12] (26''-33''.51''-58''.97''-108'') (1''-119'') -15-mer tris(tétraglicil-seril) enlace (120''-134'') -V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV4-59*01 (94.6%) -IGKJ5*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (161''-165''.183''-185''.222''-230'') (135''-240'') -4-mer (glicil-trialanil) enlace (241''-244'') -*Homo sapiens* IGHG1*01 h-CH2-CH3-CHS, G1m17,1 CH3 D12, L14, 14-G1v31-1 CH3 A86 (hole) 14-G1v73-5 CH3 R24, K84.2 (bisagra 1-15 (245''-259''), CH2 (260''-369''), CH3 D12 (385''), L14 (387''), L24>R (397''), D84.2>K (428''), Y86>A (436'') (370''-474''), CHS (475''-476'') (245''-476'')]]; dímero (229-255'':232-258'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-S, forma glicosilada alfa antineoplásico

3052965-90-6

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada : H-gamma1 anti-EPCAM (knob) (H)
EVQLLEQSGA ELVRPGTSVK ISCKASGYAF TNYWLGWVKQ RFGHGLEWIG 50
DIFPGSGNIH YNEKFKGKAT LTADKSSSTA YMQLSSLTFE DSAVYFCARL 100
RNWDEPMDYW QGGTTTVTVSS ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGLCVK 150
DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT 200
YICNVNHKPS NTKVDKKVEP KSCDKTHTCP PCPAPELLGG PSVFLFPPKP 250
KDTLMISRTP EVTCVVVDVS HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN 300
STYRVVSVLT VLHQDWLNGK EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ 350
VYTLPPSRDE LTKNQVSLWC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYDTTPPV 400
LDSDGSEFFLY SDLTVDKSRW QQGNVFSCSV MHEALHNYHT QKSLSLSPGK 450

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera : L-kappa anti-EPCAM (L')
ELVMTQSPSS LTVTAGEKVT MSCKSSQSLN NSGNQKNYLT WYQQKPGQPP 50
KLLIYWASTR ESGVPDRFTG SGSGTDFTLT ISSVQAEDLA VYYQNDSY 100
PLTFGAGTKL EIKRTVAAPS VFIFPPSDEQ LKSGTASVVC LLNNFYPREA 150
KVQWKVDNAL QSGNSQESVT EQDSKDTYS LSSTLTLSKA DYKHKHYAC 200
EVTHQGLSSP VTKGSFNRGEC 220

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada : scFv_hk-G1(h-CH2-CH3) anti-CD3E (hole) (H")
DIKLQQSGAE LARPGASVKM SCKTSGYTFT RYTMHWVKQR PGQGLEWIGY 50
INPSRGYTNV NQKFKDKATL TTDKSSSTAY MQLSSLTSED SAVYYCARYY 100
DDHYCLDYWG QGTTTLTVSSG GGGSGGGGSG GGGSDIQLTQ SPAIMASAPG 150
EKVTMTICRAS SSVSYMNWYQ QKSGTSPKRW IYDTSKVASG VPYRFSGSGS 200
GTSYSLTIS MEAEDAATY CQWSSNPLT FGAGTKLELK GAAAEPKSCD 250
KTHTCPPCPA PELLGGPSVF LFPPKPKDTL MISRTEPVC VVVDVSHEDP 300
EVKFNWYVDG VEVHNAKTKP REEQYNSTYR VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC 350
KVSINKALPAP IEKTIKAKG QPREPQVYTL PPSRDELTKN QVSLTCRVKG 400
FYPSDIAVEW ESNQGPENNY KTTTPVLKSD GSFFLASKLT VDKSRWQQGN 450
VFSCSVMHEA LHNHYTKQSL SLSPGK 476

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 23'-97' 147'-203' 264'-324' 370'-428'
Intra-H" (C23-C104) 22"-96" 157"-221" 290"-350" 396"-454"
Intra-L' (C23-C104) 23'-94' 140'-200'
Inter-H-L' (h 5-CL 126) 223'-220'
Inter-H-H" (h 11, h 14) 229'-255" 232'-258"

Free sulhydryl group / Groupe sulfhydre libre / Grupo sulfhidrilo libre
H" VH C114 (105")
H" hinge C5 (249").

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 300, 326"
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, 476"

zecontimodum
zecontimod

3-({4-(4-fluorophenyl)-3-[(pyrrolidin-1-yl)methyl]-2H-1-benzopyran-6-yl}oxy)propanoic acid
immunomodulator

zécontimod

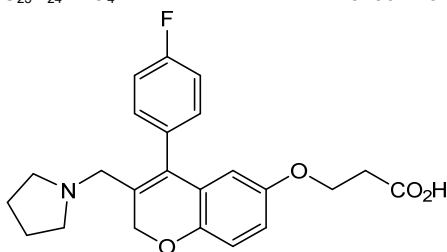
acide 3-({4-(4-fluorophényl)-3-[(pyrrolidin-1-yl)méthyl]-2H-1-benzopyran-6-yl}oxy)propanoïque
immunomodulateur

zecontimod

ácido 3-({4-(4-fluorofenil)-3-[(pirrolidin-1-il)metil]-2H-1-benzopiran-6-il}oxi)propanoico
inmunomodulador

$C_{23}H_{24}FNO_4$

2375042-31-0

**zeltipronum**

zeltiprone

7-benzyl-4-[(2,4-difluorophenyl)methyl]-2,4,6,7,8,9-hexahydroimidazo[1,2-*a*]pyrido[3,4-*e*]pyrimidin-5(1*H*)-one
antineoplastic

zeltiprone

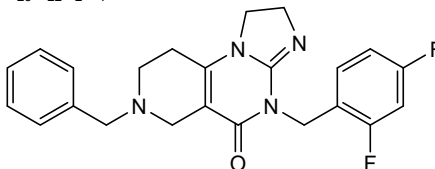
7-benzyl-4-[(2,4-difluorophényl)méthyl]-2,4,6,7,8,9-hexahydroimidazo[1,2-*a*]pyrido[3,4-*e*]pyrimidin-5(1*H*)-one
antinéoplasique

zeltiprona

7-bencil-4-[(2,4-difluorofenil)metil]-2,4,6,7,8,9-hexahidroimidazo[1,2-*a*]pirido[3,4-*e*]pirimidin-5(1*H*)-ona
antineoplásico

 $C_{23}H_{22}F_2N_4O$

1638178-87-6

**zevontabartum #**

zevontabart

immunoglobulin G1-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)], humanized monoclonal antibody;

H-gamma1 heavy chain humanized (1-442) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-2*06 (88.8%) - (IGHD) - IGHJ6*01 (85.7%), CDR-IMGT [8.8.8] (26-33.51-58.97-104)) (1-115) -*Homo sapiens*IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 14-G1v96-1 hinge C7, del8, del10 (CH1 R120 (212) (116-213), hinge 1-7,9,11-15 K>C (220), T8>del, T10>del (214-226), CH2 (227-336), CH3 E12 (352), M14 (354) (337-441), CHS K2>del (442)) (116-442)], (218-215')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-39*01 (83.3%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [7.3.9] (27'-33'.51'-53'.90'-98')) (1'-108') -*Homo sapiens*IGKC*01 (99.1%) Km3 A45.1,

V101, 16-KCv93-1 C117 (C-KAPPA A45.1 (154'), V101 (192'), V117>C (206')) (109'-215')); dimer (220-220":222-222":225-225")-trisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
antineoplastic

zévontabart

immunoglobuline G1-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 humanisé;
chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-442) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*06 (88.8%) -(IGHD) - IGHJ6*01 (85.7%), CDR-IMGT [8.8.8] (26-33.51-58.97-104))] (1-115) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 14-G1v96-1 charnière C7, del8, del10 (CH1 R120 (212) (116-213), charnière 1-7,9,11-15 K>C (220), T8>del, T10>del (214-226), CH2 (227-336), CH3 E12 (352), M14 (354) (337-441), CHS K2>del (442)) (116-442)], (218-215')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (83.3%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [7.3.9] (27'-33'.51'-53'.90'-98')) (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (99.1%) Km3 A45.1, V101, 16-KCv93-1 C117 (C-KAPPA A45.1 (154'), V101 (192'), V117>C (206')) (109'-215'))]; dimère (220-220":222-222":225-225")-trisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
antinéoplasique

zevontabart

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* MET (proto-oncogen 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)]; anticuerpo monoclonal humanizado;
cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-442) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*06 (88.8%) -(IGHD) - IGHJ6*01 (85.7%), CDR-IMGT [8.8.8] (26-33.51-58.97-104))] (1-115) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 14-G1v96-1 bisagra C7, del8, del10 (CH1 R120 (212) (116-213), bisagra 1-7,9,11-15 K>C (220), T8>del, T10>del (214-226), CH2 (227-336), CH3 E12 (352), M14 (354) (337-441), CHS K2>del (442)) (116-442)], (218-215')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (83.3%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [7.3.9] (27'-33'.51'-53'.90'-98')) (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (99.1%) Km3 A45.1, V101, 16-KCv93-1 C117 (C-KAPPA A45.1 (154'), V101 (192'), V117>C (206')) (109'-215'))]; dímero (220-220":222-222":225-225")-trisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa
antineoplásico

3060218-90-5

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H")
QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT DYYMHWVRQA PGQGLEWMGR 50
VNPNNRRGTTY NQKFEGRVMT TTDSTSTAY MELRSLRSDD TAVYYCARAN 100
WLDYWGQGT TTVSSASTKG PSVFPLAPSS KSTSGGTAAL GCLVKDYFPE 150
PVTVSWNSGA LTSGVHTFPA VLQSSGLYSL SSVVTVFSSS LGTQTYICNV 200
NHKPSNTKVD KRVEPKSCDC HCPPCPAPEL LGGPSVFLFP PKPKDTLMIS 250
RTPEVTCVVV DVSHEDPEVK FNWYVDGVEV HNAKTKPREE QYNSTYRVVS 300
VLTVLHGDWL NGKEYKCKVS NKALPAPIEK TISKAKGQPR EPQVYTLPPS 350
REEMTKNQVS LTCLVKGFYP SDIAVEWESN GQPENNYKTT PPVLDSDGSF 400
FLYSKLTVDK SRWQQGNVFS CSVMHEALHN HYTKSLSL PG 442

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L, L")
DIQMTQSPSS LSASVGDRVT ITCSVSSSVS SIHLHWYQQK PGKAPKLLIY 50
HTSNLASGVP SRFSGSGSGT DFTLTISLQ PEDFATYYCQ VYSGYPLTFG 100
GGTKVEIKRT VAAPSVFIFP PSDEQLKSGT ASVVCLLNNF YPREAKVQWK 150
VDNALQSGNS QESVTEQDSK DSTYLSSTL TLSKADYEKH KVAACEVTHQ 200
GLSSPCTKSF NRGEC 215

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 142-198 257-317 363-421
22"-96" 142"-198" 257"-317" 363"-421"
Intra-L (C23-C104) 23'-89' 135'-195'
23'''-89''' 135'''-195'''
Inter-H-L (h 5-CL 126) 218-215' 218"-215"
Inter-H-H (h 7 *, h 11, h 14) 220-220" * 222-222" 225-225"
* hinge additional engineered cysteinyl C7 with del8 and del10 (variant 14-G1v96-1).

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: 293, 293"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenaríos complejos fucosilados

zevontabartum vedotinum #
zevontabart vedotin

immunoglobulin G1-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)], humanized monoclonal antibody, conjugated at the engineered cysteinyl C117 of the two light chain C-kappa domains to *vedotin*, comprising a cleavable linker and monomethylauristatin E (MMAE);
H-gamma1 heavy chain humanized (1-442) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*06 (88.8%) -(IGHD) - IGHJ6*01 (85.7%), CDR-IMGT [8.8.8] (26-33.51-58.97-104))] (1-115) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 14-G1v96-1 hinge C7, del8, del10 (CH1 R120 (212) (116-213), hinge 1-7,9,11-15 K>C (220), T8>del, T10>del (214-226), CH2 (227-336), CH3 E12 (352), M14 (354) (337-441), CHS K2>del (442))

(116-442)], (218-215')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (83.3%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [7.3.9] (27'-33'.51'-53'.90'-98')) (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (99.1%) Km3 A45.1, V101, 16-KCv93-1 C117 (C-KAPPA A45.1 (154'), V101 (192'), V117>C (206')) (109'-215')]; dimer (220-220":222-222":225-225")-trisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa; substituted at the sulfur atoms of the engineered L-cysteinyl C117 of the C-kappa domain (206', 206'') 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*

zévantabart védotine

immunoglobuline G1-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 humanisé, conjugué au cystéinyl génétiquement modifié C117 du domaine C-kappa des deux chaînes légères à la védotine, comprenant un coupleur clivable et monométhylauristatine E (MMAE); chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-442) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*06 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (85.7%), CDR-IMGT [8.8.8] (26-33.51-58.97-104)) (1-115) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 14-G1v96-1 charnière C7, del8, del10 (CH1 R120 (212) (116-213), charnière 1-7,9,11-15 K>C (220), T8>del, T10>del (214-226), CH2 (227-336), CH3 E12 (352), M14 (354) (337-441), CHS K2>del (442)) (116-442)], (218-215')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (83.3%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [7.3.9] (27'-33'.51'-53'.90'-98')) (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (99.1%) Km3 A45.1, V101, 16-KCv93-1 C117 (C-KAPPA A45.1 (154'), V101 (192'), V117>C (206')) (109'-215')]; dimère (220-220":222-222":225-225")-trisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa; substituée sur les atomes de soufre du L-cystéinyle génétiquement modifié C117 du domaine

C-kappa (206', 206'') 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 (*vedotina*)
antineoplasique

zevontabart vedotina

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* MET
 (proto-oncogen 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)]; anticuerpo monoclonal humanizado,
 conjugado con el cisteinilo genéticamente modificado
 C117 del dominio C-kappa de ambas cadenas ligeras
 a la *vedotina*, que comprende un conector escindible y
 monometilauristatina E (MMAE);
 cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-442) [VH
 (*Homo sapiens*IGHV1-2*06 (88.8%) -(IGHD) -
 IGHJ6*01 (85.7%), CDR-IMGT [8.8] (26-33.51-
 58.97-104)] (1-115) -*Homo sapiens*IGHG1*03, G1m3,
 nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, 14-G1v96-1
 bisagra C7, del8, del10 (CH1 R120 (212) (116-213),
 bisagra 1-7,9,11-15 K>C (220), T8>del, T10>del (214-
 226), CH2 (227-336), CH3 E12 (352), M14 (354) (337-
 441), CHS K2>del (442)) (116-442)], (218-215')-
 disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-
 215') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-39*01 (83.3%)
 -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [7.3.9] (27'-33'.51'-
 53'.90'-98'') (1'-108') -*Homo sapiens*IGKC*01 (99.1%)
 Km3 A45.1, V101, 16-KCv93-1 C117 (C-KAPPA A45.1
 (154'), V101 (192'), V117>C (206'') (109'-215'')];
 dímero (220-220":222-222":225-225'')-trisdifuro,
 producido en las células ováricas de hámster chino
 (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa;
 sustituida en los átomos de azufre de L-cisteinilo
 genéticamente modificado C117 del dominio C-kappa
 (206', 206'') 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-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

3060218-91-6

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

QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT DYYMHWVRQA PGQGLEWMGR 50
 VNPNNRRGTTY NQKFEGRVTM TTDSTSTAY MELRSLRSDD TAVVYCARAN 100
 WLDYWGQGT TTVSSASTKG PSVFPLAPSS KSTSGGTAAL GCLVKDYFPE 150
 PVTVSWNSGA LTSGVHTFPA VLQSSGLYS LSSVTVPPSS LGTQTYICNV 200
 NHKPSNTKVD KRVEPKSCDC HCPPCPAPEL LGGSPSVFLFP PKPKDTLMIS 250
 RTPEVTCVVV DVSHEDPEVK FNWYVDGVEV HNAKTKPREE QYNSTYRVVS 300
 VLTVLHQDWL NGKEYKCKVS NKALPAPIEK TISKAKGQPR EPQVYTLPPS 350
 REEMTKNQVS LTCLVKGFYP SDIAVEWESN GQPENNYKTT PPVLDSDGSF 400
 FLYSKLTVDK SRWQQGNVFS CSVMHEALHN HYTQKSLSL PG 442

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

DIQMTQSPSS LSASVGDRVT ITCSVSSSVS SIHLHWYQQK PGKAPKLLIY 50
 HTSNLASGVP SRFSGSGSGT DFTLTISLQ PEDFATYYCQ VYSGYPLTFG 100
 GGTKEVEIKRT VAAPSVFIFP PSDEQLKSGT ASVVCLLNNF YPBREAKVQWK 150
 VDNALQSGNS QESVTEQDSK DSTYLSSTL TSKADYEKH KVYACEVTHQ 200
 GLSSPCTKSF NRGEC 215

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-96 142-198 257-317 363-421
 22"-96" 142"-198" 257"-317" 363"-421"

Intra-L (C23-C104) 23'-89' 135'-195'
 23'''-89''' 135'''-195'''

Inter-H-L (h 5-CL 126) 218-215' 218"-215"

Inter-H-H (h 7 *, h 11, h 14) 220-220" * 222-222" 225-225"

* hinge additional engineered cysteinyl C7 with del8 and del10 (variant 14-G1v96-1).

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

Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxoprollyl) / pyroglutamide (pE, 5-oxoprollyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)

H VH Q1: 1, 1"

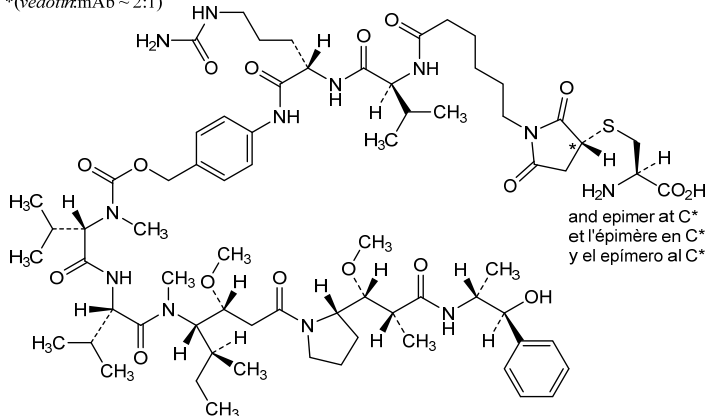
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

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

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

C-KAPPA site-specific engineered cysteinyl C117 (variant 16-KCv93-1): 206', 206"

*(*vedotir.mAb* ~ 2:1)

zinihyaluronidasum alfa #

zinihyaluronidase alfa *Ovis aries* hyaluronidase (hyaluronidase PH-20, sperm membrane protein PH20, EC:3.2.1.35) (Uniprot: W5NSU1) fragment (2-450, 1-449 in the current sequence) produced Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DG44, glycoform alfa
hyaluronidase analogue

zinihyaluronidase alfa fragment d'hyaluronidase d'*Ovis aries* (hyaluronidase PH-20, protéine de membrane du sperme PH20, EC:3.2.1.35) (Uniprot: W5NSU1) (2-450, 1-449 dans la séquence actuelle), produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DG44, glycoforme alfa
analogue de la hyaluronidase

zinihialuronidasa alfa fragmento de hialuronidasa de *Ovis aries* (hialuronidasa PH-20, proteína de membrana del esperma PH20, EC:3.2.1.35) (Uniprot: W5NSU1) (2-450, 1-449 en la secuencia actual), producido en células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DG44, glicoforma alfa
análogo de la hialuronidasa

3057275-55-2

Sequence / Séquence / Secuencia		
DFRAPPLISN	TSFLWAWNAP	AERCVKIFKL PPDRLFSVK GSPQKSATGQ 50
FITLIFYADRL	GYYPHIDEKT	GNTVYGGIPQ LGNLKNHLEK AKKDIAYYIP 100
NDSVGLAVID	WENWRPTWAR	NWKKPKDVYRD ESVELVLQKN PQLSFPEASK 150
IAKVDFETAG	KSFMQETLKL	GKLLRPNHLW GYLFPPDCYN HNYNQPTYNG 200
NCSDLEKRRN	DDLWLWKES	TALFPSVYLN IKLKSTPKAA FYVRNRVQEA 250
IRLSKIASVE	SPLPVFVYHR	PVFTDGSSTY LSQGDVNSV GEIVALGASG 300
IIMWGSNLNS	LTMQSCMNLG	NYLNTTLNPN IINVTLAAKM CSQVLCHDEG 350
VCTRKQWNSS	DYLHLNPMNF	AIQTGKGGKY TVPGKVTLED LQTFSDKFYC 400
SCYANINCKK	RVDIKNVHSV	NVCMAEDICI EGPVKLQPSD HSSSQNEAS 449

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
24-316, 188-202, 341-352, 346-400, 402-408, 423-429

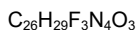
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
N10, N201, N308, N324, N333

zinilisibum

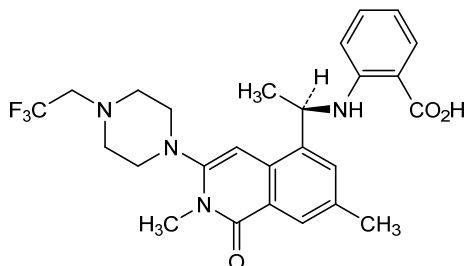
zinilisib 2-[[[(1*R*)-1-{2,7-dimethyl-1-oxo-3-[4-(2,2,2-trifluoroethyl)piperazin-1-yl]-1,2-dihydroisoquinolin-5-yl}ethyl]amino}benzoic acid
phosphatidylinositol 3-kinase (PI3K) inhibitor, antineoplastic

zinilisib acide 2-[[[(1*R*)-1-{2,7-diméthyl-1-oxo-3-[4-(2,2,2-trifluoroéthyl)pipérazin-1-yl]-1,2-dihydroisoquinoléin-5-yl}éthyl]amino}benzoïque
inhibiteur de la phosphatidylinositol 3-kinase (PI3K), antinéoplasique

zinilisib ácido 2-[[[(1*R*)-1-{2,7-dimetil-1-oxo-3-[4-(2,2,2-trifluoroetil)piperazin-1-il]-1,2-dihidroisoquinolein-5-il}etil]amino}benzoico
inhibidor de la kinasa-3 del fosfatidilinositol (PI3K), antineoplásico



3031974-57-6



zipidcabgenum autoleucelum #
zipidcabgene autoleucel

autologous peripheral blood mononuclear cell (PBMC)-derived T lymphocytes obtained by leukapheresis, transduced with a self-inactivating non-replicating lentiviral vector encoding a looped bispecific chimeric antigen receptor (CAR) targeting both CD19 and B cell maturation antigen (BCMA), comprising a CD8 leader sequence, an anti-CD19 single-chain variable fragment (scFv) (derived from clone FMC63) plus an anti-BCMA scFv, linked to one CD8 hinge and transmembrane region, followed by a 4-1BB co-stimulatory domain and a CD3ζ intracellular signal transduction domain, under control of an elongation factor 1 alpha (EF-1α) promoter and the Woodchuck hepatitis virus post-transcriptional regulatory element (WPRE). The vector genome also contains an HIV-1 packaging signal (ψ), a Rev response element (RRE), a central polypurine tract (cPPT)/central termination sequence (CTS) and is flanked by 5' and 3' long terminal repeats (LTRs). The vector is pseudotyped with vesicular stomatitis virus (VSV) G glycoprotein. The leukapheresis material is enriched for T lymphocytes by positive immunoselection prior to activation with CD3 and CD28 agonists in growth media containing interleukin 2 (IL-2). The cells are then transduced with the lentiviral vector and expanded in growth media containing IL-2 and human serum albumin. The cell suspension consists of T lymphocytes (≥70%), with ≥5% of the T lymphocytes expressing the CD19/BCMA CAR transgene. The transduced T lymphocytes demonstrate cytotoxicity against CD19 or BCMA expressing target cells and secrete interferon gamma (IFN-γ)

cell-based gene therapy (antineoplastic, immunomodulator)

zipidcabgène autoleucel

lymphocytes T dérivés de cellules mononucléaires du sang périphérique (CMSP) autologues obtenus par leucaphérèse, transduits avec un vecteur lentiviral non réplcatif auto-inactif codant un récepteur d'antigène chimérique (RAC) bispécifique en boucle ciblant à la fois CD19 et l'antigène de maturation des cellules B (BCMA), comprenant une séquence de tête CD8, un fragment variable à chaîne unique anti-CD19 (scFv) (dérivé du clone FMC63), plus un scFv anti-

BCMA lié à une charnière CD8 et une région transmembranaire, suivi d'un domaine de co-stimulation 4-1BB et d'un domaine de transduction du signal intracellulaire CD3 ζ , sous le contrôle d'un promoteur du facteur d'élongation 1 alpha (EF-1 α) et de l'élément régulateur post-transcriptionnel du virus de l'hépatite de la marmotte (WPRE). Le génome du vecteur contient également un signal d'emballage du VIH-1 (ψ), un élément de réponse Rev (RRE), une séquence de polypurine centrale (cPPT)/terminaison centrale (CTS) et est flanqué de répétitions terminales longues (LTRs) en 5' et 3'. Le vecteur est pseudotypé avec la glycoprotéine G du virus de la stomatite vésiculaire (VSV).

Le matériel de leucaphérèse est enrichi en lymphocytes T par immunosélection positive avant activation par des agonistes CD3 et CD28 dans un milieu de croissance contenant de l'interleukine 2 (IL-2). Les cellules sont ensuite transduites avec le vecteur lentiviral et expansées dans un milieu de croissance contenant de l'IL-2 et de l'albumine sérique humaine. La suspension cellulaire est composée de lymphocytes T ($\geq 70\%$), dont $\geq 5\%$ expriment le transgène RAC CD19/BCMA. Les lymphocytes T transduits présentent une cytotoxicité contre les cellules cibles exprimant CD19 ou BCMA et sécrètent de l'interféron gamma (IFN- γ)

thérapie génique à base de cellules (antinéoplasique, immunomodulateur)

zipidcabgén autoleucel

linfocitos T autólogos derivados de células mononucleares de sangre periférica (PBMC) obtenidas por leucoaféresis, transducidos con un vector lentiviral auto inactivante, no replicativo, que codifica un receptor de antígenos quimérico (CAR) biespecífico en bucle dirigido tanto al CD19 como al antígeno de maduración de células B (BCMA), que consta de una secuencia líder de CD8, un fragmento variable de cadena sencilla (scFv) (derivado del clon FMC63) anti-CD19 más un scFv anti-BCMA, unido a una región bisagra y transmembrana de CD8, seguido de un dominio coestimulador de 4-1BB y un dominio de señalización intracelular de CD3 ζ , bajo el control de un promotor del factor de elongación 1 alfa (EF-1 α) y el elemento regulador post-transcripcional del virus de la hepatitis de la marmota (WPRE). El genoma del vector también contiene una señal empaquetadora (ψ) del VIH-1, un elemento de respuesta Rev (RRE), una secuencia de tracto de polipurina (cPPT)/secuencia de terminación central (CTS) y está flanqueado por repeticiones terminales largas (LTRs) en 5' y 3'. El vector está seudotipado con la glicoproteína G del virus de la estomatitis vesicular (VSV).

El material de leucoaféresis se enriquece en linfocitos T mediante inmunoselección positiva antes de la activación con agonistas de CD3 y CD28 en medio de crecimiento que contiene interleuquina 2 (IL-2). Las células se transducen después con el vector lentiviral y se expanden en medio de crecimiento que contiene IL-2 y albúmina sérica humana. La suspensión celular consiste en linfocitos T ($\geq 70\%$), con $\geq 5\%$ de los

linfocitos T que expresan el transgén del CAR CD19/BCMA. Los linfocitos T transducidos muestran citotoxicidad frente a células diana que expresan CD19 o BCMA y secretan interferón gamma (IFN-γ)
terapia génica basada en células (antineoplásico, inmunomodulador)

zirdafulvenum

zirdafulven

N-hydroxy-*N*-{[(6'*R*)-6'-hydroxy-2',4',6'-trimethyl-7'-oxo-6',7'-dihydrospiro[cyclopropane-1,5'-inden]-3'-yl]methyl}urea
alkylating agent, antineoplastic

zirdafulvène

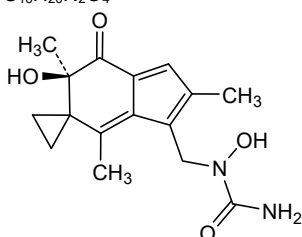
N-hydroxy-*N*-{[(6'*R*)-6'-hydroxy-2',4',6'-triméthyl-7'-oxo-6',7'-dihydrospiro[cyclopropane-1,5'-indén]-3'-yl]méthyl}urée
agent alkylant, antinéoplasique

zirdafulvén

N-hidroxi-*N*-{[(6'*R*)-6'-hidroxi-2',4',6'-trimetil-7'-oxo-6',7'-dihidroespiro[ciclopropano-1,5'-inden]-3'-il]metil}urea
agente alquilante, antineoplásico

C₁₆H₂₀N₂O₄

924835-67-6

**zocilurtatugum #**

zocilurtatug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* DLL3 (delta-like ligand 3, delta like canonical Notch ligand 3)], humanized monoclonal antibody; H-gamma1 heavy chain humanized (1-450) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-2*02 (86.7%) -IGHD) -IGHJ4*01 (100%), 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)], (223-214')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-27*01 (82.1%) -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 (229-229"-232-232")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
antineoplastic

zocilurtatug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* DLL3 (delta-like ligand 3, delta like canonique Notch ligand 3)], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-450) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-2*02 (86.7%) -IGHD) -IGHJ4*01 (100%), 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)], (223-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-27*01 (82.1%) -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 (229-229":232-232")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa antinéoplasique

zocilurtatug immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* DLL3 (delta-like ligando 3, delta like canónico Notch ligando 3)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*02 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), 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)], (223-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-27*01 (82.1%) -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 (229-229":232-232")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hamster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa antineoplásico

3058592-86-9

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (H, H")		
EVQLVQSGAE	VKKPGASVKV	SCKASGFTFT
VYFYSGLDISY	AQKFQGRVTL	TVDTISISTAY
NYVNNAIDYW	QGGLTVTVSS	ASTKGPSVF
DYFPEPVTVS	WNSGALTSGV	HTFPAVLQSS
YICNVNHKPS	NTKVDKKVEP	KSCDKTHTCP
KDTLMISRT	EVTCVVVDVS	HEDPEVKFNW
STYRVVSVLT	VLHQDWLNGK	EYKCKVSNKA
VYTLPPSRDE	LTKNQVSLTC	LVKGFYPSDI
LDSGSGFFLY	SKLTVDKSRW	QQGNVFSCSV
		MHEALHNHYT
		QKSLSLSPGK
		450
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (L', L")		
DIQMTQSPSS	LSASVGDRTV	ITCKASQNVG
ASYRYSGVPS	RFSGSGSGTD	FTLTISLQP
GTKVEIKRTV	AAPSVFIFPP	SDEQLKSGTA
DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD	STYLSSTLT
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 biantenaricos complejos fucosilados
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 450, 450"

zocilurtatugum pelitecanum #
zocilurtatug pelitecan immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* DLL3 (delta-like ligand 3, delta like canonical Notch ligand 3)], humanized monoclonal antibody, conjugated on an average of eight cysteinyl residues to *pelitecan* groups, comprising a linker and a camptothecin

derivative;

H-gamma1 heavy chain humanized (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*02 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), 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)], (223-214')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-27*01 (82.1%) -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 (229-229":232-232")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa; substituted at the sulfur atoms of an average of eight L-cysteiny residues amomg 223, 229, 232, 214', 223", 229", 232" 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*

zocilurtatug pélitécan

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* DLL3 (delta-like ligand 3, delta like canonique Notch ligand 3)], anticorps monoclonal humanisé, conjugué par huit résidus cystéinyle en moyenne au *pelitécan*, comprenant un coupleur et un dérivé de la camptothécine; chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*02 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), 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)], (223-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-27*01 (82.1%) -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 (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 d'une moyenne de huit résidus L-cystéinyle parmi 223, 229, 232, 214', 223", 229", 232" 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*) *antinéoplasique*

zocilurtatug pelitecán

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* DLL3 (delta-like ligando 3, delta like canónico Notch ligando 3)], anticuerpo monoclonal humanizado, conjugado por ocho residuos cisteinilo por término medio con *pelitecán*, que comprende un conector y un derivado de la camptotecina; cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*02 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), 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)], (223-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-27*01 (82.1%) -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 (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 un promedio de ocho residuos L-cisteinilo entre 223, 229, 232, 214', 223", 229", 232" 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

3058592-88-1

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

```
EVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGFTFT DYYMHWRQA PGQSLEWMGL 50
VYPYSGDISY AQKFQGRVTL TVDTSISTAY MELSLRLSDD TAVYYCARQG 100
NYVNNAIDYW GQGTLLTVSS ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK 150
DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT 200
YICNVNHKPS NTKVDKKVEP KSCDKTHTCP PCPAPELLGG PSVFLFPPKP 250
KDTLMISRTP EVTCVVVDVS HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN 300
STYRVSVLT VLHQDWLNGK EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ 350
VYTLPPSRDE LTKNQVSLTC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV 400
LDSGGSFFLY SKLTVDKSRW QQGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPGK 450
```

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

```
DIQMTQSPSS LSASVGRVIT ITCKASQNVG NIIAWYQKPK GKSPKALIYL 50
ASRYSGVPS RFGSGSGSTD FTLTISSLQP EDVATYFCQQ YSDSPYTFGQ 100
GKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQVKV 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"

*The four inter-chain disulfide bridges are not present, an average of eight cysteinyl are conjugated, each via a thioester bond, to a drug linker.

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

*Los cuatro puentes disulfuro intercatenarios no están presentes, un promedio de ocho 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"

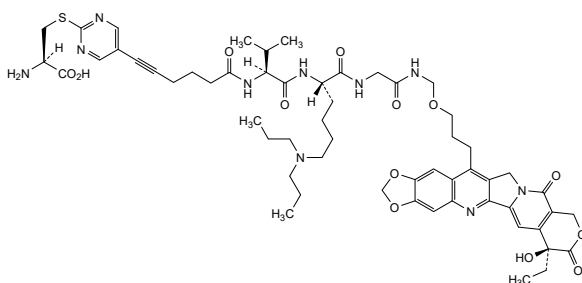
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados

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, 214', 223", 229", 232" and 214''')

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

zorpocabtagenum autoleucelum #

zorpocabtagene autoleucel

autologous T lymphocytes derived from peripheral blood cells transduced with a self-inactivating, non-replicating lentivirus vector encoding a chimeric antigen receptor (CAR) targeting CD19 comprising a leader sequence from granulocyte-macrophage colony-stimulating factor (GM-CSF) receptor subunit alpha, an anti-CD19 single chain variable fragment (scFv) derived from antibody FMC63, a CD8 hinge region, a tumour necrosis factor receptor superfamily member 19 (TNFRSF19) transmembrane domain (TM), a 4-1BB intracellular co-stimulatory domain and a CD3 ζ signalling domain, under control of the elongation factor 1 alpha (EF-1 α) promoter. The vector genome is flanked by 5' and 3' long terminal repeats (LTRs) and also contains a viral packaging signal (Ψ), a truncated *gag* sequence, a Rev response element (RRE), a central polypurine tract/central termination sequence, and a unique synthetic qPCR ID tag sequence. The vector is pseudotyped with vesicular stomatitis virus envelope glycoprotein G (VSV G). The peripheral blood mononuclear cells (PBMC) are enriched for CD4+ and CD8+ T lymphocytes by immunoselection and activated with CD3 and CD28 agonists. The cells are then transduced with the lentiviral vector and expanded in growth media containing human AB serum, interleukin 7 (IL-7) and interleukin 15 (IL-15). The T lymphocytes ($\geq 80.0\%$) are positive for the transgene ($\geq 10\%$ CAR+), and after co-incubation with CD19+ target cells demonstrate cytotoxicity and pro-inflammatory cytokine secretion

cell-based gene therapy (antineoplastic)

zorpocabtagène autoleucel

lymphocytes T autologues dérivés de cellules sanguines périphériques transduites avec un vecteur lentiviral auto-inactif et non répliquatif codant un récepteur d'antigène chimérique (RAC) ciblant CD19 comprenant une séquence de tête de la sous-unité alpha du récepteur du facteur de stimulation des colonies de granulocytes et de macrophages (GM-CSF), un fragment variable à chaîne unique anti-CD19 (scFv) dérivé de l'anticorps FMC63, une région charnière CD8, un domaine transmembranaire (TM) du membre 19 de la superfamille du récepteur du facteur de nécrose tumorale (TNFRSF19), un domaine de co-stimulation intracellulaire 4-1BB et un domaine de signalisation CD3 ζ , sous le contrôle du promoteur du facteur d'élongation 1 alpha (EF-1 α). Le génome du vecteur est flanqué de répétitions terminales (LTR) de 5' et 3' et contient également un signal d'empaquetage viral (Ψ), une séquence *gag* tronquée, un élément de réponse Rev (RRE), une séquence de terminaison centrale et une séquence d'identification synthétique qPCR unique. Le vecteur est pseudotypé avec la glycoprotéine G d'enveloppe du virus de la stomatite vésiculaire (VSV).

Les cellules mononucléaires du sang périphérique (CMSP) sont enrichies en lymphocytes T CD4+ et CD8+ par immunosélection et activées par des

	agonistes CD3 et CD28. Les cellules sont ensuite transduites par le vecteur lentiviral et multipliées dans un milieu de croissance contenant du sérum humain AB, de l'interleukine 7 (IL-7) et de l'interleukine 15 (IL-15). Les lymphocytes T ($\geq 80\%$) sont positifs pour le transgène ($\geq 10\%$ RAC+) et, après co-incubation avec des cellules cibles CD19+, présentent une cytotoxicité et une sécrétion de cytokines pro-inflammatoires <i>thérapie génique à base de cellules (antineoplasique)</i>
zoropocabtagén autoleucel	linfocitos T autólogos derivados de células de sangre periférica, transducidos con un vector lentiviral auto inactivante, no replicativo, que codifica un receptor de antígenos quimérico (CAR) dirigido a CD19 que consta de una secuencia líder de la subunidad alfa del receptor del factor estimulador de colonias granulocito-macrófagos (GM-CSF), un fragmento variable de cadena sencilla (scFv) anti-CD19 derivado del anticuerpo FMC63, una región bisagra de CD8, un dominio transmembrana (TM) del miembro 19 de la superfamilia del receptor del factor de necrosis tumoral (TNFRSF19), un dominio coestimulador intracelular de 4-1BB y un dominio de señalización de CD3ζ, bajo el control del promotor del factor de elongación 1 alfa (EF-1a). El genoma del vector está flanqueado por repeticiones terminales largas (LTRs) en 5' y 3' y también contiene una señal de empaquetamiento viral (ψ), una secuencia <i>gag</i> truncada, un elemento de respuesta Rev (RRE), una secuencia de tracto de polipurina/secuencia de terminación central y una secuencia única sintética qPCR ID tag. El vector está pseudotipado con la glicoproteína G del virus de la estomatitis vesicular (VSV). Las células mononucleares de sangre periférica (PBMC) se enriquecen para linfocitos T CD4+ y CD8+ por inmunoselección y se activan con agonistas de CD3 y CD28. Las células se transducen después con el vector lentiviral y se expanden en medio de crecimiento que contiene suero AB humano, interleuquina 7 (IL-7) e interleuquina 15 (IL-15). Los linfocitos T ($\geq 80\%$) son positivos para el transgén ($\geq 10\%$ CAR+), y tras la coincubación con células diana CD19+ muestran citotoxicidad y secreción de citoquinas inflamatorias <i>terapia génica basada en células (antineoplásico)</i>

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 134 –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 134 of Proposed INN not later than 29 May 2026**.

Publication date: 30/01/2026

Dénominations communes internationales proposées: Liste 134 - 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 134 de DCI Proposées le 29 mai 2026 au plus tard. Date de publication : 30/01/2026**

Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas: Lista 134 - 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 134 de DCI Propuestas el 29 de Mayo de 2026 a más tardar**.

Fecha de publicación: 30/01/2026

<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>

meracovateinum #

meracovatein

severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2), omicron lineage LP.8.1 (GISAID EPI_ISL_19467828) spike (S) glycoprotein receptor binding domain (RBD) fragment (302-519, 1-218 in the current sequence), variant (K⁵¹⁹>G²¹⁸) fused to severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2), omicron lineage LP.8.1 spike (S) glycoprotein receptor binding domain (RBD) fragment (302-519, 219-436 in the current sequence), single chain homodimer, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
immunological agent for active immunization (anti-SARS-CoV-2)

méracovatéine

fragment du domaine de liaison au récepteur (RBD) de la glycoprotéine du spicule (S) du coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS-CoV-2), lignée omicron LP.8.1 (GISAID EPI_ISL_19467828) (302-519, 1-218 dans la séquence en cours), variant (K⁵¹⁹>G²¹⁸), fusionné au fragment du domaine de liaison au récepteur de la glycoprotéine du spicule (S) du coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS-CoV-2), lignée omicron LP.8.1 (302-519, 219-436 dans la séquence en cours), homodimère

monocaténaire, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1 glycoforme alfa
agent immunologique pour immunisation active (anti-SRAS-CoV-2)

meracovateína

fragmento del dominio de unión al receptor (RBD) de la glicoproteína de espícula (S) del coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo (SRAS-CoV-2), linaje ómicron LP.8.1 (GISAID EPI_ISL_19467828) (302-519, 1-218 en la secuencia actual), variante (K⁵¹⁹>G²¹⁸), fusionado al fragmento del dominio de unión al receptor (RBD) de la glicoproteína de espícula (S) del coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo (SRAS-CoV-2), linaje ómicron LP.8.1 (302-519, 219-436 en la secuencia actual), homodímero de cadena única, producido en células ováricas de hámster Chino (CHO), línea celular CHO-K1, glicofoma alfa
agente inmunológico para inmunización activa (anti-SRAS-CoV-2)

3085511-75-4

Sequence / Séquence / Secuencia

RVQPTESIVR	FPNVTNLCPF	HEVFNATTFA	SVYAWNRTRI	SNCVADYSVL	50
YNFAFFFAFK	CYGVSPTKLN	DLCFTNVYAD	SFVIKNEVS	QIAPGQTGNI	100
ADYNYKLPDD	FTGCVIAWNS	NKLDSEKRSN	YDYWYRSLRK	SKLKPFFERDI	150
STEIYQAGNK	PCKGKGPNFY	FPLESYGFRP	TYGVGHQPYR	VVLSFELLH	200
APATVCGPKK	STNLVKNGRV	QPTESIVRFP	NVTNLCPFHE	VFNATTFASV	250
YAWNRTTRISN	CVADYSVLYN	FAPFFAFKCY	GVSPTKLNDL	CFTNVYADSF	300
VIKNEVSQI	APGQTGNIAD	YNYKLDDFT	GCVIAWNSNK	LDSKRSNGYD	350
YWYRSLRKS	LKPFERDIST	EIYQAGNKPC	KGKGPNCYFP	LESYGFRPTY	400
GVGHQPYRVV	VLSFELLHAP	ATVCGPKKST	NLVKNK		436

Mutation / Mutation / Mutación

K⁵¹⁹>G²¹⁸

Post-translational modifications

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

Intra-chain: 18-43, 61-114, 73-206, 162-169, 236-261, 279-332, 291-424, 380-387

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

N13, N25, N36; N231, N243, N254

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

T5, T223

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

K436

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^M).

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).

deuderuxtecanum

deuderuxtecan (3*RS*)-1-[(10*S*)-10-benzyl-1-[[[(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]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

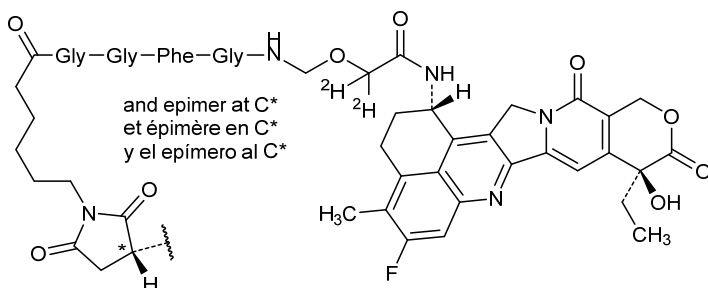
deudéruxtécán

(3*RS*)-1-[(10*S*)-10-benzyl-1-[[[(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]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

deuderuxtecán

(3*RS*)-1-[(10*S*)-10-bencil-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(2,2-²H₂)-3-oxa-5,8,11,14,17-pentaazatricosan-23-il]-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo

C₅₂H₅₅²H₂FN₉O₁₃

**videtecanum**

videtecan

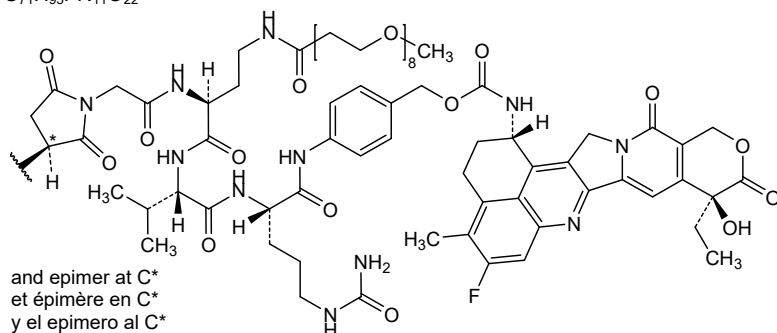
(3*RS*)-1-[(3*OS*)-30-[[[(2*S*)-1-[[[(2*S*)-5-(carbamoylamino)-1-{4-[[[(1*S*,9*S*)-9-ethyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-methyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1*H*,12*H*-benzo[*de*]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolin-1-yl]carbamoyl]oxy)methyl]anilino]-1-oxopentan-2-yl]amino]-3-methyl-1-oxobutan-2-yl]carbamoyl]-26,32-dioxo-2,5,8,11,14,17,20,23-octaoxa-27,31-diazatritriacontan-33-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl

vidétécan

(3*RS*)-1-[(3*OS*)-30-[[[(2*S*)-1-[[[(2*S*)-5-(carbamoylamino)-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*]quinoléin-1-yl]carbamoyl]oxy)méthyl]anilino]-1-oxopentan-2-yl]amino]-3-méthyl-1-oxobutan-2-yl]carbamoyl]-26,32-dioxo-2,5,8,11,14,17,20,23-octaoxa-27,31-diazatritriacontan-33-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle

videtecán

(3*RS*)-1-[(3*OS*)-30-[[[(2*S*)-1-[[[(2*S*)-5-(carbamoylamino)-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*]quinolein-1-il]carbamoyl]oxi)metil]anilino]-1-oxopentan-2-il]amino]-3-metil-1-oxobutan-2-il]carbamoyl]-26,32-dioxo-2,5,8,11,14,17,20,23-octaoxa-27,31-diazatritriacontan-33-il]-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo

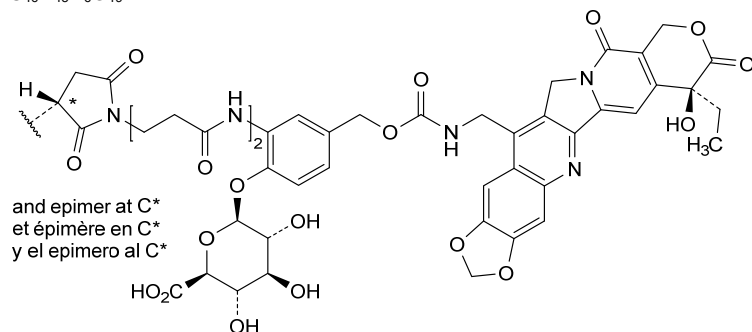
C₇₁H₉₅FN₁₁O₂₂**sonditecanum**

sonditecan

(3*RS*)-1-[3-[[3-[5-[[[(7*S*)-7-ethyl-7-hydroxy-8,11-dioxo-7,8,11,13-tetrahydro-2*H*,10*H*-[1,3]dioxolo[4,5-*g*]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolin-14-yl]methyl]carbamoyl]oxy)methyl]-2-(β-D-glucopyranuronosyloxy)anilino]-3-oxopropyl]amino)-3-oxopropyl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl

sonditécan

(3*RS*)-1-[3-[[3-[5-[[[(7*S*)-7-éthyl-7-hydroxy-8,11-dioxo-7,8,11,13-tétrahydro-2*H*,10*H*-[1,3]dioxolo[4,5-*g*]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolin-14-yl]méthyl]carbamoyl]oxy)méthyl]-2-(β-D-glucopyranuronosyloxy)anilino]-3-oxopropyl]amino)-3-oxopropyl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle

$$\text{C}_{46}\text{H}_{45}\text{N}_6\text{O}_{19}$$


AMENDMENTS TO PREVIOUS LISTS
MODIFICATIONS APPORTÉES AUX LISTES ANTÉRIEURES
MODIFICACIONES A LAS LISTAS ANTERIORES

Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 80
Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 80
Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 80
(WHO Drug Information, Vol. 12, No. 4, 1998)

p. 292 **nacolomabum tafenatoxum #**
nacolomab tafenatox *insert the following sequence*
nacolomab tafénatox *insérer la séquence suivante*
nacolomab tafenatox *insertese la siguiente secuencia*

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada		
QVQLVQSGPE	LKKPGETVKI	SCKASDYTFT YYGMNWVKQA PGKGLKWMGW 50
IDTTTGEPTY	AEDFKGRIAF	SLETSASTAY LQIKNLKNEP TATYFCARRG 100
PYNWYFDVWG	AGTTVTVSSA	KTPPSVYPL APGSAQTNS MVTLGCLVKG 150
YFPEPVTW	NSGSLSSGVH	TFFPAVLQSDL YTLSSSVTVP SSTWPSSETV 200
CNVAHPASST	KVDKKIVPRD	CGGPSEKSEE INEKDLRKKK ELQGTALGNL 250
KQIYYNEKA	KTENKESHQ	FLQHTILFKG FFTDHSWYND LLVDFDSKDI 300
VDKYKGGKVD	LYGAYGYQC	AGGTPNKAC MYGGVTLHDN NRLTEEEKVP 350
INLWLDGKQN	TVPLETVKTN	KKNVTVQELD LQARRYLQEK YNLYNSDVFD 400
GKVQRGLIVF	HTSTEPSVNY	DLFGAQQQYS NTLRLIYRDN KTINSENMMHI 450
DIYLYTS		457
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera		
DIVMTQAAPS	VPVTPGESVS	ISCRSSSKSL HSNNGTYLYW FLQRPQGSPQ 50
LLIYRMSNLV	SGVPDRFSGS	GSSTAFTRLI SRVEAEDVGV YYCLQHLEYF 100
FTFGAGTKLE	LKRADAAPT	V SIFPPSSEQL TSGGASVVCF LNNFYPKDIN 150
VWKIKDGSER	QNGVLNSWTD	QDSKDSYSTS SSSLTLTKDE YERHNSYTCE 200
ATHKTSSTSPI	VKSFNRNEC	219

Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 86
Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 86
Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 86
(WHO Drug Information, Vol. 16, No. 1, 2002)

p.61 **anatumomabum mafenatoxum #**
anatumomab mafenatox *insert the following sequence*
anatumomab mafénatox *insérer la séquence suivante*
anatumomab mafenatox *insertese la siguiente secuencia*

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada		
EVQLQQSGPD	LVKPGASVKI	SCKASGYSFT GYYMHWVKQS HGKSLEWIGR 50
INPNNGVTLY	NQKFKDKAIL	TVDKSSTTAY MELRSLTSED SAVYYCARST 100
MITNYVMDYW	GQVTSVTVSS	AKTTPPSVYP LAPGSAQTN SMVTLGCLVK 150
GYFPEPVTW	WNSGSLSSGV	HTFPAVLQSD LYTLSSSVTV PSSTWPSSETV 200
TCNVAHPASS	TKVDKKIVPR	DSGGPSEKSE EINEKDLRKK SELQGTALGN 250
LKQIYYNEK	AKTENKESHQ	QFLQHTILFK GFFTDSWYND LLVDFDSKDI 300
IVDKYKGGKV	DLYGAYGYQ	CAGGTPNKTA CMYGGVTLHD NNRLTEEEKV 350
PINLWLDGKQ	NTVPLETVKT	NKKNVTVQEL DLQARRYLQE KYNLYNSDVFD 400
DGKVQRGLIV	FHTSTEPSVN	YDLFGAQQGY SNTLLRIYRD NKTINSENMMH 450
IAIYLYTS		458
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera		
SIVMTQTPTS	LLVSAGDRVT	ITCKASQSVS NDVAWYQKQP GQSPKLLISY 50
TSSRYAGVPD	RFGSGSGGTD	FTLTISSVQA EDLAVYFCQQ DYNSPPTFGG 100
GTKLEIKRAD	AAPTVSIFPP	SSEQLTSGGA SVVCFLNIFY PKDINVKWKI 150
DGSEKQNGVL	NSWTDQDSKD	STYSMSSTLT LTKDEYERHN SYTCEATHKT 200
STSPIVKSFN	RNES	214

Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 83
Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 83
Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 83
(WHO Drug Information, Vol. 14, No. 2, 2000)

p.117 **gemtuzumab #**
gemtuzumab *insert the following sequence*
gemtuzumab *insérer la séquence suivante*
gemtuzumab *insertese la siguiente secuencia*

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
EVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGYTIT DSNIHWVRQA PGQSLEWIGY 50
IYPYNGGTDY NQKFKNRATL TVDNPTNTAY MELSSLRSED TAFYYCVNGN 100
PWLAYWGQGT LVTVSSASTK GPSVFPLAPC SRSTSESTAA LGCLVKDYFP 150
EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP AVLQSSGLYS LSSVVTVPSS SLGTKTYTCN 200
VDHKPSNTKV DKRVESKYGP PCPPCPAPEF LGGPSVFLEFP PKPKDTLMIS 250
RTPEVTCVVV DVSQEDPEVQ FNNWYVDGVEV HNAKTKPREE QFNSTYRVVS 300
VLTVLHQDWL NGKEYKCKVS NKGLPSSIEK TISKAKGQPR EPQVYTLPPS 350
QEEMTKNQVS LTCLVKGFYP SDIAVEWESN GQPENNYKTT PPVLDSDGSF 400
FLYSRLTVDK SRWQEGNVFS CSVMEALHN HYTQKSLSLG LGK 443

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIQLTQSPST LSASVGDRTV ITCRASESLD NYGIRFLTWF QQKPGKAPKL 50
LMYAAASNQGS GVPSRFSGSG SGTEFTLTIS SLQPDFFATY YCQQTKEVPW 100
SFGQGTKVEV KRTVAAPSVF IFPPSDEQLK SGTASVVCLL NNFYPREAKV 150
QWKVDNALQS GNSQESVTEQ DSKDSTYSLT STLTLKADY EKHKYVACEV 200
THQGLSPVST KSFNRGEC 218

Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 87
Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 87
Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 87
(WHO Drug Information, Vol. 16, No. 2, 2002)

p.160 **apolizumab #**
apolizumab *insert the following sequence*
apolizumab *insérer la séquence suivante*
apolizumab *insertese la siguiente secuencia*

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QVQLQESGPG LVKPSSETLSL TCTVSGFSLT NYGVHWVRQS PGKGLEWIGV 50
KWSGGSTEYN AAFISRLTIS KDTSKNQVSL KLSLTAADT AVYYCARNDR 100
YAMDYWGQGT LVTVSSASTK GPSVFPLAPS SKSTSGGTAA LGCLVKDYFP 150
EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP AVLQSSGLYS LSSVVTVPSS SLGTQTYICN 200
VNHKPSNTKV DKKVEPKSCD KTHTCPPCPA PELLGGPSVF LFPPKPKDTL 250
MISRTPVETC VVVDVSHEDP EVKFNWYVDG VEVHNAKTKP REEQYNSTYR 300
VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC KVSNKALPAP IEKTISKAKG QPREPQVYTL 350
PPSRDELTKN QVSLTCLVKG FYPSDIAVEW ESNQGPENNY KTPPPVLDSD 400
GSFFLYSKLT VDKSRWQQGN VFSCSVMHEA LHNHYTQKSL SLSPGK 446

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIQMTQSPSS LSASVGDRTV ITCRASENIY SYLAWYQQKP GKAPKLLVSN 50
AKTLAEGVPS RFSGSGSGKQ FTLTISSLQP EDFATYYCQH HYGNISYPFGQ 100
GTKLEIKRTV AAPSVFIIPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYEHK VYACEVTHQG 200
LSPVTKSFN RGEC 214

p.169 **fontolizumab #**
fontolizumab *insert the following sequence*
fontolizumab *insérer la séquence suivante*
fontolizumab *insertese la siguiente secuencia*

p.179 **pascolizumabum #**
pascolizumab
pascolizumab
pascolizumab

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QVQLVQSGAE LKKPGSSVKV SCKASGYIFT SSWINWVKQA PGQGLEWIGR 50
IDPSDGEVHY NQDFKDKATL TVDKSTNTAY MELSSLASED TAVYYCARGF 100
LFWFADWGQG TLTVVSSAST KGPSVFPLAP SSKSTSGGTA ALGCLVKDYF 150
PEPVTVSWNS GALTSGVHTF PAVLQSSGLY SLSSVVTGPS SSLGTQTYIC 200
NNNHKPSNTK VDKKVEPKSC DKTHTCPPCP APELLGGPSV FLFPPKPKDT 250
LMISRTPEVT CVVVDVSHED PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYNSTY 300
RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKALPA PIEKTISKAK GQPREPQVYT 350
LPSPRDELTK NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTTTTPVLDS 400
DGSFFLYSKL TVDKSRWQQG NVFSCSVMHE ALHNHYTQKS LSLSPGK 447

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIQMTQSPST LSASVGDRVT ITCKASENVD TYVSWYQQKP GKAPKLLIYG 50
ASNRVTGPS RFGSGSGSD FTLTISSLQP DDFATYYCGQ SYNYPFTFGQ 100
GTKVEVKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEC 214

insert the following sequence
insérer la séquence suivante
insertese la siguiente secuencia

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QVTLRESGPA LVKPTQTLTL TCTFSGFSLT TSGMGVSWIR QPPGKGLEWL 50
AHIWDDDKR YNPSLKSRLT ISKDTSRNQV VLTMTNMDPV DTATYYCARR 100
ETVYFYWYFDV WGRGTPVTVS SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV 150
KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS SGLYSLSSVV TTPSSSLGTQ 200
TYICNVNHKP SNTKVDKRV PEKSCDKTHTC PPCPAPELLG GPSVFLFPFK 250
PKDITLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKGQPREP 350
QVYTLPPSR EMTKNQVSLT CLVKGFYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTTTP 400
VLDSGGSFFL YSKLTVDKSR WQQGNVFSCS VMHEALHNHY TQKSLSLSPG 450
K 451

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIVLTQSPSS LSASVGDRVT ITCKASQSDV YDGSYMNWY QQKPGKAPKL 50
LIYASNLLES GIPSRFSGSG SGTDFTTTIS SLQPEDIATY YCQSQSNEDPP 100
TFGQGTKVEI KRTVAAPSVF IFPPSDEQLK SGTASVVCLL NNFYPREAKV 150
QWKVDNALQS GNSQESVTEQ DSKDSTYSLS STLTLKADY EKHKVYACEV 200
THQGLSSPVT KSFNRGEC 218

p.186 **teneliximabum #**
teneliximab
ténéliximab
teneliximab

insert the following sequence
insérer la séquence suivante
insertese la siguiente secuencia

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QIQLVQSGPE LKKPGETVRI SCKASGYAFT TTGMQWVQEM PGKGLKWIGW 50
INTHSGVPKY VEDFKGRFAF SLETSANTAY LQISNLKNE D TATYFCVRSG 100
NGNYDLAYFA YWQGGLTVTV SAASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL 150
VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ SSGLYSLSSV VTPSSSLGT 200
QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSCDKTHT CPPCPAPELL GGPSVFLFPF 250
KPKDTLMISR TPEVTCVVVD VSHEDPEVKF NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ 300
YNSTYRVVSV LTVLHQDWLN GKEYKCKVSN KALPAPIEKI ISKAKGQPRE 350
PQVYTLPPSR DELTKNQVSL TCLVKGFYPS DIAVEWESNG QPENNYKTTTP 400
PVLDSGGSFF LYSKLTVDKS RWQQGNVFSC SVMHEALHNH YTQKSLSLSP 450
GK 452

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIVLTQSPAT LSVTPGDRVS LSCRASQSI DYLHWYQQKS HESPRLLIKY 50
ASHSISGIPS RFGSGSGSD FTLINSNSVEP EDVGIYYCQH GHSFPWTFGG 100
GTKLEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEC 214

Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 88
Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 88
Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 88
(WHO Drug Information, Vol. 17, No. 1, 2003)

p.59 **matuzumabum #**
matuzumab
matuzumab
matuzumab

insert the following sequence
insérer la séquence suivante
insertese la siguiente secuencia

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCASGYTFT SHMHWVRQA PGQGLEWIGE 50
FNPNGRTNY NEKFKSKATM TVDTSNTAY MELSSLRSED TAVYYCASRD 100
YDYDGRYFDY WGGQGLTVTVS SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV 150
KDYFFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ 200
TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSCDKTHTC PPCPAPELLG GPSVFLFPPK 250
PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKGQPREP 350
QVYTLPPSRD ELTKNQVSLT CLVKGFPYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTTTP 400
VLDSDGSFFL YSKLTVDKSR WQQGNVFSCS VMHEALHNHY TQKSLSLSPG 450
K 451

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIQMTQSPSS LSASVGDRVT ITCASASSVT YMYWYQQKPG KAPKLLIYDT 50
SNLASGVPSR FSGSGSGTDY TFISSLQPE DIATYYCQQW SSHITFGQG 100
TKVETIKRTVA APSVFIFPPS DEQLKSGTAS VVCLLNNFYP REAKVQWKVD 150
NALQSGNSQE SVTEQDSKDS TYSLSSTLT SKADYEKKHV YACEVTHQGL 200
SSPVTKSFNR GEC 213

Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 89

Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 89

Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 89

(WHO Drug Information, Vol. 17, No. 3, 2003)

p.201 **galiximabum #**
galiximab
galiximab
galiximab

insert the following sequence
insérer la séquence suivante
insertese la siguiente secuencia

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QVQLQESGPG LVKPSSETLSL TCASVSGGIS GYGWGWIRQ PPGKGLEWIG 50
FYSSSSGNTY YNPSLKSQVT ISTDTSKNQF SLKLNMTAA DTAVYYCVRD 100
RLFVVGVMVY NNWFDVWGPV VLVTVSSAST KGPSVFPLAP SSKSTSGGTA 150
ALGCLVKDYF PEPVTVSWNS GALTSGVHTF PAVLQSSGLY SLSSVVTVPS 200
SSLGTQTYIC NVNHKPSNTK VDKKAEPKSC DKHTCPCPCP APELLGGPSV 250
FLFPPKPKDT LMISRTPEVT CVVVDVSHED PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK 300
PREEQYNSTY RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKALPA PIEKTIKAK 350
GQPREPQVYT LPPSRDELTK NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN 400
YKTTTPVLDS DGSFFLYSKL TVDKSRWQQG NVFSCSVME ALHNHYTQKS 450
LSLSPGK 457

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
ESALTQPPSV SGAPGQKVTI SCTGSTSNIG GYDLHWYQQL PGTA PKLLIY 50
DINKRPSGIS DRFSGSKSGT AASLAITGLQ TEDEADYYCQ SYDSSLNAQV 100
FGGGTRLTVL GQPKAAPTVT LFPPSSEELQ ANKATLVCLI SDFYPGAVTV 150
AWKADSSPVK AGVETTTPSK QSNKNYAASS YLSLTPEQWK SHRSYSQVPT 200
HEGSTVEKTV APTECS 216

p.209 **pritumumabum #**
pritumumab
pritumumab
pritumumab

insert the following sequence
insérer la séquence suivante
insertese la siguiente secuencia

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
EVQLLESGGD LVQPGGSLRL SCAASGFTFS NYAMSWVRQA PGKGLEWVSA 50
ITPSSGGSNTY ADSVKGRFTI SRDNSQNTLY LQMNSLRVED TAVYICGRVP 100
YRSTWYPLYW GQGLTVTVSS ASTKGPSVF LAPSSKSTSG GTAALGCLVK 150
DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT 200
YICNVNHKPS NTKVDKKVEP KSCDKTHTCP PCPAPELLGG PSVFLFPPKP 250
KDTLMISRTPEVTCVVVDV HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN 300
STYRVVSVLT VLVHQDWLNGK EYCKVSNKA LPAPIEKTIIS KAKGQPREPQ 350
VYTLPPSRDE LTKNQVSLTC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV 400
LDSGGSFFLY SKLTVDKSRW QQGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPGK 450

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIQMTQSPSS LSASVGDRVT ITCRASQDIS NYLAWFQQKP GKAPKSLIYA 50
ASSLHVKVPT QFSGSGSGTD FTLTISSLQP EDFATYYCLO YSTYPTITFG 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIIPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEK 214

Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 90
Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 90
Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 90
(WHO Drug Information, Vol. 18, No. 1, 2004)

p.46 **adecatumumabum #**
adecatumumab *insert the following sequence*
adécatumumab *insérer la séquence suivante*
adecatumumab *insertese la siguiente secuencia*

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
EVQLLESGGG VVQPGRSLRL SCAASGFTFS SYGMHWVRQA PGKGLEWVAV 50
ISYDGSNKYY ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCAKDM 100
GWGSGWRPYY YYGMDVWQGG TTVTVSSAST KGPSVFPLAP SSKSTSGGTA 150
ALGCLVKDYF PEPVTVSWNS GALTSGVHTF PAVLQSSGLY SLSSVTVTPS 200
SSLGTQTYIC NVNHKPSNTK VDKKVEPKSC DKHTTCPPCP APELLGGPSV 250
FLFPPKPKDT LMISRTPEVT CVVVDVSHED PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK 300
PREEQYNSTY RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKALPA PIEKTISKAK 350
GQPREPQVYT LPPSRDELTK NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN 400
YKTTTPVLDS DGSFFLYSKL TVDKSRWQQG NVFSCSVMHE ALHNHYTQKS 450
LSLSPGK 457

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
ELQMTQSPSS LSASVGDRTV ITCRTSQSIS SYLNWYQQKP GQPPKLLIYW 50
ASTRESGVPD RFGSGSGGTD FTLTISSLQP EDSATYYCQQ SYDIPYTFGQ 100
GTKLEIKRTV AAPSVEIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150
DNAIQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSNR RGEC 214

Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 92
Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 92
Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 92
(WHO Drug Information, Vol. 18, No. 4, 2004)

p.339- **inotuzumabum ozogamicinum #**
340 inotuzumab ozogamicin *insert the following sequence*
inotuzumab ozogamicine *insérer la séquence suivante*
inotuzumab ozogamicina *insertese la siguiente secuencia*

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QLVQSGAEVK KPGASVKVSC KASGYRFTNY WIHWVRQAPG QGLEWIGGIN 50
PGNNYATYRR KFGQGRVTMTA DTSTSTVYME LSSLRSEDTA VYYCTREGYG 100
NYGAWFAYWG QGTLVTVSSA STKGPSVFPL APCSRSTSES TAALGCLVKD 150
YFPEPVTWSW NSGALTSGVH TFPAPVLQSSG LYSLSVVTVV PSSSLGTRKY 200
TCNVDHKPSN TKVDKRVESK YGPPCPPCPA PEFLGGPSVF LFPPKPKDIT 250
MISRTPEVTC VVVDVSDQEDP EVQFNWYVDG VEVHNAKTKP REEQFNSTYR 300
VVSVLTVLHQ DWLNGKEYK KVSNGKLPSS IEKTISKAKG QPREPQVYTL 350
PPSQEEMTKN QVSLTCLVKG FYPSDIAVEW ESNQGPENNY KTTTPVLDS 400
GSFFLYSRLT VDKSRWQEGN VFSCSVMHEA LHNHYTQKSL SLSLGK 446

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DVQVTQSPSS LSASVGDRTV ITCRSSQSLA NSYGNTFLSW YLHKPGKAPQ 50
LLIYGISNRF SGVPDRFSGS GSGTDFTLTI SSLQPEDFAT YYCLQGT HQP 100
YTFGGQTKVE IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVVCL LNNFYPREAK 150
VQWVKVDNALQ SGNQSQESVTE QDSKDSTYSL SSTLTLSKAD YEKHKVYACE 200
VTHQGLSSPV TKSFNRGEC 219

p.346 **raxibacumabum #**
raxibacumab *insert the following sequence*
raxibacumab *insérer la séquence suivante*
raxibacumab *insertese la siguiente secuencia*

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS SYAMSWVRQA PGKGLEWVSA 50
ISGGGGSTYY ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARQI 100
WGRFEYWGRG TTVTVSSAST KGPSVFPLAP SSKSTSGGTA ALGCLVKDYF 150
PEPFTVSWNS GALTSGVHTF PAVLQSSGLY SLSSVVTGPS SSGLTQTYIC 200
NNVNHKPSNT VDKRVEPKSC DKHTCPCPCP APELLGGPSV FLFPPKPKDT 250
LMISRTPEVT CVVVDVSHED PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYNSTY 300
RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKALPA PIEKTISKAK GQPREPQVYT 350
LPPSREEMTK NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTTTPVLDS 400
DGSFFLYSKL TVDKSRWQQG NVFSCSVMEH ALHNHYTQKS LSLSPGK 447

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
QSVLTQPPSA SGTPGQRVTI SCSGSSSNIG SNTVNWYQQL PGTAPKLLIY 50
SNNQRPSGVP DRFSGSKSGT SASLAISGLQ SEDEADYYCA AWDDSLNGVV 100
FGGGTKLTVL GQPKAAPSVT LFPPSSEELQ ANKATLVCLI SDFYPGAVTV 150
AWKADSSPVK AGVETTPPSK QSNNKYAASS YLSLTPEQWK SHRSYSCQVT 200
HEGSTVEKTV APTECS 216

p.350 **tefibazumabum #**
tefibazumab
téfibazumab
tefibazumab

insert the following sequence
insérer la séquence suivante
insertese la siguiente secuencia

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QVQKESGPG LVKPSQTLIS TCTISGFSLR RYSVHWVRQP PGKGLEWLGM 50
IWGGGNTDYN SALKSRLSIS KDNSKNQVFL KMNSLTAADT AVYYCARKGE 100
FYGYDGEVY WGQGLTVTVS S 221

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIVMTQSPDS LAVSLGERVT MNCKSSQSVL YSSNQKNYLA WYQKPGQSP 50
KLLIYWASTR ESGVPDRFSG SSGTDFTLT ISSVQAEDLA VYYCHQYLS 100
YTFGGGKLE IK 112

Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 93
Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 93
Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 93
(WHO Drug Information, Vol. 19, No. 2, 2005)

p.165 **bapineuzumabum #**
bapineuzumab
bapineuzumab
bapineuzumab

insert the following sequence
insérer la séquence suivante
insertese la siguiente secuencia

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS NYGMSWVRQA PGKGLEWVAS 50
IRSGGGRTYY SDNVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCVRYD 100
HYSGSSDYWG QGTLVTVSSA STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFPVLQSSG LYSLSVVTVP PSSSLGTQTY 200
ICNVNHKPSN TKVDKKVEPK SCDKTHTCP CPAPPELLGGP SVFLFPPKPK 250
DTLMISRTPE VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
YTLPPSREEM TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL 400
DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DVVMTQSPLS LPVTPGEPAS ISCKSSQSLL DSDGKTYLNW LLQKPGQSPQ 50
RLIYLVSKLD SGVPDRFSGS GSGTDFTLKI SRVEAEDVG YVCWQGTTHP 100
RTFGQGTQVE IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVCL LNNFYPREAK 150
VQWKVDNALQ SGNSQESVTE QDSKDYSTSL SSTLTLSKAD YEKHKVYACE 200
VTHQGLSSPV TKSFNRGEC 219

p.173 **mapatumumabum #**
mapatumumab
mapatumumab
mapatumumab

insert the following sequence
insérer la séquence suivante
insertese la siguiente secuencia

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada					
EVQLVQSGAE	VKMPGASVKL	SCRVSGDTFT	AYFIHWVRQA	PGQGLEWMGW	50
FNPISGTAGS	AEKFRGRVAM	TRDTSISTAY	MELNRLTFDD	TAVYYCARQH	100
RGNTFDPWGQ	GTLVTVSSAS	TKGPSVFPLA	PSSKSTSGGT	AALGCLVKDY	150
FPFEPVTVSWN	SGALTSGVHT	FPAVLQSSGL	YSLSSVTVTP	SSSLGTQTYI	200
CNVNHPKPSNT	KVDRKRVPEKS	CDKTHTCFPC	PAPELLGGPS	VFLFPPKPKD	250
TLMISRTPEV	TCVVVDVSHE	DPEVKFNWYV	DGVEVHNNAKT	KPREEQYNST	300
YRVVSVLTVL	HQDWLNGKEY	KCKVSNKALP	APIEKTISKA	KGQPREPQVY	350
TLPPSRREMT	KNQVSLTCLV	KGFYPSDIAV	EWESNGQPEN	NYKTTPEVLD	400
SDGSFFLYSK	LTVDKSRWQQ	GNVFSCSVMH	EALHNHYTQK	SLSLSPGK	448
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera					
QSALTQPASV	SGSPGQSITI	SGTGTSSDIG	AYKYVSWYQQ	HPGKAPKLI	50
YEVNSRPSGV	SSRFSGSKSG	QTASLTISGL	QADDEADYYC	NSYQGYNTWV	100
FGGGTKVTVL	GQPKAAPSVT	LFPSPSEELQ	ANKATLVCLI	SDFYPGAVTV	150
AWKADSSPVK	AGVETTTPSK	QSNNKYAASS	YLSLTPEQWK	SHRSYSQVTV	200
HEGSTVEKTV	APTECS				216

p.175 **pagibaximabum #**
pagibaximab
pagibaximab
pagibaximab

insert the following sequence
insérer la séquence suivante
insertese la siguiente secuencia

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada					
EVMLVESGGG	LVQPKGSLKL	SCAASGFTFN	NYAMNWVRQA	PGKGLEWVAR	50
IRSKSNNYAT	FYADSVKDRF	TISRDDSQSM	LYLQMNNLKT	EDTAMYICVR	100
RGASGIDYAM	DYWGQGTSLT	VSSEFASTKG	PSVFPLAPSS	KSTSGGTAAL	150
GCLVKDYFPE	PVTVSWNSGA	LTSGVHTFPA	VLQSSGLYSL	SSVTVTPSSS	200
LGTQTYICNV	NHKPSNTKVD	KKVEPKSCDK	THTCPPCPAP	ELLGGPSVFL	250
FPFKPKDTLM	ISRTPVETCV	VVDVSHEDPE	VKFNWYVDGV	EVHNAKTKPR	300
EEQYNSTYRV	VSVTLVLHQD	WLNGKEYKCK	VSNKALPAPI	EKTISKAKGQ	350
PREPQVYTL	PSRDELTKNQ	VSLTCLVKGK	YPSDIAVEWE	SNGQENNYK	400
TTTPVLDSDG	SFFLYSKLTV	DKSRWQQGNV	FSCSVMHREAL	HNHYTQKSL	450
LSPGK					455
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera					
DIVLSQSPAI	LSASPGKEVT	MTCRASSSVN	YMHWYQQKPG	SSPKPWISAT	50
SNLASGVPAR	FSGSGSGTYS	SLTISRVEAE	DAATYYCQQW	SSNPPTFGGG	100
TMLEIKRTVA	APSVFIFPPS	DEQLKSGTAS	VVCLLNNFYP	REAKVQWKVD	150
NALQSGNSQE	SVTEQDSKDS	TYSLSSTLTLL	SKADYEKHKV	YACEVTHQGL	200
SSPVTKSFNR	GEC				213

p.185 **volociximabum #**
volociximab
volociximab
volociximab

insert the following sequence
insérer la séquence suivante
insertese la siguiente secuencia

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada					
QVQLKESGPG	LVAPSQSLSI	TCTISGFSFLT	DYGVHWVRQP	PGKGLEWLIV	50
IWSDGSSTYN	SALKSRMTIR	KDNSKSQVFL	IMNSLQTDSS	AMYYCARHGT	100
YYGMTTTGDA	LDYWGGQTSV	TVSSASTKGP	SVFPLAPCSR	STSESTAALG	150
CLVKDYFPEP	VTVSWNSGAL	TSGVHTFPAV	LQSSGLYSL	SSVTVTPSSSL	200
GTKTYTCNVD	HKPSNTKVDK	RVESKYGPCC	PSCPAPEFLG	GPSVFLFPPK	250
PKDTLMISRT	PEVTCVVVDV	SQEDPEVQFN	WYVDGVEVHN	AKTKPREEQF	300
NSTYRVVSVL	TVLHQDWLNG	KEYKCKVSNK	GLPSSIEKTI	SKAKGQPREP	350
QVYTLPPSQE	EMTKNQVSLT	CLVKGFYPSD	IAVEWESNGQ	PENNYKTTTP	400
VLDSDGSFFL	YSRLTVDKSR	WQEGNVFSCS	VMHEALHNHY	TQKSLSLSLG	450
K					451
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera					
QIVLTQSPAI	MSASLGERVT	MTCPTASSVS	SNYLHWYQQK	PGSAPNLWIY	50
STSNLASGVP	ARFSGSGSGT	SYSLTISSME	AEDAATYYCH	QYLRSPPTFG	100
GGTKLEIKRT	VAAPSVFIFP	PSDEQLKSGT	ASVVCLLNNF	YPREAKVQWK	150
VDNALQSGNS	QESVTEQDSK	DSTYLSSTLT	TLKADYEKH	KVIYACEVTHQ	200
GLSSPVTKSF	NRGEC				215

Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 96
Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 96
Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 96
(WHO Drug Information, Vol. 20, No. 4, 2006)

p.299

panitumumabum #
panitumumab
panitumumab
panitumumab

insert the following sequence
insérer la séquence suivante
insertese la siguiente secuenci

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QVQLQESGPG LVKPSSETLSL TCTVSGGSVS SGDYYWTWIR QSPGKGLEWI 50
GHIYYSNTN YNPSLKSRLT ISIDTSKTQF SLKLSSVTAA DTAIYYCVRD 100
RVTGAFDIWG QGTMTVTSSA STKGPSVFPL APCSRSTSES TAALGCLVKD 150
YFPEPVTWSW NSGALTSGVH TTPAVLQSSG LYSLSSTVTV PSSNFGTQTY 200
TCNVDHKPSN TKVDKTVVERK CCVECPCPA PPVAGPSVFL FPPKPKDTLM 250
ISRTPVETCV VVDVSHEDPE VQFNWYVDGV EVHNAKTKPR EEQFNSTFRV 300
VSVLTYSVHGD WLNGKEYKCK VSNKGLPAPI EKTISKTKGQ PREPQVYTL 350
PSREEMTKNQ VSLTCLVKGF YPSDIAVEWE SNGQPENNYK TTPPMLDSGD 400
SFFLYSKLTV DKSRRWQGNV FSCSVMEAL HNHYTQKSL SLP 445

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

DIQMTQSPSS LSASVGRVT ITCAQSDIS NYLNWYQKP GKAPKLLIYD 50
ASNLETGVPS RFGSGSGSDT FTFTISLLQF EDIATYFCQH FDHLPLAFGG 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLNNFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGE 214

Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 118
Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 118
Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 118
(WHO Drug Information, Vol. 31, No. 4, 2017)

p.686

lifileucelum
lifileucel
lifileucel
lifileucel

replace the description by the following one
remplacer la description par la suivante
sustitúyase la descripción por la siguiente

human culture expanded activated autologous tumour-infiltrating lymphocytes (TIL) isolated from melanoma or other advanced malignant solid tumours (such as cervical carcinoma and non-small cell lung cancer). The cells are mechanically isolated from the resected metastatic tumour biopsies and culture-expanded using a three-step protocol consisting of (1) a pre-rapid expansion phase (Pre-REP); (2) the rapid expansion phase (REP) where the cell suspension is cultured in the presence of feeder cells (irradiated allogeneic mononuclear cells from healthy donors), human recombinant interleukin 2 (IL-2), human AB serum and OKT3 anti-CD3 antibody (muromonab-CD3) for T lymphocyte activation; and (3) expansion in media containing IL-2 and human AB serum.

The final substance consists predominantly of CD45⁺CD3⁺ T lymphocytes ≥94% (CD4⁺ and CD8⁺ cells ≥75%) and low levels of impurities CD3⁺CD16⁺CD56⁺ (NK cells), CD3⁺CD20⁺ (B lymphocytes), and CD14⁺ (monocytes) (together ≤6%). The T lymphocytes secrete interferon gamma (IFN-γ) as measured in an allogeneic cell-based co-culture assay

lymphocytes humains infiltrant les tumeurs (TIL), autologues, activés et cultivés, isolés à partir de mélanomes ou d'autres tumeurs solides (telles que le carcinome cervical ou le cancer du poumon non à petites cellules) malignes avancées. Les cellules sont isolées mécaniquement à partir de biopsies de tumeurs métastatiques réséquées et expansées en culture à l'aide

d'un protocole en trois étapes comprenant (1) une phase d'expansion pré-rapide (Pre-REP); (2) une phase d'expansion rapide (REP), où la suspension cellulaire est cultivée en présence de cellules nourricières (cellules mononucléaires allogéniques irradiées de donneurs sains), d'interleukine 2 (IL-2) humaine recombinante, de sérum AB humain et d'anticorps anti-CD3 OKT3 (*muromonab-CD3*) pour l'activation des lymphocytes T; et (3) une expansion dans un milieu contenant de l'IL-2 et du sérum AB humain.

La substance finale se compose principalement de $\geq 94\%$ de lymphocytes T $CD45^+CD3^+$ ($\geq 75\%$ de cellules $CD4^+$ et $CD8^+$) et de faibles niveaux d'impuretés $CD3^-CD16^+CD56^+$ (cellules NK), $CD3^-CD20^+$ (lymphocytes B) et $CD14^+$ (monocytes) (ensemble $\leq 6\%$). Les lymphocytes T sécrètent de l'interféron gamma (IFN- γ) mesuré dans un test basé sur une co-culture avec des cellules allogéniques

linfocitos infiltrantes de tumor (TIL) humanos, autólogos, activados y expandidos en cultivo, aislados de melanoma u otros tumores sólidos (tal como carcinoma cervical o cáncer de pulmón de células no pequeñas) malignos avanzados. Las células se aíslan mecánicamente de biopsias de tumor metastásico resecado y se expanden en cultivo usando un protocolo en tres pasos consistente en (1) una fase de expansión pre rápida (Pre-REP); (2) una fase de expansión rápida (REP), donde la suspensión celular se cultiva en presencia de células alimentadoras (células mononucleares alogénicas de donantes sanos irradiadas), interleuquina 2 (IL-2) humana recombinante, suero AB humano y el anticuerpo anti-CD3 OKT3 (*muromonab-CD3*) para la activación de linfocitos T; y (3) expansión en medio que contiene IL-2 y suero AB humano.

La sustancia final consiste predominantemente en $\geq 94\%$ de linfocitos T $CD45^+CD3^+$ ($\geq 75\%$ células $CD4^+$ y $CD8^+$) y bajos niveles de impurezas $CD3^-CD16^+CD56^+$ (células NK), $CD3^-CD20^+$ (linfocitos B) y $CD14^+$ (monocitos) (en conjunto $\leq 6\%$). Los linfocitos T secretan interferón gamma (IFN- γ) medido en un ensayo basado en cocultivo con células alogénicas

Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 126

Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 126

Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 126

(WHO Drug Information, Vol. 35, No. 4, 2021)

p.1018- **linvoseltamabum #**

1020

linvoseltamab

linvoseltamab

linvoseltamab

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 (anti-TNFRSF17)	
EVQLVESGGG	LVQPGGSLRL SCAASGFTFS NFWMTWVRQA PGKGLEWVAN 50
MNQDQSEKYY	VDSVKGRFTI SRDNAKSSLY LQMNSLRAED TAVYYCARDR 100
EYCISTSCYD	DFDYWGQGTLL VTVSSASTKG PSVFPLAPCS RSTSESTAAL 150
GCLVKDYFPE	PVTVSWNSGA LTSGVHTFPA VLQSSGLYSL SSVTVTPSSS 200
LGTPTYTCNV	DHKPSNTKVD KRVESKYGPP CPCCPAPPVA GPSVFLFPKP 250
PKDTLMISRT	PEVTCVVVDV SQEDPEVQFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQF 300
NSTYRVVSVL	TVLHQDWLNG KEYCKCKVSNK GLPSSIEKTI SKAKGQPREP 350
QVYTLPPSQE	EMTKNQVSLT CLVKGFYPSD IAEWESNGQ PENNYKTTTP 400
VLDSGSGFFL	YSRLTVDKSR WQEGNVFSCS VMHEALHNHY TQKSLSLSLG 450
K	
451	
Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (anti-CD3E)	
EVQLVESGGG	LVQPGGSLRL SCAASGFTFD DYSMHWVRQA PGKGLEWVSG 50
ISWNSGSKGY	ADSVKGRFTI SRDNAKNSLY LQMNSLRAED TALYYCAKYG 100
SGYKGFYHYG	LDVWGQGTTV TVSSASTKGP SVFPLAPCSR STSESTAALG 150
CLVKDYFPEP	PVTVSWNSGAL TSGVHTFPAV LQSSGLYSL SSVTVTPSSSL 200
GTKTYTCNVD	HKPSNTKVDK RVESKYGPPC PPCPAPPVAG PSVFLFPKP 250
KDTLMISRTP	EVTCTVVVDV SQEDPEVQFN WYVDGVEVHN KTKPREEQFN 300
STYRVVSVLT	VLHQDWLNGK EYCKCKVSNK LPSSIEKTI KAKGQPREPQ 350
VYTLPPSQEE	MTKNQVSLTC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV 400
LDSDGSGFFLY	SRLTVDKSRW QEGNVFSCSV MHEALHNRT QKSLSLSPGK 450
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera	
DIQMTQSPSS	LSASVGDRVT ITCRASQGIS SYLNWYQKRP GKAPKLLIYA 50
ASSLQSGVPS	RFSGSGSGTD FTLTISLSLP EDFATYYCQ SYSTPPITFG 100
QSTRLEIKRT	VAAPSVFIFP PSDEQLKSGT ASVVCLLNMF YPREAKVQWK 150
VDNALQSGNS	QESVTEQDSK DSTYSLSSLT TLSKADYEKH KVIACEVTHQ 200
GLSSPVTKSF	NRGEC
215	
Post-translational modifications	
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro	
Intra-H (C23-C104) 22-96 152-208 265-325 371-429	
22°-96° 151°-207° 264°-324° 370°-428°	
(intra CDR3 111-112.1) 103-108 103°-108°	
Intra-L (C23-C104) 23°-88° 135°-195°	
23°-88° 135°-195°	
Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 139-215° 138°-215°	
Inter-H-H (h 8, h 11) 231-230° 234-233°	
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación	
H CH2 N84.4: 301, 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 / Coupeure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal	
H CHS K2: 451, 450°	

Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 128
Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 128
Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 128
(WHO Drug Information, Vol. 36, No. 4, 2022)

p.1122- **nexiguranum**
1124 nexiguran
négiguran
nexigurán

replace the chemical name by the following one
remplacer le nom chimique par le suivant
sustitúyase el nombre químico por el siguiente

all-P-ambo-2'-O-methyl-P-thioadenylyl-(3'→5')-2'-O-methyl-P-thioadenylyl-(3'→5')-2'-O-methyl-P-thioadenylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')

5')-adenylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-adenylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-methyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-methyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-**methyluridine**

tout-P-ambo-2'-O-méthyl-P-thioadénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyl-P-thioadénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyl-P-thioadénylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-guanylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-uridylyl-(3'→5')-cytidylyl-(3'→5')-adénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladenylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-

méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-méthyl-*P*-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-méthyl-*P*-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-méthyl-*P*-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-**méthyluridine**

*todo-P-ambo-2'-O-metil-P-tioadenilil-(3'→5')-2'-O-metil-P-tioadenilil-(3'→5')-2'-O-metil-P-tioadenilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-citidilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-citidilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-citidilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-citidilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-citidilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-citidilil-(3'→5')-citidilil-(3'→5')-guanilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-uridilil-(3'→5')-citidilil-(3'→5')-adenilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidil-(3'→5')-2'-O-metil-*P*-tiouridilil-(3'→5')-2'-O-metil-*P*-tiouridilil-(3'→5')-2'-O-metil-*P*-tiouridilil-(3'→5')-2'-O-**metiluridina***

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.465- silevimigum

466	silevimig silévimig silevimig	replace the description and structure by the following ones remplacer la description et la structure par les suivantes sustitúyase la descripción y la estructura por las siguientes
-----	-------------------------------------	--

immunoglobulin (G1_L-kappa)_scFv-G1(h-CH2-CH3), anti-[rabies lyssavirus (rabies virus, RABV) glycoprotein G epitope III] and anti-[rabies lyssavirus (rabies virus, RABV) glycoprotein G epitope I] *Homo*

sapiens monoclonal antibody, bispecific;
 gamma1 heavy chain *Homo sapiens*, anti-RABV glycoprotein G epitope III (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*18 (95.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107))] (1-118)-*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v32 CH3 W22 (knob), G1v74 CH3 C10 (CH1 (119-216), hinge 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 E12 (357), M14 (359), T22>W (367), S10>C (355) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-214')-disulfide with kappa light chain *Homo sapiens*, anti-RABV glycoprotein G epitope III (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*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 (153'), V101 (191') (108'-214')]; scFv-G1(h-CH2-CH3) heavy chain *Homo sapiens*, anti-RABV glycoprotein G epitope I (1"-488") [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*01 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.20] (26"-33".51"-58".97"-116'')) (1"-127'') -15-mer tris(tetraglycyl-seryl) linker (128"-142'') - VL (*Homo sapiens* IGLV2-11*01 (93.9%) -IGLJ2*01 (100%), CDR-IMGT [9.3.12] (168"-176".194"-196".233"-244'')) (143"-256'') -*Homo sapiens* IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 CH3 E12, M14, G1v37 hinge S5, G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole), G1v75 CH3 C5 (hinge 1-15 C5>S (261'') (257"-271''), CH2 (272"-381''), CH3 T22>S (407''), L24>A (409''), Y86>V (448''), Y5>C (390'') (382"-486''), CHS (487"-488'')) (257"-488''); dimer (227-267'':230-270'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-S, glycoform alfa

immunoglobuline (G1_L-kappa)_scFv-G1(h-CH2-CH3), anti-[épitope III de la glycoprotéine G du lyssavirus de la rage (virus de la rage, RABV)] et anti-[épitope I de la glycoprotéine G du lyssavirus de la rage (virus de la rage, RABV)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*, bispécifique; chaîne lourde gamma1 *Homo sapiens*, anti-épitope III de la glycoprotéine G du RABV (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*18 (95.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107))] (1-118)-*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v32 CH3 W22 (knob) G1v74 CH3 C10 (CH1 (119-216), charnière 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 E12 (357), M14 (359), T22>W (367), S10>C (355) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa *Homo sapiens*, anti-épitope III de la glycoprotéine G du RABV (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (100%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.10] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; chaîne lourde scFv-G1(h-CH2-CH3) *Homo sapiens*, anti-épitope I de la glycoprotéine G du RABV (1"-488") [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*01 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.20] (26"-33".51"-58".97"-116'')) (1"-127'') -15-mer tris(tétraglycyl-séryl) linker (128"-142'') - VL (*Homo sapiens* IGLV2-11*01 (93.9%) -IGLJ2*01 (100%), CDR-IMGT [9.3.12] (168"-176".194"-196".233"-244'')) (143"-256'') -*Homo sapiens* IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 CH3 E12, M14, G1v37 charnière S5, G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) G1v75 CH3 C5 (charnière 1-15 C5>S (261'') (257"-271''), CH2 (272"-381''), CH3 T22>S (407''), L24>A (409''), Y86>V (448''), Y5>C (390'') (382"-486''), CHS (487"-488'')) (257"-488''); dimère (227-267'':230-270'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-S, glycoforme alfa

immunoglobulina (G1_L-kappa)_scFv-G1(h-CH2-CH3), anti-[epitopo III de la glicoproteína G del lyssavirus de la rabia (virus de la rabia, RABV)] y anti-[epitopo I de la glicoproteína G del lyssavirus de la rabia (virus de la rabia, RABV)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*, biespecífico; cadena pesada gamma1 *Homo sapiens*, anti-epitopo III de la glicoproteína G del RABV (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*18

(95.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118)-*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v32 CH3 W22 (knob) G1v74 CH3 C10 (CH1 (119-216), bisagra 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 E12 (357), M14 (359), (222'-W (367), S10>C (355) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa *Homo sapiens*, anti-epitopo III de la glicoproteína G del RABV (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (100%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.10] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; cadena pesada scFv-G1(h-CH2-CH3) *Homo sapiens*, anti-epitopo I de la glicoproteína G del RABV (1"-488") [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*01 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.20] (26"-33".51"-58".97"-116")) (1"-127")-15-mer tris(tetraglicil-seril) enlace (128"-142") -VL (*Homo sapiens* IGLV2-11*01 (93.9%) -IGLJ2*01 (100%), CDR-IMGT [9.3.12] (168"-176".194"-196".233"-244")) (143"-256") -*Homo sapiens* IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 CH3 E12, M14, G1v37 bisagra S5, G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) G1v75 CH3 C5 (bisagra 1-15 C5>S (261") (257"-271"), CH2 (272"-381"), CH3 T22>S (407"), L24>A (409"), Y86>V (448"), Y5>C (390") (382"-486"), CHS (487"-488")) (257"-488)]; dímero (227-267":230-270")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-S, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: anti-RABV glycoprotein G epitope III (H)

QVQLVESGGG VVQPGRSRLRL SCAASGFTFG SYGMHWVRQA PGKLEWVAT 50
ISYDGSIKDY ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCAKGD 100
RTGNLDYWGQ GTLVTVSSAS TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY 150
FEEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL YSLSSVTVFP SSSLGTQTYI 200
CNVNHKPSNT KVDKRVEPKS CDKTHTCPPC PAPELLGGPS VFLFPPKPKD 250
TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY 350
TLPPCREEMT KNQVSLWCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD 400
SDGSFFFLYSK LTVDKSRWQQ GNVFSCSMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: anti-RABV glycoprotein G epitope III (L')

DIQMTQSPSS LSASVGDRTV ITCRASQNIH NALNWYQQKP GKAPKLLIYD 50
ASTRQSGVPS RFSGSGSGTD FTLTISLQP EDFATYYCQQ NSEFPPTFGQ 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEK 214

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: anti-RABV glycoprotein G epitope I (H'')

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGTYS GYTINWVRQA PGQGLEWMGG 50
IIPIFGTANY AQRFGRLTI TADESTSTAY MELSSLRSD TAVYFCAREN 100
LDNSGTYYYF SGWFDPWQG TLTVSSGGG GSGGGSGGG GSQSALTQPR 150
SVSGSPGQSV TISCTGTSSD LGGYDFVSWY QQHGPAPKL MIYDATKRPS 200
GVDPDRFSGSK SGNATSLTIS GLQAEADY YCCSYAGDYT PGVVFEGGK 250
LTVLASEPKS SDKTHTCPPC PAPELLGGPS VFLFPPKPKD TLMISRTPEV 300
TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGEVHNAKT KPREEQYNST YRVVSVLTVL 350
HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVC TLPPSREEMT 400
KNQVSLSCAV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFFLYSK 450
LTVDKSRWQQ GNVFSCSMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 488

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" 164"-232" 302"-362" 408"-466"

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

Inter-H-L (CH1 I0-CL I26) 221-214'

Inter-H-H (h 8, h 11) 227-267" 230-270"

Inter-H-H (CH3 C10-C5)* 355-390"

*variants G1v74 (CH3 C10) and G1v75 (CH3 C5) creating an additional inter-H-H disulfide bond.

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

H CH2 N84.4: 298, 338"

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: 448, 488"

Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 130**Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 130****Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 130****(WHO Drug Information, Vol. 37, No. 4, 2023)****p.1157- setidegrasibuma**

setidegrasib

sétidégrasib

setidegrasib

*replace the CAS RN by the following one**remplacer le numéro de registre du CAS par le suivant**sustitúyase el número del CAS por el siguiente*

3053533-62-0

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. 2, 2024)****p.459- tabirafuspum alfa**

461

tabirafusp alfa

tabirafusp alfa

tabirafusp alfa

*replace the description by the following one**remplacer la description par la suivante**sustitúyase la descripción por la siguiente*

human vascular endothelial growth factor receptor 1 (VEGFR-1) fragment containing immunoglobulin-like extracellular domain 2 (103-206, 1-104 in the current sequence) fused to a human vascular endothelial growth factor receptor 2 (VEGFR-2) fragment containing immunoglobulin-like extracellular domain 3 (208-308, 105-205 in the current sequence) fused via peptide linker ²⁰⁶GGGSGGGGS²¹⁵ to the gamma 1 heavy chain of anti-[human interleukin 6 (IL-6)] (216-664) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*03 -(IGHD) -IGHJ3*02, CDR-Kabat [5.17.10] (246-250.265-281.314-323)) (216-334) -*Homo sapiens*IGHG1*03v (CH1 R⁴³¹>K (335-432), hinge (433-447), CH2 L⁴⁵¹>A, L⁴⁵²>A, G⁴⁵⁴>A (448-557), CH3 L⁶⁶⁰>C (558-662), CHS (663-664)) (335-664)], (437-213')-disulfide with kappa light chain anti-[human interleukin 6 (IL-6)] (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-13*02 -IGKJ1*01, CDR-Kabat [10.7.9] (24'-33'.49'-55'.88'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens*IGKC*01 (107'-213')]; dimer (443-443":446-446")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1SV, glycoform alfa

fragment du récepteur 1 du facteur de croissance endothéliale vasculaire (VEGFR-1) humain contenant le domaine extracellulaire 2 de type immunoglobuline (103-206, 1-104 dans la séquence en cours) fusionné au fragment du récepteur 2 du facteur de croissance endothéliale vasculaire humain (VEGFR-2) contenant le domaine extracellulaire 3 de type immunoglobuline (208-308, 105-205 dans la séquence en cours) fusionné avec l'aide du coupleur peptidique ²⁰⁶GGGSGGGGS²¹⁵ à la chaîne lourde gamma 1 de l'anti-[interleukine-6 humaine (IL-6)] (216-334) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*03 -(IGHD) -IGHJ3*02, CDR-Kabat [5.17.10] (246-250.265-281.314-323)) (216-334) -*Homo sapiens*IGHG1*03v (CH1 R⁴³¹>K (335-432), charnière (433-447), CH2 L⁴⁵¹>A, L⁴⁵²>A, G⁴⁵⁴>A (448-557), CH3 L⁶⁶⁰>C (558-662), CHS (663-664)) (335-664)], (437-213')-disulfure avec la chaîne légère kappa anti-[interleukine-6 humaine (IL-6)] (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-13*02 -IGKJ1*01, CDR-Kabat [10.7.9] (24'-33'.49'-55'.88'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens*IGKC*01 (107'-213')]; dimère (443-443":446-446")-bis-disulfure,

produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO),
lignée cellulaire CHO-K1SV, glycoforme alfa

fragmento del receptor 1 del factor de crecimiento endotelial vascular humano (VEGFR-1) que contiene el dominio extracelular 2 similar a la inmunoglobulina (103-206, 1-104 en la secuencia actual) fusionado a un fragmento del receptor 2 del factor de crecimiento endotelial vascular humano (VEGFR-2) que contiene el dominio extracelular 3 similar a la inmunoglobulina (208-308, 105-205 en la secuencia actual) fusionado a través de enlace peptídico ²⁰⁶GGGSGGGGS²¹⁵ a la cadena pesada gamma 1 de anti-[interleukina 6 (IL-6) humana] (216-664) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*03 -(IGHD) -IGHJ3*02, CDR-Kabat [5.17.10] (246-250.265-281.314-323)) (216-334) -*Homo sapiens*IGHG1*03v (CH1 R⁴³¹>K (335-432), bisagra (433-447), CH2 L⁴⁵¹>A, L⁴⁵²>A, G⁴⁵⁴>A (448-557), CH3 L⁶⁶⁰>C (558-662), CHS (663-664)) (335-664)], (437-213')-disulfuro con la cadena ligera kappa anti-[interleukina 6 humana (IL-6)] (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-13*02 -IGKJ1*01, CDR-Kabat [10.7.9] (24'-33'.49'-55'.88'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens*IGKC*01 (107'-213'))]; dímero (443-443":446-446")-bisdisulfuro, producido en células ováricas de hámster Chino (CHO) K1SV, glicofoma alfa

p.461-
463

tabirafuspum alfa tedromerum

tabirafusp alfa tedromer	<i>replace the description by the following one</i>
tabirafusp alfa tédromère	<i>remplacer la description par la suivante</i>
tabirafusp alfa tedrómero	<i>sustitúyase la descripción por la siguiente</i>

human vascular endothelial growth factor receptor 1 (VEGFR-1) fragment containing immunoglobulin-like extracellular domain 2 (103-206, 1-104 in the current sequence) fused to a human vascular endothelial growth factor receptor 2 (VEGFR-2) fragment containing immunoglobulin-like extracellular domain 3 (208-308, 105-205 in the current sequence) fused via peptide linker ²⁰⁶GGGSGGGGS²¹⁵ to the gamma 1 heavy chain of anti-[human interleukin 6 (IL-6)] (216-664) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*03 -(IGHD) -IGHJ3*02, CDR-Kabat [5.17.10] (246-250.265-281.314-323)) (216-334) -*Homo sapiens*IGHG1*03v (CH1 R⁴³¹>K (335-432), hinge (433-447), CH2 L⁴⁵¹>A, L⁴⁵²>A, G⁴⁵⁴>A (448-557), CH3 L⁶⁶⁰>C (558-662), CHS (663-664)) (**335-664**)], (437-213')-disulfide with kappa light chain anti-[human interleukin 6 (IL-6)] (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-13*02 -IGKJ1*01, CDR-Kabat [10.7.9] (24'-33'.49'-55'.88'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens*IGKC*01 (107'-213'))]; dimer (443-443":446-446")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1SV, glycoform alfa; substituted at an average of one sulfur atom of cysteine residues 660 and 660" with (3RS)-1-[1,1,1-tris({3-[2-(2,2,2-tris({(2-(α-(bromoethoxy/hydro/hydroxy)poly[1-(10,10-dimethyl-6-oxido-6-oxo-2,5,7-trioxa-10-aza-6λ⁵-phosphaundecan-10-ium-1-oyl)-1-methylethane-1,2-diyl]-ω-yl)-2-methylpropanoyl]oxy)methyl]ethoxy)acetamido]propanamido}methyl)-16,32-dioxo-3,6,9,12,19,22,25,28-octaoxa-15,31-diazatetratricontan-34-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (*tedromer*)

fragment du récepteur 1 du facteur de croissance endothéliale vasculaire (VEGFR-1) humain contenant le domaine extracellulaire 2 de type immunoglobuline (103-206, 1-104 dans la séquence en cours) fusionné au fragment du récepteur 2 du facteur de croissance endothéliale vasculaire humain (VEGFR-2) contenant le domaine extracellulaire 3 de type immunoglobuline

(208-308, 105-205 dans la séquence en cours) fusionné avec l'aide du coupleur peptidique ²⁰⁶GGGSGGGGS²¹⁵ à la chaîne lourde gamma 1 de l'anti-[interleukine-6 humaine (IL-6)] (216-334) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*03 -(IGHD) -IGHJ3*02, CDR-Kabat [5.17.10] (246-250.265-281.314-323)) (216-334) -*Homo sapiens*IGHG1*03v (CH1 R⁴³¹>K (335-432), charnière (433-447), CH2 L⁴⁵¹>A, L⁴⁵²>A, G⁴⁵⁴>A (448-557), CH3 L⁶⁶⁰>C (558-662), CHS (663-664)) (335-664)], (437-213')-disulfure avec la chaîne légère kappa anti-[interleukine-6 humaine (IL-6)] (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-13*02 -IGKJ1*01, CDR-Kabat [10.7.9] (24'-33'.49'-55'.88'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens*IGKC*01 (107'-213'))]; dimère (443-443'':446-446'')-bis-disulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1SV, glycoforme alfa; substitué à une moyenne d'un atome de soufre des résidus cystéine 660 et 660" par (3RS)-1-[1,1,1-tris({3-[2-(2,2,2-tris({2-(α-(bromo/éthoxy/hydro/hydroxy)poly[1-(10,10-diméthyl-6-oxido-6-oxo-2,5,7-trioxa-10-aza-6λ⁵-phosphaundécane-10-ium-1-oyl)-1-méthyléthane-1,2-diyl]-ω-yl)-2-méthylpropanoyl]oxy)méthyl]éthoxy]acétamido]propanamido)méthyl)-16,32-dioxo-3,6,9,12,19,22,25,28-octaoxa-15,31-diazatétratriacontan-34-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (*tédromère*)

fragmento del receptor 1 del factor de crecimiento endotelial vascular humano (VEGFR-1) que contiene el dominio extracelular 2 similar a la inmunoglobulina (103-206, 1-104 en la secuencia actual) fusionado a un fragmento del receptor 2 del factor de crecimiento endotelial vascular humano (VEGFR-2) que contiene el dominio extracelular 3 similar a la inmunoglobulina (208-308, 105-205 en la secuencia actual) fusionado a través de enlace peptídico ²⁰⁶GGGSGGGGS²¹⁵ a la cadena pesada gamma 1 de anti-[interleukina 6 (IL-6) humana] (216-664) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*03 -(IGHD) -IGHJ3*02, CDR-Kabat [5.17.10] (246-250.265-281.314-323)) (216-334) -*Homo sapiens*IGHG1*03v (CH1 R⁴³¹>K (335-432), bisagra (433-447), CH2 L⁴⁵¹>A, L⁴⁵²>A, G⁴⁵⁴>A (448-557), CH3 L⁶⁶⁰>C (558-662), CHS (663-664)) (335-664)], (437-213')-disulfuro con la cadena ligera kappa anti-[interleukina 6 humana (IL-6)] (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-13*02 -IGKJ1*01, CDR-Kabat [10.7.9] (24'-33'.49'-55'.88'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens*IGKC*01 (107'-213'))]; dímero (443-443'':446-446'')-bisdisulfuro, producido en células ováricas de hámster Chino (CHO) K1SV, glicofoma alfa; sustituido en una media de un átomo de azufre de residuos de cisteína 660 y 660" con (3RS)-1-[1,1,1-tris({3-[2-(2,2,2-tris({2-(α-(bromo / etoxi / hidro / hidroxi)poli[1-(10,10-dimetil-6-oxido-6-oxo-2,5,7-trioxa-10-aza-6λ⁵-fosfaundecan-10-ium-1-oi)-1-metiletano-1,2-diil]-ω-il)-2-metilpropanoil]oxi]metil]etoxi]acetamido]propanamido}metil)-16,32-dioxo-3,6,9,12,19,22,25,28-octaoxa-15,31-diazatettratriacontan-34-il]-2,5-dioxopirrolidin-3-il (*tédrómero*)

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.1041- **balekafuspum alfa #**
1042 balekafusp alfa
balékafusp alfa
balekafusp alfa

replace the description by the following one
remplacer la description par la suivante
sustitúyase la descripción por la siguiente

second paragraph

gamma 1 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 N^{>301}A (235-344), CH3 (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], **(224-355)**-disulfide with partial kappa light chain fused to a circular permuted form of human interleukin-2 (1'-355') [partial V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01, CDR-Kabat [8] (partial CDR-L1: Kabat L.24-L.27D) (24'-31')) (1'-31')] fused via peptide linker ³²GGG³⁴ to human interleukin-2 (IL-2, T-cell growth factor (TCGF)) in a permuted form (C-terminal fragment 77-133 (35'-91' in the current sequence) fused to the N-terminal fragment 2-76 (92'-166' in the current sequence)), variant (¹²⁵C>S⁸³), fused via peptide linker ¹⁶⁷GGGG¹⁷⁰ to a partial kappa light chain [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 -IGKJ4*01, CDR-Kabat [5.7.9] (partial CDR-L1: Kabat L.30-L.34) (171'-175'.191'-197'.230'-238')) (171'-248') -*Homo sapiens* IGKC*01 (249'-355')]; dimer (230-230":233-233")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa

deuxième
paragraphe

chaîne lourde gamma 1 (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 N^{>301}A (235-344), CH3 (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], **(224-355)**-disulfure avec la chaîne légère partielle, fusionnée avec une forme circulaire permutée de l'interleukine-2 humaine (1'-355') [V-KAPPA partielle (*Homo sapiens* IGKV1-39*01, CDR-Kabat [8] (CDR-L1 partiel: Kabat L.24-L.27D) (24'-31')) (1'-31')] fusionnée à l'aide d'un coupleur peptidique ³²GGG³⁴ au fragment de l'interleukine-2 humaine (IL-2, facteur de croissance des lymphocytes T (FCLT)), dans sa forme permutée (fragment C-terminal 77-133 (35'-91' dans la séquence en cours) fusionné au fragment N-terminal 2-76 (92'-166' de la séquence en cours)), variante (¹²⁵C>S⁸³), fusionné à l'aide du coupleur peptidique ¹⁶⁷GGGG¹⁷⁰ à la chaîne légère kappa partielle [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 -IGKJ4*01, CDR-Kabat [5.7.9] (CDR-L1 partiel: Kabat L.30-L.34) (171'-175'.191'-197'.230'-238')) (171'-248') -*Homo sapiens* IGKC*01 (249'-355')]; dimère (230-230":233-233")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa

segundo párrafo

cadena pesada gamma 1(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 N^{>301}A (235-344), CH3 (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], **(224-355)**-disulfuro con una cadena ligera kappa parcial fusionada a una forma permutada circular de interleukina-2 humana (1'-355') [parcial V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01, CDR-Kabat [8] (parcial CDR-L1: Kabat L.24-L.27D) (24'-31')) (1'-31')] fusionada a través de un enlace peptídico ³²GGG³⁴ a una interleukina-2 humana (IL-2, factor de crecimiento de células T (TCGF)) en una forma permutada (C-terminal fragmento 77-133 (35'-91' en la secuencia actual) fusionada al fragmento N-terminal 2-76 (92'-166' en la secuencia actual)), variante (¹²⁵C>S⁸³), fusionada a través de

enlace peptídico ¹⁶⁷GGGG¹⁷⁰ a una cadena ligera kappa parcial [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 -IGKJ4*01, CDR-Kabat [5.7.9] (parcial CDR-L1: Kabat L.30-L.34) (171'-175'.191'-197'.230'-238')) (171'-248') -*Homo sapiens* IGKC*01 (249'-355'))]; dímero (230-230":233-233")-bisdisulfuro, producido en células ováricas de hamster Chino (CHO) **línea celular CHO-K1**, glicoforma alfa

- p.1053 *delete/supprimer/suprimáse* *insert/insérer/insertese*
catadegbrutinibum **tacabrutidegum**
 catadegbrutinib tacabrutideg
 catadégbrutinib tacabrutideg
 catadegbrutinib tacabrutideg
- p.1133 **iraltagenum autoleucelum #**
 liraltagene autoleucel *replace the description by the following one*
 Please note that the MedNet file has been updated
 liraltagène autoleucel *remplacer la description par la suivante*
 Veillez noter que le fichier MedNet a été mis à jour
 liraltagén autoleucel *sustitúyase la descripción por la siguiente*
 Tenga en cuenta que se ha actualizado el archivo MedNet
- second paragraph The leukapheresis material is enriched for the CD4+/CD8+ lymphocyte fraction **by immunoselection** prior to activation with anti-CD3 and interleukin 2 (IL-2). The cells are then transduced with the retroviral vector and expanded in growth media containing anti-CD3 and IL-2. The cell suspension consists of T lymphocytes (≥90% CD3+; ≤0.5% CD14+, ≤0.08% CD19+, ≤5% CD3-CD56+, ≤0.55% CD3-CD33+), with ≥10% of the T lymphocytes expressing the transgene. The transduced T lymphocytes demonstrate cytotoxicity against follicle-stimulating hormone receptor (FSHR)-expressing cells
- deuxième paragraphe Le matériel de leucaphérèse est enrichi en fraction de lymphocytes CD4+/CD8+ **par immunosélection** avant l'activation avec de l'anti-CD3 et de l'interleukine 2 (IL-2). Les cellules sont ensuite transduites avec le vecteur rétroviral et expansées dans un milieu de croissance contenant de l'anti-CD3 et de l'IL-2. La suspension cellulaire est constituée de lymphocytes T (≥90% CD3+; ≤0,5% CD14+, ≤0,08% CD19+, ≤5% CD3-CD56+, ≤0,55% CD3-CD33+), avec ≥10% des lymphocytes T exprimant le transgène. Les lymphocytes T transduits démontrent une cytotoxicité contre les cellules exprimant le récepteur de l'hormone folliculo-stimulante (FSHR)
- segundo párrafo El material de leucoaféresis se enriquece para la fracción de linfocitos CD4+/CD8+ **mediante inmunoselección** antes de la activación con anti-CD3 e interleuquina 2 (IL-2). Las células después se transducen con el vector retroviral y se expanden en medio que contiene anti-CD3 e IL-2. La suspensión celular consiste en linfocitos T (≥90% CD3+; ≤0.5% CD14+, ≤0.08% CD19+, ≤5% CD3-CD56+, ≤0.55% CD3-CD33+), con ≥10% de los linfocitos T que expresan el transgén. Los linfocitos T transducidos muestran actividad citotóxica frente a células que expresan el receptor de la hormona estimuladora del folículo (FSHR)
- p.1137 **lunsotogenum parvecum #**
 lunsotogene parvec *replace the chemical name by the following one*
 Please note that the MedNet file has been updated

lunsotogène parvec	<i>remplacer le nom chimique par le suivant</i>
	<i>Veillez noter que le fichier MedNet a été mis à jour</i>
lunsotogén parvec	<i>sustitúyase el nombre químico por el siguiente</i>
	<i>Tenga en cuenta que se ha actualizado el archivo MedNet</i>

two recombinant, non-replicating adeno-associated virus serotype 1 (rAAV1) vectors containing the 5' and 3' portions, respectively, of the **DNA sequence coding for** wild-type human otoferlin (OTOF) **protein isoform e**. The 5' vector contains exons **1-18 and 20-21** of the OTOF gene **based on the consensus genome numbering**, under expression control of the hair cell-specific myosin 15 (Myo15) promoter, followed by a splice donor and alkaline phosphatase homology region 3' to the transgene. The 3' vector contains the alkaline phosphatase homology region and a splice acceptor, followed by exons **22-46 and exon 48** of the OTOF gene, and is terminated by a bovine somatotropin growth hormone polyadenylation sequence. Both vectors are flanked by AAV2 inverted terminal repeats

deux vecteurs recombinants de virus adéno-associés de sérotype 1 (rAAV1), non réplcatifs, contenant respectivement les parties 5' et 3' **de la séquence d'ADN codant pour l'isoforme e de la protéine** otoferline (OTOF) humaine sauvage. Le vecteur 5' contient les exons **1-18 et 20-21** du gène OTOF, **selon la numérotation consensuelle du génome** sous le contrôle de l'expression du promoteur de la myosine 15 (Myo15) spécifique des cellules ciliées, suivis d'un donneur d'épissage et d'une région d'homologie de la phosphatase alcaline 3' du transgène. Le vecteur 3' contient la région d'homologie de la phosphatase alcaline et un accepteur d'épissage, suivi des exons **22-46 et 48** du gène OTOF et se termine par une séquence de polyadénylation de l'hormone de croissance somatotropine bovine. Les deux vecteurs sont flanqués des répétitions terminales inversées de l'AAV2

dos vectores de virus adenoasociado del serotipo 1, recombinantes (rAAV1), no replicativos, que contienen las porciones 5' y 3', respectivamente, **de la secuencia de ADN que codifica la isoforma e de la proteína** otoferlina (OTOF) humana de tipo silvestre. El vector 5' contiene los exones **1-18 y 20-21** del gen de OTOF **según la numeración consensuada del genoma** bajo el control de expresión del promotor de la miosina 15 (Myo15) específica de células ciliadas, seguido de un dador del procesamiento y una región de homología de la fosfatasa alcalina 3' del transgén. El vector 3' contiene la región de homología de la fosfatasa alcalina y un aceptor de procesamiento, seguido de los exones **22-46 y 48** del gen de OTOF y se termina por una secuencia de poliadenilación de la hormona de crecimiento somatotropina bovina. Ambos vectores están flanqueados por las repeticiones terminales invertidas del AAV2

p.1170	<i>delete/supprimer/suprimáse</i>	<i>insert/insérer/insertese</i>
	perzebertinibum	bizrolertinibum
	perzebertinib	bizrolertinib
	perzébertinib	bizrolertinib
	perzebertinib	bizrolertinib

p.1191	retogateinum #	
	retogatein	<i>replace the structure by the following one</i>
	rétoatéine	<i>remplacer la structure par la suivante</i>
	retogateína	<i>sustitúyase la estructura por la siguiente</i>

Sequence / Séquence / Secuencia		
ASPGSGFWSF	GSEDGSGDSE	NGPTARAWCQ
VAQKFTGGIG	NKLCALLYGD	50
AEKPAESGGS	QPPRAAARKA	ACACDQKPCS
CSKVDVNYAF	LHATDLLPAC	100
DGERPTLAFL	QDVMNILLQY	VVKSFDRSTK
VIDFHYPNEL	LQEYNWELAD	150
QPQNLEEIIM	HCQTTLKYAI	KTGHPRYFNQ
LSTGLDMVGL	AADWLTSTAN	200
TNMFTEYIAP	VFVLLYYVTL	KKMREIIGWP
GGSGDGIFSP	GGAISNMYAM	250
MIARFKMFPE	VKEKGMAALP	RLIAFTSEHS
HFSLKKGAAA	LGIGTDSVIL	300
IKCDERGKMI	PSDLERRILE	AKQKGFVPFL
VSATAGTTVY	GAFDPLLAFA	350
DICKKYKIWM	HVDAAWGGGL	LMSRKHKWKL
SGVERANSVT	WNPHKMMGVP	400
LQCSALLVRE	EGLMQNCNQM	HASYLFQQDK
HYDLSYDTGD	KALQCGRHVD	450
VFKLWLMWRA	KGTGFEAHV	DKCLELAEYL
YNIKNREGY	EMVFDGKPGH	500
TNCVFWYIPP	SLRTLEDNEE	RMSRLSKVAP
VIKARMMEYG	TTMVSYQPLG	550
DKVNFVRMVI	SNPAATHQDI	DFLIEEIERL
GQDL		584

Post-translational modifications
Removal of N-terminal methionyl
M⁰-del
Disulfide bridge location / Position du pont disulfure / Posición del puente disulfuro
162-303 (rarely 162-403 or 303-403)

N-Acetylation site / Site de N-acétylation / Posición de N-acetilación
A1 = N-acetyl-L-alanyl

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
none / aucun / ninguna

K³⁹⁵ = N⁶-(pyridoxal phosphate)-Lys

p.1214	<i>delete/supprimer/suprimáse</i>	<i>insert/insérer/insertese</i>
	solangeprasum	solengeprasum
	solangepras	solengepras
	solangépras	solengépras
	solangepras	solengepras

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.454-455	acmopatidum	
	acmopatide	<i>replace the chemical name, the molecular formula and structure by the following ones</i>
	acmopatide	<i>remplacer le nom chimique, la formule brute et la structure par les suivants</i>
	acmopatida	<i>sustitúyase el nombre químico, la fórmula molecular y la estructura por los siguientes</i>
		<i>N-(((2-oxo-2-[[2-(2-oxopiperidin-1-yl)ethyl]amino)ethyl)sulfanyl]acetyl)-L-α-glutamylglycyl-L-threonyl-L-phenylalanyl-L-threonyl-L-seryl-L-α-aspartyl-L-tyrosyl-L-seryl-L-isoleucyl-L-tyrosyl-L-leucyl-L-α-aspartyl-L-lysyl-L-glutaminy-L-alanyl-L-alanyl-2-methylalanyl-L-α-glutamyl-L-phenylalanyl-L-valyl-L-asparaginy-L-tryptophyl-L-leucyl-L-leucyl-L-alanylglycylglycyl-L-prolyl-L-seryl-L-serylglycyl-L-alanyl-L-prolyl-L-prolyl-L-prolyl-L-seryl-N⁶-(N-hexadecanoyl-L-γ-glutamyl)-L-lysynamide</i>
		<i>N-(((2-oxo-2-[[2-(2-oxopipéridin-1-yl)éthyl]amino)éthyl)sulfanyl]acétyle)-L-α-glutamylglycyl-L-thréonyl-L-phénylalanyl-L-thréonyl-L-séryl-L-α-aspartyl-L-tyrosyl-L-séryl-L-isoleucyl-L-tyrosyl-L-leucyl-L-α-aspartyl-L-lysyl-L-glutaminy-L-alanyl-L-alanyl-2-méthylalanyl-L-α-glutamyl-L-phénylalanyl-L-valyl-L-asparaginy-L-tryptophyl-L-leucyl-L-leucyl-</i>

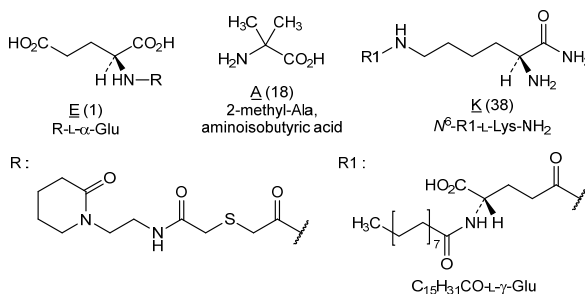
L-alanylglycylglycyl-L-prolyl-L-séryl-L-sérylglycyl-L-alanyl-L-prolyl-L-prolyl-L-prolyl-L-séryl-*N*⁶-(*N*-hexadécanoïl- γ -glutamyl)-L-lysynamide

N-{[(2-oxo-2-[[2-(2-oxopiperidin-1-yl)éthyl]amino]éthyl)sulfanyl]acétyle}-L- α -glutamylglycyl-L-treonyl-L-fenylalanil-L-treonyl-L-séril-L- α -aspartil-L-tirosil-L-séril-L-isoleucil-L-tirosil-L-leucil-L- α -aspartil-L-lisil-L-glutaminil-L-alanyl-L-alanyl-2-méthylalanil-L- α -glutamyl-L-fenylalanil-L-valil-L-asparaginil-L-triptofil-L-leucil-L-leucil-L-alanylglycylglycyl-L-prolil-L-séril-L-sérilglycyl-L-alanyl-L-prolil-L-prolil-L-prolil-L-séril-*N*⁶-(*N*-hexadécanoïl- γ -glutamyl)-L-lisinamida

C₂₁₄H₃₂₃N₄₇O₆₄S

EGTFTSDYSI YLDKQAAAEF VNWLLAGGPS SGAPPPSK 38

Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados



p.460

supprimer
adupéguimère

insérer
adupégimère

p.482-
483

brelovitugum #
brelovitug
brélovitug
brelovitug

replace the description by the following one
remplacer la description par la suivante
sustitúyase la descripción por la siguiente

immunoglobulin G1-kappa, anti-[**hepatitis B virus (HBV) surface antigen (HbsAg, surface envelope protein) antigenic loop (determinant 'a'), present in the three HbsAg isoforms (large LHB, medium MHB and small SHB)**], *Homo sapiens* monoclonal antibody;

H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-455) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*01 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (93.8%), CDR-IMGT [8.8.18] (26-33.51-58.97-114)) (1-125) -*Homo sapiens*IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (222) (126-223), hinge 1-15 (224-238), CH2 (239-348), CH3 E12 (364), M14 (366) (349-453), CHS (454-455)) (126-455)], (228-213')-disulfide with L-lambda2 light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV3-21*02 (92.5%) -IGLJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.11] (26'-31'.49'-51'.88'-98')) (1'-108') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (99.1%) S1.5 (C-LAMBDA2 G1.5>S (109')) (109'-214')]; dimer (234-234'':237-237'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1SV, lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, glycoform alfa

immunoglobuline G1-kappa, anti-[**boucle antigénique**

(déterminant 'a') de l'antigène de surface du virus de l'hépatite B (HBV) (HBsAg, protéine d'enveloppe de surface), présente dans les trois isoformes HbsAg ('large' LHB, 'medium' MHB et 'small' SHB)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;

chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens* (1-455) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*01 (92.9%) -(IGHD)-IGHJ6*01 (93.8%), CDR-IMGT [8.8.18] (26-33.51-58.97-114)) (1-125) -*Homo sapiens*IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (222) (126-223), charnière 1-15 (224-238), CH2 (239-348), CH3 E12 (364), M14 (366) (349-453), CHS (454-455)) (126-455)], (228-213')-disulfure avec la chaîne légère L-lambda2 *Homo sapiens* (1'-214') [V-LAMBDA (*Homo sapiens*IGLV3-21*02 (92.5%) -IGLJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.11] (26'-31'.49'-51'.88'-98'')) (1'-108') -*Homo sapiens*IGLC2*01 (99.1%) S1.5 (C-LAMBDA2 G1.5>S (109')) (109'-214'')]; dimère (234-234'':237-237'')-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

immunoglobulina G1-kappa, anti-[**bucle antigénico (determinante 'a') del antígeno de superficie del virus de la hepatitis B (HBV) (HbsAg, proteína de la envoltura superficial), presente en las tres isoformas del HBsAg ('large' LHB, 'medium' MHB et 'small' SHB)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*;**

cadena pesada H-gamma1 *Homo sapiens* (1-455) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*01 (92.9%) -(IGHD)-IGHJ6*01 (93.8%), CDR-IMGT [8.8.18] (26-33.51-58.97-114)) (1-125) -*Homo sapiens*IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (222) (126-223), bisagra 1-15 (224-238), CH2 (239-348), CH3 E12 (364), M14 (366) (349-453), CHS (454-455)) (126-455)], (228-213')-disulfuro con la cadena ligera L-lambda2 *Homo sapiens* (1'-214') [V-LAMBDA (*Homo sapiens*IGLV3-21*02 (92.5%) -IGLJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.11] (26'-31'.49'-51'.88'-98'')) (1'-108') -*Homo sapiens*IGLC2*01 (99.1%) S1.5 (C-LAMBDA2 G1.5>S (109')) (109'-214'')]; dímero (234-234'':237-237'')-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

p.489 **comtifatorum**
comtifator

replace the chemical name by the following one
2-(4-chloro-3-fluorophenoxy)-N-[(3S,6R)-6-{5-[2-(trifluoromethoxy)ethoxy]-1,3,4-oxadiazol-2-yl}]piperidin-3-yl]acetamide

p.490 **cronexitidum lanocianinum**
491 cronexitide lanocianine

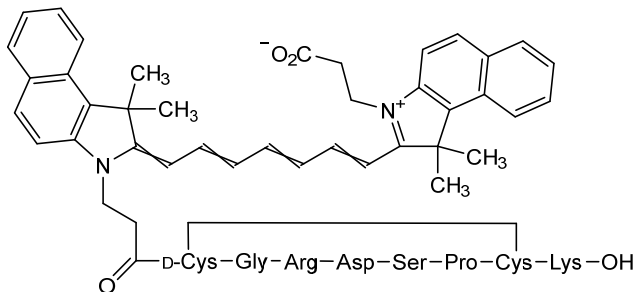
replace the chemical name and structure by the following ones

cronéxitide lanocianine *remplacer le nom chimique et la structure par les suivants*
cronexitida lanocianina *sustitúyase el nombre químico y la estructura por los siguientes*

S¹,S⁷-cyclo(N-{3-[(2E)-2-{(2E,4E,6E)-7-[3-(2-carboxylatoethyl)-1,1-dimethyl-1H-benzo[e]indol-3-ium-2-yl]hepta-2,4,6-trien-1-ylidene}-1,1-dimethyl-1,2-dihydro-3H-benzo[e]indol-3-yl]propanoyl}-D-cysteinylglycyl-L-arginyl-L-α-aspartyl-L-seryl-L-prolyl-L-cysteinyl-L-lysine)

S¹,S⁷-cyclo(*N*-{3-[(2 Ξ)-2-{(2 Ξ ,4 Ξ ,6 Ξ)-7-[3-(2-carboxylatoéthyl)-1,1-diméthyl-1*H*-benzo[e]indol-3-ium-2-yl]hepta-2,4,6-trién-1-ylidène)-1,1-diméthyl-1,2-dihydro-3*H*-benzo[e]indol-3-yl]propanoyl}-D-cystéinylglycyl-L-arginyl-L- α -aspartyl-L-séryl-L-prolyl-L-cystéinyl-L-lysine)

S¹,S⁷-ciclo(*N*-{3-[(2 Ξ)-2-{(2 Ξ ,4 Ξ ,6 Ξ)-7-[3-(2-carboxilatoetil)-1,1-dimetil-1*H*-benzo[e]indol-3-io-2-il]hepta-2,4,6-trien-1-ilideno)-1,1-dimetil-1,2-dihidro-3*H*-benzo[e]indol-3-il]propanoil}-D-cisteinilglicil-L-arginil-L- α -aspartil-L-seril-L-prolil-L-cisteinil-L-lisina)



p.505 **elipunerceptum #**

elipunercept *replace the chemical name and structure by the following ones*
 élipunercept *remplacer le nom chimique et la structure par les suivants*
 elipunercept *sustitúyase el nombre químico y la estructura por los siguientes*

human tumor necrosis factor receptor superfamily member 1B (TNFRSF1B, tumor necrosis factor receptor 2, TNF-R2, TNF-RII, Uniprot: P20333) extracellular domain fragment (1-235), natural variant M¹⁷⁴>R, fused at the C-terminus to a human immunoglobulin G1 (IgG1) Fc fragment (h-CH2-CH3-CHS domains), **(236-467)**, [*Homo sapiens* IGHG1*01 (hinge (236-250), CH2 (251-360), CH3 (361-465), CHS K (466-467))], dimer (240-240':246-246':249-249')-trisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa

fragment de domaine extracellulaire du membre 1B de la superfamille du récepteur du facteur de nécrose tumorale humaine (TNFRSF1B, récepteur 2 du facteur de nécrose tumorale, TNF-R2, TNF-RII, Uniprot: P20333) (1-235), variant naturel M¹⁷⁴>R, fusionné à l'extrémité C-terminale à un fragment Fc d'immunoglobuline G1 (IgG1) humaine (domaines h-CH2-CH3-CHS), **(236-467)**, [*Homo sapiens* IGHG1*01 (charnière (236-250), CH2 (251-360), CH3 (361-465), CHS K (466-467))], dimère (240-240':246-246':249-249')-trisulfure, produit dans des cellules d'ovaire de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa

fragmento del dominio extracelular del miembro 1B de la superfamilia del receptor del factor de necrosis tumoral humano (TNFRSF1B, receptor del factor de necrosis tumoral 2, TNF-R2, TNF-RII, Uniprot: P20333) (1-235), variante natural M¹⁷⁴>R, fusionado en el extremo C terminal a un fragmento Fc de inmunoglobulina G1 (IgG1) humana (dominios h-CH2-CH3-CHS), **(236-467)**, [*Homo sapiens* IGHG1*01 (bisagra (236-250), CH2 (251-360), CH3 (361-465), CHS K (466-467))], dímero (240-240':246-246':249-249')-trisulfuro, producido en células de ovario de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, glicoforma alfa

Sequence / Séquence / Secuencia
LPAQVAFPTY APEPGSTCRL REYYDQTAQM CCSKCSPGQH AKVFCTKTS 50
TVCDSCEDST YTQLWNWVPE CLSCGSRCS DQVETOACTR EQNRICTRP 100
GWCALSKQE GCRCLAPLRK CRPGFGVARP GTETSDVVCK PCAPGTFNS 150
TSSTDICRPH QICNVVAIPG NASRDVCTS TSPTSRMAPG AVHLPQPVST 200
RSQHTQPTPE PSTAPSTSFL LPMGPSPPAE GSTGDEPKSC DKTHTCPPCP 250
APELLGGPSV FLFPPKPKDT LMISRTPEVT CUVVDVSHED PEVKFNWYVD 300
GVEVHNNAKT PREEQYNSTY RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKALPA 350
PIEKTISKAK GQPREPQVYT LPFSRDELTK NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE 400
WESNGQPENN YKTTTPPVLDG DGSFFLYSKL TVDKSRWQQG NVFSCSVMEH 450
ALHNHYTQKS LSLSPGK 467

Natural variant
M174_R

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-chain TNFR2: 18-31, 32-45, 35-53, 56-71, 74-88, 78-96, 98-115, 104-112
121-139, 142-157, 163-178; IgG1 Fc: 281-341, 387-445
TNFR2: 18'-31', 32'-45', 35'-53', 56'-71', 74'-88', 78'-96', 98'-115', 104'-112'
121'-139', 142'-157', 163'-178'; IgG1 Fc: 281'-341' 387'-445'
Inter-chain Fc-Fc' 240-240', 246-246', 249-249'

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
TNFR2: N149, N171; N149', N171' IgG1 Fc: N317, N317'

O-glycosylation sites / Sites de O-glycosylation / Posiciones de O-glicosilación
T8*, T184, S186*, S199, T200, T205, T208, S212, T213, T216, T217, S226, T245*;
T8*, T184', S186*, S199', T200', T205', T208', S212', T213', T216', T217', S226', T245*
* <5 %

Deamidation sites / Sites de désamidation / Posiciones de desamidación
N335 (2.7% to 3.4%), N381 (0.4% to 0.5%), N404 (2.4% to 2.9%)

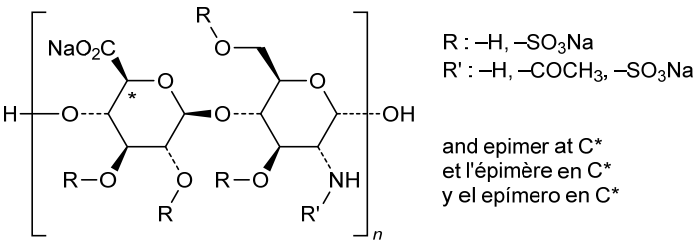
Chemical modification
Succinimide modification of N335 (5.2% to 6.2%) and N404 (2.2% to 2.4%)

C-terminal lysine clipping / Coupeure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: K467, K467' (~50%)

p.552 isupartobum natricum

isupartob sodium
isupartob sodique
isupartob sódico

replace the structure by the following one
remplacer la structure par la suivante
sustitúyase la estructura por la siguiente



p.592-593 nolgileucelum

nolgileucel
nolgileucel
nolgileucel

replace the description by the following one
remplacer la description par la suivante
sustitúyase la descripción por la siguiente

human culture expanded activated autologous tumour-infiltrating lymphocytes (TIL) isolated from melanoma or other advanced malignant solid tumours. The cells are mechanically isolated from resected tumour biopsy and cultured in serum-free media containing recombinant interleukin 2 (IL-2), IL-7 and IL-15. The cells are then activated and expanded in culture vessels coated with anti-CD3 and anti-CD28

antibodies and media containing human AB serum, IL-2, IL-7 and IL-15 without feeder cells. The final substance is a combination of natural killer (NK) cells and T lymphocytes, with the CD45+CD3+ T lymphocytes >60% and the proportion of **T lymphocytes / NK cells** ≥90%. The T lymphocytes demonstrate cytolytic activity (≥10%) against a genetically modified cancer cell line (SKOV3) and secrete interferon gamma (IFN-γ) in a co-culture-based assay

lymphocytes infiltrants les tumeurs (LIT) autologues humains, activés et développés en culture, isolés de mélanomes ou d'autres tumeurs solides malignes avancées. Les cellules sont isolées mécaniquement à partir d'une biopsie tumorale réséquée et cultivées dans un milieu sans sérum contenant de l'interleukine 2 (IL-2), de l'IL-7 et de l'IL-15 recombinantes. Les cellules sont ensuite activées et développées dans des récipients de culture recouverts d'anticorps anti-CD3 et anti-CD28 et dans un milieu contenant du sérum humain AB, de l'IL-2, de l'IL-7 et de l'IL-15, sans cellules nourricières. La substance finale est une combinaison de cellules tueuses naturelles (NK) et de lymphocytes T, avec des lymphocytes T CD45+CD3+ >60% et une proportion de **lymphocytes T / cellules NK** ≥90%. Les lymphocytes T présentent une activité cytolytique (≥10%) contre une lignée cellulaire cancéreuse génétiquement modifiée (SKOV3), et sécrètent de l'interféron gamma (IFN-γ) lors d'un test de co-culture

linfocitos infiltrantes de tumor (TIL) autólogos humanos, activados y expandidos en cultivo, aislados de melanoma o otros tumores sólidos malignos avanzados. Las células se aíslan mecánicamente a partir de biopsias de tumor extirpado y se cultivan en medio libre de suero que contiene interleuquina 2 (IL-2), IL-7 e IL-15. Las células después se activan y expanden en cultivo en frascos forrados con anticuerpos anti-CD3 y anti-CD-28 y medio que contiene suero AB humano, IL-2, IL-7 e IL-15 sin células alimentadoras. La substancia final es una combinación

de células NK y linfocitos T, con los linfocitos T CD45+CD3+ >60% y la proporción de **linfocitos T / células NK** ≥90%. Los linfocitos T muestran actividad citotóxica (≥10%) frente a una línea de células cancerosas modificada genéticamente (SKOV3) y secretan interferón gamma (IFN-γ) en un ensayo basado en co-cultivo

p.612-
613

povovetugum

povovetug
povovétug
povovetug

replace the description by the following one
remplacer la description par la suivante
sustitúyase la descripción por la siguiente

immunoglobulin G1-kappa, anti-[**Felis catus** NGF (nerve growth factor, NGFB, nerve growth factor beta polypeptide)], chimeric monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain chimeric (1-457) [VH (*Rattus norvegicus* IGHV2-45*01 (75.3%) -IGHD) - IGHJ3*01 (81.8%) L123>T (117), S128>A (122), CDR-IMGT [8.7.16] (26-33.51-57.96-111)) (1-122) -**Felis catus** IGHG1*01 (100%) (CH1 (123-220), hinge 1-15 (221-238), CH2 (239-348), CH3 (349-455), CHS (456-457)) (123-457)], (137-214')-disulfide with L-kappa light chain chimeric (1'-217') [V-KAPPA (*Rattus norvegicus* IGKV12S34*01 (72.6%) -IGKJ2-1*01 (90.9%) A120>Q (100'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -**Felis catus** IGKC*01 (100%) (C-KAPPA) (108'-217')]; dimer (232-232":234-234": 237-237")-trisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-DG44, glycoform alfa

immunoglobuline G1-kappa, anti-[**Felis catus** NGF (facteur de

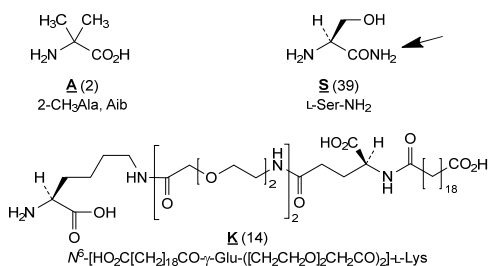
croissance du nerf, NGFB, polypeptide bêta du facteur de croissance du nerf)]; anticorps monoclonal chimérique; chaîne lourde H-gamma1 chimérique (1-457) [VH (*Rattus norvegicus* IGHV2-45*01 (75.3%) -IGHD) - IGHJ3*01 (81.8%) L123>T (117), S128>A (122), CDR-IMGT [8.7.16] (26-33.51-57.96-111)) (1-122) -*Felis catus* IGHG1*01 (100%) (CH1 (123-220), charnière 1-15 (221-238), CH2 (239-348), CH3 (349-455), CHS (456-457)) (123-457)], (137-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa chimérique (1'-217') [V-KAPPA (*Rattus norvegicus* IGKV12S34*01 (72.6%) -IGKJ2-1*01 (90.9%) A120>Q (100'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Felis catus* IGKC*01 (100%) (C-KAPPA) (108'-217')]; dimère (232-232":234-234": 237-237")-trisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-DG44, glycoforme alfa

immunoglobulina G1-kappa, anti-**[*Felis catus* NGF** (factor de crecimiento nervioso, NGFB, polipéptido beta del factor de crecimiento nervioso)]; anticuerpo monoclonal quimérico; cadena pesada H-gamma1 quimérica (1-457) [VH (*Rattus norvegicus* IGHV2-45*01 (75.3%) -IGHD) - IGHJ3*01 (81.8%) L123>T (117), S128>A (122), CDR-IMGT [8.7.16] (26-33.51-57.96-111)) (1-122) -*Felis catus* IGHG1*01 (100%) (CH1 (123-220), bisagra 1-15 (221-238), CH2 (239-348), CH3 (349-455), CHS (456-457)) (123-457)], (137-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa quimérica (1'-217') [V-KAPPA (*Rattus norvegicus* IGKV12S34*01 (72.6%) -IGKJ2-1*01 (90.9%) A120>Q (100'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Felis catus* IGKC*01 (100%) (C-KAPPA) (108'-217')]; dímero (232-232":234-234": 237-237")-trisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-DG44, forma glicosilada alfa

p.625 **ribupatidum**
ribupatide
ribupatide
ribupatida

replace the structure by the following one
remplacer la structure par la suivante
sustitúyase la estructura por la siguiente

Y A E G T F T S D Y S I Y **K** E K I A A Q E F V N W L L A G G P S S G A P P P S 39
Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados



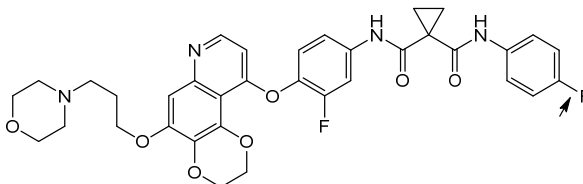
p.983 **taligantininib**
taligantininib
taligantininib
taligantininib

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

N¹-[3-fluoro-4-({5-[3-(morpholin-4-yl)propoxy]-2,3-dihydro[1,4]dioxino[2,3-f]quinolin-10-yl}oxy)phenyl]-N¹-(4-fluorophenyl)cyclopropane-1,1-dicarboxamide

*N*¹-[3-fluoro-4-({5-[3-(morpholin-4-yl)propoxy]-2,3-dihydro[1,4]dioxino[2,3-*f*]quinolin-10-yl}oxy)phényl]-*N*¹-(4-fluorophényl)cyclopropane-1,1-dicarboxamide

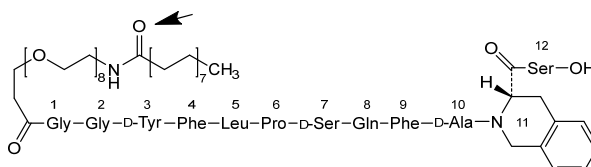
*N*¹-(4-fluorofenil)-*N*¹-[3-fluoro-4-({5-[3-(morfolin-4-il)propoxi]-2,3-dihidro[1,4]dioxino[2,3-*f*]quinolin-10-il}oxi)fenil]ciclopropano-1,1-dicarboxamida



p.678 **urcosimodum**

urcosimod
urcosimod
urcosimod

replace the structure by the following one
remplacer la structure par la suivante
sustitúyase la estructura por la siguiente



p.704- **zemlikafuspum alfa #**

705

zemlikafusp alfa
zemlikafusp alfa
zemlikafusp alfa

replace the description and structure by the following ones
remplacer la description et la structure par les suivantes
sustitúyase la descripción y la estructura por las siguientes

human gamma 1 heavy chain anti-(human B-lymphocyte antigen CD20, B-lymphocyte surface antigen B1, Bp35, leukocyte surface antigen Leu-16, membrane-spanning 4-domains subfamily A member 1, CD20 (MS4A1)) (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-9*01 -(IGHD) -IGHJ6*01, CDR-Kabat [5.17.13] (31-35.50-66.99-111)) (1-122) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (CH1 (123-220), hinge (221-235), CH2 (236-345), CH3 (346-450), CH3 K452>del (451))] fused at the C-terminus via peptide linker ⁴⁵²STGS⁴⁵⁵ to a humanized variable domain of heavy chain anti-(human natural cytotoxicity triggering receptor 1, lymphocyte antigen 94 homolog, NK cell-activating receptor, natural killer cell p46-related protein, NK-p46, NKp46, hNKp46, CD335 (NCR1, Ly94)) (456-575) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*06 -(IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.11] (486-490.505-521.554-564))] fused via peptide linker ⁵⁷⁶VEGGSGGGSGGGSGGGVD⁵⁹³ to humanized variable domain of light chain anti-(human natural cytotoxicity triggering receptor 1, lymphocyte antigen 94 homolog, NK cell-activating receptor, natural killer cell p46-related protein, NK-p46, NKp46, hNKp46, CD335 (NCR1, Ly94)) (594-700) [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 -IGKJ1*01, CDR-Kabat [11.7.9] (617-627.643-649.682-690))] fused at the C-terminus via peptide linker ⁷⁰¹GSSSSGSSSSGS⁷¹² to human interleukin-2 (IL-2, IL2, Uniprot: P60568) fragment variant (4-133, 713-842 in the current sequence, R³⁸>A⁷⁴⁷, F⁴²>K⁷⁵¹, C¹²⁵>A⁸³⁴), **(225-214':231-220':234-223')-trisdifluoride** with human VL-CL-G1(h-CH2-CH3) anti-(human B-lymphocyte antigen CD20, B-lymphocyte surface antigen B1, Bp35, leukocyte surface antigen Leu-16, membrane-spanning 4-domains subfamily A member 1, CD20 (MS4A1)) (1'-441') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*01 -IGKJ5*01, CDR-Kabat [11.7.9] (24'-34'.50'-56'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (108'-214') -G1(h-CH2-CH3) (215'-441') [*Homo sapiens* IGHG1*03 (hinge EPKSC 214'-215'>del (215'-224'), CH2 (225'-334'), CH3 (335'-439'), CHS (440'-441'))]], heterodimer; produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-M, glycoform alfa

chaîne lourde gamma 1 humaine anti-(antigène des lymphocytes B humains CD20, antigène de surface B1 des lymphocytes B, Bp35, antigène de surface des leucocytes Leu-16, membre 1 de la sous-famille A des protéines à 4 domaines transmembranaires, CD20 (MS4A1)) (1-451) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-9*01 - (IGHD) -IGHJ6*01, CDR-Kabat [5.17.13] (31-35.50-66.99-111)) (1-122) -*Homo sapiens*IGHG1*03 (CH1 (123-220), charnière (221-235), CH2 (236-345), CH3 (346-450), CH3 K452>del (451))]] fusionné à l'extrémité C-terminale via un coupleur peptidique ⁴⁵²STGS⁴⁵⁵ à un domaine variable humanisé de la chaîne lourde anti-(récepteur 1 humain déclenchant la cytotoxicité naturelle, homologue de l'antigène lymphocytaire 94, récepteur d'activation des cellules NK, protéine apparentée à p46 des cellules tueuses naturelles, NK-p46, NKp46, hNKp46, CD335 (NCR1, Ly94)) (456-575) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-69*06 - (IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.11] (486-490.505-521.554-564))]] fusionné via un coupleur peptidique ⁵⁷⁶VEGGSGSGSGSGSGSGVD⁵⁹³ au domaine variable humanisé de la chaîne légère anti-(récepteur 1 humain déclenchant la cytotoxicité naturelle, homologue de l'antigène lymphocytaire 94, récepteur d'activation des cellules NK, naturel protéine liée à la cellule tueuse p46, NK-p46, NKp46, hNKp46, CD335 (NCR1, Ly94)) (594-700) [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-33*01 -IGKJ1*01, CDR-Kabat [11.7.9] (617-627.643-649.682-690))]] fusionné à l'extrémité C-terminale via le coupleur peptidique ⁷⁰¹GSSSSGSSSSGS⁷¹² au variant du fragment d'interleukine-2 humaine (IL-2, IL2, Uniprot: P60568) (4-133, 713-842 dans la séquence actuelle, R³⁸>A⁷⁴⁷, F⁴²>K⁷⁵¹, C¹²⁵>A⁸³⁴), **(225-214':231-220':234-223')-trisdisulfure** avec VL-CL-G1(h-CH2-CH3) anti-(antigène des lymphocyte B humains CD20, antigène de surface B1 des lymphocytes B, Bp35, antigène de surface des leucocytes Leu-16, membre 1 de la sous-famille A des protéines à 4 domaines transmembranaires, CD20 (MS4A1)) (1'-441') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3-11*01 -IGKJ5*01, CDR-Kabat [11.7.9] (24'-34'.50'-56'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (108'-214') -G1(h-CH2-CH3) (215'-441') [*Homo sapiens*IGHG1*03 (charnière EPKSC 214'-215'>del (215'-224'), CH2 (225'-334'), CH3 (335'-439'), CHS (440'-441'))]]], hétérodimère; produit dans des cellules d'ovaire de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-M, glycoforme alfa

cadena pesada gamma 1 humana anti-(antígeno de linfocito B humano CD20, antígeno de superficie B1 de linfocito B, Bp35, antígeno de superficie leucocitario Leu-16, miembro 1 de la subfamilia A de proteínas con 4 dominios transmembranales, CD20 (MS4A1)) (1-451) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-9*01 - (IGHD) -IGHJ6*01, CDR-Kabat [5.17.13] (31-35.50-66.99-111)) (1-122) -*Homo sapiens*IGHG1*03 (CH1 (123-220), bisagra (221-235), CH2 (236-345), CH3 (346-450), CH3 K452>del (451))]] fusionado en el extremo C mediante enlace peptídico ⁴⁵²STGS⁴⁵⁵ a un dominio variable humanizado de la cadena pesada anti-(receptor 1 humano desencadenante de citotoxicidad natural, homólogo del antígeno 94 del linfocito, receptor activador de células NK, proteína relacionada con p46 de células asesinas naturales, NK-p46, NKp46, hNKp46, CD335 (NCR1, Ly94)) (456-575) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-69*06 - (IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.11] (486-490.505-521.554-564))]] fusionado a través del enlace peptídico (⁵⁷⁶VEGGSGSGSGSGSGSGVD⁵⁹³) a dominio variable humanizado de cadena ligera anti-(receptor 1 humano desencadenante de citotoxicidad natural, homólogo del antígeno 94 del linfocito, receptor activador de células NK, proteína relacionada con p46 de células asesinas naturales, NK-p46, NKp46, hNKp46, CD335 (NCR1, Ly94)) receptor, proteína relacionada con p46 de células asesinas naturales, NK-p46, NKp46, hNKp46, CD335 (NCR1, Ly94)) (594-700) [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-33*01 -IGKJ1*01, CDR-Kabat [11.7.9] (617-627.643-649.682-690))]] fusionado en el extremo C a través del enlace peptídico ⁷⁰¹GSSSSGSSSSGS⁷¹² a la variante del fragmento de interleukina-2 humana (IL-2, IL2, Uniprot: P60568) (4-133, 713-842 en la secuencia actual, R³⁸>A⁷⁴⁷, F⁴²>K⁷⁵¹, C¹²⁵>A⁸³⁴), **(225-214':231-220':234-223')-trisdisulfuro** con VL-CL-G1(h-CH2-CH3) humano anti-(antígeno de linfocito B humano CD20, antígeno de superficie B1 de linfocito B, Bp35, antígeno de superficie de leucocitos Leu-16, miembro 1 de la subfamilia A de proteínas con 4 dominios transmembranales, CD20 (MS4A1)) (1'-441') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3-11*01 -IGKJ5*01, CDR-Kabat [11.7.9] (24'-34'.50'-56'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (108'-214') -G1(h-CH2-CH3) (215'-441') [*Homo sapiens*IGHG1*03

(bisagra EPKSC 214'-215'>del (215'-224'), CH2 (225'-334'), CH3 (335'-439'), CHS (440'-441'))]], heterodímero; producido en células de ovario de hámster chino (CHO), línea celular CHO-M, glicofoma alfa

Sequence / Séquence / Secuencia

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: IgG1-VH-VL-IL2

```

EVQLVESGGG LVQPDRSLRL SCAASGFTFH DYAMHWVRQA PGKGLEWVST 50
ISWNSGTIGY ADSVKGRFTI SRDNAKNSLY LQMNSLRAED TALYYCAKDI 100
QYGNYYYGMD VWGQGTTVTV SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL 150
VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ SSGLYSLSSV VTPVSSSLGT 200
QTYICNVNHK PSNTKVDKRV EPKSCDKTHT CPPCPAPELL GGPVFLFPP 250
KPKDTLMISR TPEVTCVVVD VSHEDPEVKF NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ 300
INSTRYRVVS LTVLHQDWLN GKEYKCKVSN KALPAPIEKT ISKAKGQPRE 350
PQVYTLPPSR EEMTKNQVSL TCLVKGFYPS DIAVEWESNG QPENNYKTPP 400
PVLDSGDSFF LYSKLTVDKS RWQQGNVFSC SVMHEALHNH YTQKSLSLSP 450
GSTGSQVQLV QSGAEVKKPG SSVKVSCKAS GYTFSDYVIN WVRQAPGQGL 500
EWMGEIYPGS GTNYYNEKFK AKATITADKS TSTAYMELSS LRSED TAVYY 550
CARRGRYGLY AMDYWGQGT VTVSSVEGGS GSGSGSGSGS GVDIQMTQS 600
PSSLSASVGD RVTITCRASQ DISNYLNWYQ QKPGKAPKLL IYYTSRLHSG 650
VPSRFSGSGS GTDFTFTISS LQPEDIAITY CQQGNTRPWT FGGGTVKEIK 700
GSSSGSGSSS GSSSSTKKTQ LQLEHLLDL QMILNGINNY KNPKLTAMLT 750
KKFYMPKKAT ELKHLQCLEE ELKPLEEVLN LAQSKNFHLR PRDLISINV 800
IVLELKGSET TFMCEYADET ATIVEFLNRW ITFAQSIIST LT 842

```

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: VL-CL-G1 (h-CH2-CH3)

```

EIVLTQSPAT LSLSPGERAT LSCRASQSVS SYLAWYQQKP GQAPRLLIYD 50
ASNRATGIPA RFGSGSGGTD FTLTISSLEP EDFAVYYCQQ RSNWPITFGQ 100
GTRLEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150
DNAIQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGECDKTHC PPCPAPELLG GPSVFLFPPK PKDTLMISRT 250
PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY NSTYRVVSVL 300
TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKGQPREP QVYTLPPSRE 350
EMTKNQVSLT CLVKGFYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTPP VLDSDGSGFFL 400
YSKLTVDKSR WQQGNVFSCS VMHEALHNHY TQKSLSLSPG K 441

```

Mutation / Mutation / Mutación

heavy chain: ¹APT³>del, R³⁸>^A⁷⁴⁷, F⁴²>^K⁷⁵¹, C¹²⁵>^A⁸³⁴

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión

⁴⁵²STGS⁴⁵⁵, ⁵⁷⁶VEGGSGSGSGSGSGSGVD⁵⁹³, ⁷⁰¹GSSSSGSSSSGS⁷¹²

Post-translational modifications

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

Intra heavy chain, anti-CD20-γ1 Fc: 22-96, 149-205, 266-326, 372-430,

anti-NCRI VH: 477-551, 616-681; IL2: 767-814

Intra light chain: 23'-88', 134'-**194'**, 255'-315', 361'-419'

Inter heavy - light chain: 225-214', 231-220', 234-223'

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

N302, N291'

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

L CHS K2: K441'

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
-gatrimum	-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 personnes 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	
-azepamum	-azépam	antihistaminiques
bol	bol	substances du groupe du diazépam
-cain-	-caïn-	stéroïdes anabolisants
-cainum	-caïne	antiarythmiques de classe I, dérivés du procaïnamide et de la lidocaïne
cef-	céf-	anesthésiques locaux
-cillinum	-cilline	antibiotiques, dérivés de l'acide céphalosporanique
-conazolum	-conazole	antibiotiques, dérivés de l'acide 6-aminopénicillanique
		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	-gatrán	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-)	