

International Nonproprietary Names for Pharmaceutical Substances (INN)

RECOMMENDED International Nonproprietary Names: List 85

Notice is hereby given that, in accordance with paragraph 7 of the Procedure for the Selection of Recommended International Nonproprietary Names for Pharmaceutical Substances [*Off. Rec. Wld Health Org.*, 1955, **60**, 3 (Resolution EB15.R7); 1969, **173**, 10 (Resolution EB43.R9); Resolution EB115.R4 (EB115/2005/REC/1)], the following names are selected as Recommended International Nonproprietary Names. The inclusion of a name in the lists of Recommended 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).

Dénominations communes internationales des Substances pharmaceutiques (DCI)

Dénominations communes internationales RECOMMANDÉES: Liste 85

Il est notifié que, conformément aux dispositions du paragraphe 7 de la Procédure à suivre en vue du choix de Dénominations communes internationales recommandées pour les Substances pharmaceutiques [*Actes off. Org. mond. Santé*, 1955, **60**, 3 (résolution EB15.R7); 1969, **173**, 10 (résolution EB43.R9); résolution EB115.R4 (EB115/2005/REC/1)] les dénominations ci-dessous sont choisies par l'Organisation mondiale de la Santé en tant que dénominations communes internationales recommandées. L'inclusion d'une dénomination dans les listes de DCI recommandées 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).

Denominaciones Comunes Internacionales para las Sustancias Farmacéuticas (DCI)

Denominaciones Comunes Internacionales RECOMENDADAS: Lista 85

De conformidad con lo que dispone el párrafo 7 del Procedimiento de Selección de Denominaciones Comunes Internacionales Recomendadas para las Sustancias Farmacéuticas [*Act. Of. Mund. Salud*, 1955, **60**, 3 (Resolución EB15.R7); 1969, **173**, 10 (Resolución EB43.R9); Resolución EB115.R4 (EB115/2005/REC/1) EB115.R4 (EB115/2005/REC/1)], se comunica por el presente anuncio que las denominaciones que a continuación se expresan han sido seleccionadas como Denominaciones Comunes Internacionales Recomendadas. La inclusión de una denominación en las listas de las Denominaciones Comunes Recomendadas 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).

Latin , English, French, Spanish:	<i>Chemical name or description; Molecular formula;</i>
<i>Recommended INN</i>	<i>Graphic formula</i>
<i>DCI Recommandée</i>	<i>Nom chimique ou description; Formule brute;</i>
	<i>Formule développée</i>
<i>DCI Recomendada</i>	<i>Nombre químico o descripción; Fórmula molecular;</i>
	<i>Fórmula desarrollada</i>

Please find the names from proposed INN List 124 – COVID-19 (special edition) that have reached the status of recommended INN in annex.
 Veuillez trouver les noms de la Liste 124 des DCI proposées – COVID-19 (édition spéciale) ayant atteint le statut de DCI recommandées en annexe.
 Por favor, abajo se encuentran los nombres de la Lista 124 de DCI propuestas – COVID-19 (edición especial) que han alcanzado el estatus de DCI recomendadas.

acapatamabum

acapatamab

immunoglobulin scFv-scFv-scFc, anti-[*Homo sapiens* FOLH1 (folate hydrolase, prostate specific membrane antigen, PSMA)] and anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], monoclonal antibody single chain (scFv)2-scFc, bispecific; IG single chain scFv-scFv-scFc, anti FOLH1 and anti-CD3E (1-986) [scFv-VH-V-kappa anti-FOLH1 (1-243) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-11*01 G49>C (44) (84.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110) (1-121) -15-mer-tris(tetraglycyl-seryl) linker (122-136)-V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-16*01 (79.3%) -IGKJ2*01 Q120>C (236) (90.9%)) CDR-IMGT [6.3.9] (163-168.186-188.225-233) (137-243)] -6-mer seryl-tetraglycyl-seryl linker (244-249) -scFv-VH-V-lambda anti-CD3E (250-498) [VH (*Mus musculus*IGHV10-1*02 (91.9%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (86.7%)/*Homo sapiens*IGHV3-73*01 (87.0%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (100%)) CDR-IMGT [8.10.16] (275-282.300-309.348-363) (250-374) -15-mer-tris(tetraglycyl-seryl) linker (375-389) -V-LAMBDA (*Homo sapiens*IGLV7-43*01 (85.1%) -IGLJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [9.3.9] (415-423.441-443.480-488) (390-498)] -4-mer- tetraglycyl linker (499-502) -scFc (h-CH2-CH3)-(h-CH2-CH3) (503-986) [*Homo sapiens*IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 (hinge 6-15 (503-512), CH2 R83>C (574), N84.4>G (579), V85>C (584) (513-622), CH3 E12 (638), M14 (640) (623-727), CHS (728-729)) (503-729) -30-mer hexakis(tetraglycyl-seryl) linker (730-759) -*Homo sapiens*IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 (hinge 6-15 (760-769), CH2 R83>C (831), N84.4>G (836), V85>C (841) (770-879), CH3 E12 (895), M14 (897) (880-984), CHS (985-986)) (760-986)]], non-glycosylated, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells

acapatamab

immunoglobuline scFv-scFv-scFc, anti-[*Homo sapiens* FOLH1 (folate hydrolase, antigène membranaire spécifique de la prostate, PSMA)], et anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], anticorps monoclonal à chaîne unique (scFv)2-scFc, bispécifique;

IG à chaîne unique scFv-scFv-scFc, anti FOLH1 et anti-CD3E (1-986) [scFv-VH-V-kappa anti-FOLH1 (1-243) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-11*01 G49>C (84.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110) (1-121) -15-mer-tris(tétraglycyl-séryl) linker (122-136)-V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (79.3%) -IGKJ2*01 Q120>C (236) (90.9%)) CDR-IMGT [6.3.9] (163-168.186-188.225-233) (137-243)] -6-mer-séryl-tétraglycyl-séryl linker (244-249) -scFv-VH-V-lambda anti-CD3E (250-498) [VH (*Mus musculus* IGHV10-1*02 (91.9%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (86.7%)/*Homo sapiens* IGHV3-73*01 (87.0%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (100%)) CDR-IMGT [8.10.16] (275-282.300-309.348-363) (250-374) -15-mer-tris(tétraglycyl-séryl) linker (375-389) -V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV7-43*01 (85.1%) -IGLJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [9.3.9] (415-423.441-443.480-488) (390-498)] -4-mer-tétraglycyl linker (499-502) -scFc (h-CH2-CH3)-(h-CH2-CH3) (503-986) [*Homo sapiens* IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 (charnière 6-15 (503-512), CH2 R83>C (574), N84.4>G (579), V85>C (584) (513-622), CH3 E12 (638), M14 (640) (623-727), CHS (728-729)) (503-729) -30-mer-hexakis(tétraglycyl-séryl) linker (730-759) -*Homo sapiens* IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 (charnière 6-15 (760-769), CH2 R83>C (831), N84.4>G (836), V85>C (841) (770-879), CH3 E12 (895), M14 (897) (880-984), CHS (985-986)) (760-986)]], non-glycosylé, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO)

acapatamab

inmunoglobulina scFv-scFv-scFc, anti-[*Homo sapiens* FOLH1 (folato hidrolasa, antigéno membranario específico de la prostata, PSMA)], y anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 épsilon, Leu-4)], anticuerpo monoclonal con cadena única (scFv)2-scFc, biespecífica;
IG con cadena única scFv-scFv-scFc, anti FOLH1 y anti-CD3E (1-986) [scFv-VH-V-kappa anti-FOLH1 (1-243) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-11*01 G49>C (84.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110) (1-121) -15-mer-tris(tetraglicil-seril) linker (122-136)-V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (79.3%) -IGKJ2*01 Q120>C (236) (90.9%)) CDR-IMGT [6.3.9] (163-168.186-188.225-233) (137-243)] -6-mer-seril-tetraglicil-seril linker (244-249) -scFv-VH-V-lambda anti-CD3E (250-498) [VH (*Mus musculus* IGHV10-1*02 (91.9%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (86.7%)/*Homo sapiens* IGHV3-73*01 (87.0%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (100%)) CDR-IMGT [8.10.16] (275-282.300-309.348-363) (250-374) -15-mer-tris(tetraglicil-seril) linker (375-389) -V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV7-43*01 (85.1%) -IGLJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [9.3.9] (415-423.441-443.480-488) (390-498)] -4-mer-tetraglicil linker (499-502) -scFc (h-CH2-CH3)-(h-CH2-CH3) (503-986) [*Homo sapiens* IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 (bisagra 6-15 (503-512), CH2 R83>C (574), N84.4>G (579), V85>C (584) (513-622), CH3 E12 (638), M14 (640) (623-727), CHS (728-729)) (503-729) -30-mer-hexakis(tetraglicil-seril) linker (730-759) -*Homo sapiens* IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 (bisagra 6-15 (760-769), CH2 R83>C (831), N84.4>G (836), V85>C (841) (770-879), CH3 E12 (895), M14 (897) (880-984), CHS (985-986)) (760-986)]], no glicosilado, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO)

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada				
QVQLVESGGG	LVPKPGESLRL	SCAASGFTFS	DYYMYWVRQA	PGKCLEWVAI 50
ISDGGYYTYY	SDIIKGRFTI	SRDNAKNSLY	LQMNSLKAED	TAVYYCARGF 100
PLLRHGAMDY	WGQGTIVTVS	SGGGSGGGGG	SGGGGSDIQM	TQSPSSLSAS 150
VGDRVITITCK	ASQNVDTNVA	WYQKPGQAP	KSLLYSASYV	YWDVPSRFSG 200
SASGTDFTLT	ISSVQSEDF	TYQCQYDQQ	LITFGCGTKL	EIKSGGGGSE 250
VQLVESGGGL	VQPGGSLKLS	CAASGFTFNK	YAMNWRWQAP	KGLEWVARI 300
RSKYNNYATY	YADSVKDRFT	ISRDDSKNTA	YLQMNNLKTE	DTAVYYCVRH 350
GNFGNSIYIS	WAYWGQGTIV	TVSSGGGGSG	GGSGGGGGSQ	TVTVQEPSLT 400
VSPGGTVILT	CGSSTGAVTS	GNYPNWWQK	PGQAPRGLIG	GTKFLAPGTP 450
ARFSGSLGG	KAALTLSGVQ	PEDEAEYYCV	LMWYNRWVFG	GGTKLTVLGG 500
GGDKTHTCPP	CPAPELLGGP	SVFLFPKPK	DTLMISRTPE	VTCVVDVSH 550
EDPEVKFNWY	VDGVEVHNK	TKPCEEYQGS	TYRCVSVLTV	LHQDVLNGKE 600
YKCKVSNKAL	PAPIEKTISK	AKGQPREPQV	YTLPPSREEM	TKNQVSLTCL 650
VKGFYPSDIA	VWESNGQPE	NNYKTTTPVL	DSGDSFFLYS	KLTVDKSRWQ 700
QGNVFSCSVM	HEALHNHYTQ	KSLSLSPGKG	GGSGGGGGSG	GGSGGGGGSG 750
GGSGGGGGSD	KTHTCPPCPA	PELLGGPSVF	LFPFKPKDTL	MISRTPEVTC 800
VVVDVSHEDP	EVKFNWYVDG	VEVHNATKPK	CEEQYGSTYR	CVSVLTVLHQ 850
DWLNKGEYKC	KVSNKALPAP	IEKTISKAKG	QPREPQVYTL	PPSREEMTKN 900
QVSLTCLVKG	FYPSDIAVEW	ESNGQPENNY	KTTTPVLDSD	GSFFLYSKLT 950
VDSRWQQGN	VFSCSVMHEA	LHNHYTQKSL	SLSPGK	986
Post-translational modifications				
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro				
Intra-V (C23-C104)	22-96	159-224	271-347	411-479
Intra-C (C23-C104)	543-603	649-707	800-860	906-964
Intra-CH2 (C83-C85)	574-584	831-841		
Inter-VH-VL (C49-C120)	44-236			
Inter-h11 (h 11 - h 11)	508-765			
Inter-h14 (h 14 - h 14)	511-768			
No N-glycosylation sites / pas de sites de N-glycosylation / ningún posición de N-glicosilación				
CH2 N84.4-G:				
579, 836				
Aglycosylated				
C-terminal lysine clipping / Coupeure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal				
CHS K2:				
986				

adrenomedullinum pegolum #
adrenomedullin pegol

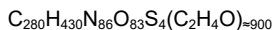
human adrenomedullin, C-terminal L-tyrosil amide, pegylated at O⁴ of Y¹ with [(3S)-3-amino-4-[(2R)-1-amino-3-[(3RS)-2,5-dioxo-1-{3-oxo-3-[α-methyl(polyoxyethylene)-ω-amino]propyl]pyrrolidin-3-yl)sulfanyl]-1-oxopropan-2-yl]amino]-4-oxobutyl]carbamoyle; O^{4.1}-[(3S)-3-amino-4-[(2R)-1-amino-3-[(3RS)-1-{3-[α-methylpoly(oxyethylene)-ω-amino]-3-oxopropyl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl)sulfanyl]-1-oxopropan-2-yl]amino]-4-oxobutyl]carbamoyle]adrenomedullin (human)

adrénomedulline pégol

adrénoméduiline humaine, L-tyrosil amide C-terminal, péglée en O⁴ de Y¹ avec [(3S)-3-amino-4-[(2R)-1-amino-3-[(3RS)-2,5-dioxo-1-{3-oxo-3-[α-méthyl(polyoxyéthylène)-ω-amino]propyl]pyrrolidin-3-yl)sulfanyl]-1-oxopropan-2-yl]amino]-4-oxobutyl]carbamoyle; O^{4.1}-[(3S)-3-amino-4-[(2R)-1-amino-3-[(3RS)-1-{3-[α-méthylpoly(oxyéthylène)-ω-amino]-3-oxopropyl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl)sulfanyl]-1-oxopropan-2-yl]-4-oxobutyl]carbamoyle]adrénoméduiline (humaine)

adrenomedulina pegol

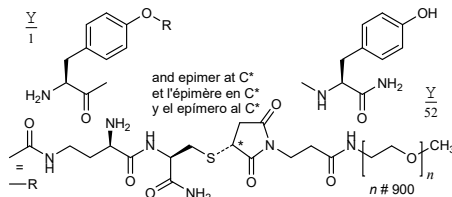
adrenomedulina humana, C-terminal L-tirosil amida, pegilada en O⁴ de Y¹ con [(3S)-3-amino-4-[(2R)-1-amino-3-[(3RS)-2,5-dioxo-1-{3-oxo-3-[α-metil(polioxi-etileno)-ω-amino]propil]pirrolidin-3-il)sulfanil]-1-oxopropan-2-il]amino]-4-oxobutil]carbamoilo; O^{4.1}-[(3S)-3-amino-4-[(2R)-1-amino-3-[(3RS)-1-{3-[α-metilpoli(oxi-etileno)-ω-amino]-3-oxopropil]-2,5-dioxopirrolidin-3-il)sulfanil]-1-oxopropan-2-il]-4-oxobutil]carbamoilo]adrenomedulina (humana)



Sequence / Séquence / Secuencia

YRQSMNFPQG LRSFGCRFGT CTVQKLAHQI YQFTDKDKDN VAPRSKISQP 50
GY 52Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
36-86 43-89

Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados

**aldumastatum**

aldumastat

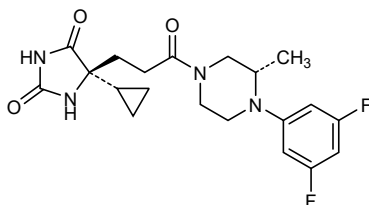
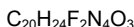
(5S)-5-cyclopropyl-5-{3-[(3S)-4-(3,5-difluorophenyl)-3-methylpiperazin-1-yl]-3-oxopropyl}imidazolidine-2,4-dione

aldumastat

(5S)-5-cyclopropyl-5-{3-[(3S)-4-(3,5-difluorophényl)-3-méthylpipérazin-1-yl]-3-oxopropyl}imidazolidine-2,4-dione

aldumastat

(5S)-5-ciclopopil-5-{3-[(3S)-4-(3,5-difluorofenil)-3-metilpiperazin-1-il]-3-oxopropil}imidazolidina-2,4-diona

**alnuctamabum #**

alnuctamab

immunoglobulin G1-kappa/lambda with domain crossover, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF17 (TNF receptor superfamily member 17, tumor necrosis factor receptor superfamily, member 17, B cell maturation antigen, BCMA, BCM, TNFRSF13A, CD269)] and anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], monoclonal antibody, bispecific, trivalent; gamma1-lambda heavy chain anti-TNFRSF17 and anti-CD3E (VH-CH1-V-lambda-CH1-h-CH2-CH3) (1-671) [VH anti-TNFRSF17 (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105) (1-116) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17 (CH1 K26>E (146), K119>E (212), K120 (213) (117-214), hinge 1-6 (215-220)) (117-220) -10-mer bis(tetraglycyl-seryl) linker (221-230) -V-LAMBDA anti-CD3E (*Mus musculus* IGLV1*01 (81.2%) -IGLJ1*01 (100%)/*Homo sapiens* IGLV7-46*01 (80.0%) -IGLJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [9.3.9] (256-264.282-284.321-329) (231-339)) -2-mer diseryl linker (340-341) -*Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17,1, G1v14 CH2 A1.3, A1.2, G1v32 CH3 W22 (CH1 K120 (438) (342-439), hinge 1-15 (440-454), CH2 L1.3>A (458), L1.2>A (459), P114>G (553) (455-564), CH3 S10>C (578), D12 (580), L14 (582), T22>W (590) (565-669), CHS (670-671)) (342-671)],

(219-216')-disulfide with kappa light chain anti-TNFRSF17 (1'-216') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (90.6%) -IGKJ1*01 (91.7%)) CDR-IMGT [7.3.10] (27-33.51-53.90-99) (1'-109') -*Homo sapiens* IGKC*01 (98.1%) E12>R (125), Q13>K (126), Km3 A45.1 (155), V101 (193) (110'-216')]; (444-232'')-disulfide with VH-C-kappa light chain anti-CD3E, (1'''-232''') [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*03 (87.0%) - (IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%)) CDR-IMGT [8.10.16] (26-33.51-60.99-114) (1'''-125''') -*Homo sapiens* IGKC*01 (99.1%) T1.3>S (127), Km3 A45.1 (171), V101 (209) (126'''-232''')]; gamma1 heavy chain anti-TNFRSF17 (1''-446'') [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (94.9%) - (IGHD) -IGHJ5*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105) (1''-116'') -*Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17,1, G1v14 CH2 A1.3, A1.2, G1v33 CH3 S22, A24, V86 (CH1 K26>E (146), K119>E (212), K120 (213) (117''-214''), hinge 1-15 (215''-229''), CH2 L1.3>A (233), L1.2>A (234), P114>G (328) (230''-339''), CH3 Y5>C (348), D12 (355), L14 (357), T22>S (365), L24>A (367), Y86>V (406) (340''-444''), CHS (445''-446'') (117''-446'')]; (219''-216''')-disulfide with kappa light chain anti-TNFRSF17 (1''''-216''') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (90.6%) -IGKJ1*01 (91.7%)) CDR-IMGT [7.3.10] (27-33.51-53.90-99) (1''''-109''') -*Homo sapiens* IGKC*01 (98.1%) E12>R (125), Q13>K (126), Km3 A45.1 (155), V101 (193) (110''''-216''')]; dimer (450-225'':453-228':578-348'')-trisdissulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa

alnuctamab

immunoglobuline G1-kappa/lambda avec domaines échangés, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF17 (membre 17 de la superfamille des récepteurs du TNF, membre 17 de la superfamille des récepteurs du facteur de nécrose tumorale, antigène de maturation de cellule B, BCMA, BCM, TNFRSF13A, CD269)] et anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], anticorps monoclonal, bispécifique, trivalent; chaîne lourde gamma1 anti-TNFRSF17 et anti-CD3E (VH-CH1-V-lambda-CH1-h-CH2-CH3) (1-671) [VH anti-TNFRSF17 (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (94.9%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105) (1-116) -*Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17 (CH1 K26>E (146), K119>E (212), K120 (213) (117-214), charnière 1-6 (215-220)) (117-220) -10-mer bis(tétraglycyl-séryl) linker (221-230) -V-LAMBDA anti-CD3E (*Mus musculus* IGLV1*01 (81.2%) -IGLJ1*01 (100%)/*Homo sapiens* (IGLV7-46*01 (80.0%) -IGLJ3*02 (100%) CDR-IMGT [9.3.9] (256-264.282-284.321-329) (231-339)) -2-merdiséryl linker (340-341) -*Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17,1,G1v14 CH2 A1.3, A1.2, G1v32 CH3 W22 (CH1 K120 (438) (342-439), charnière 1-15 (440-454), CH2 L1.3>A (458), L1.2>A (459), P114>G (553) (455-564), CH3 S10>C (578), D12 (580), L14 (582), T22>W (590) (565-669), CHS (670-671)) (342-671)], (219-216')-disulfure avec la chaîne légère kappa anti-TNFRSF17 (1'-216') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (90.6%) -IGKJ1*01 (91.7%)) CDR-IMGT [7.3.10] (27-33.51-53.90-99) (1'-109') -*Homo sapiens* IGKC*01 (98.1%) E12>R (125), Q13>K (126), Km3 A45.1 (155), V101 (193) (110'-216')]; (444-232'')-disulfure avec la chaîne légère VH-C-kappa anti-CD3E (1'''-232''') [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*03 (87.0%) -IGHJ6*01 (90.9%)) CDR-IMGT [8.10.16] (26-33.51-60.99-114) (1'''-125''') -*Homo sapiens* IGKC*01 (99.1%) T1.3>S (127), Km3 A45.1 (171), V101 (209) (126'''-232''')];

alnuctamab

chaîne lourde gamma1 anti-TNFRSF17 (1"-446") [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105) (1"-116") -*Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17,1, G1v14 CH2 A1.3, A1.2, G1v33 CH3 S22, A24, V86 (CH1 K26>E (146), K119>E (212), K120 (213) (117"-214"), charnière 1-15 (215"-229"), CH2 L1.3>A (233), L1.2>A (234), P114>G (328) (230"-339"), CH3 Y5>C (348), D12 (355), L14 (357), T22>S (365), L24>A (367), Y86>V (406) (340"-444"), CHS (445"-446")) (117"-446")], (219"-216"")-disulfure avec la chaîne légère kappa anti-TNFRSF17 (1""-216"" [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (90.6%) -IGKJ1*01 (91.7%)) CDR-IMGT [7.3.10] (27-33.51-53.90-99) (1""-109"" -*Homo sapiens* IGKC*01 (98.1%) E12>R (125), Q13>K (126), Km3 A45.1 (155), V101 (193) (110""-216"")); dimère (450-225":453-228":578-348")]-trisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

immunoglobulina G1-kappa/lambda con dominios cruzados, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF17 (miembro 17 de la superfamilia de los receptores del TNF, miembro 17 de la superfamilia de los receptores del factor de necrosis tumoral, antígeno de maduración de célula B, BCMA, BCM, TNFRSF13A, CD269)] y anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 épsilon, Leu-4)], anticuerpo monoclonal, biespecífico, trivalente; cadena pesada gamma1 anti-TNFRSF17 y anti-CD3E (VH-CH1-V-lambda-CH1-h-CH2-CH3) (1-671) [VH anti-TNFRSF17 (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105) (1-116) -*Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17 (CH1 K26>E (146), K119>E (212), K120 (213) (117-214), bisagra 1-6 (215-220)) (117-220) -10-mer bis(tetraglicil-seril) linker (221-230) -V-LAMBDA anti-CD3E (*Mus musculus* IGLV1*01 (81.2%) -IGLJ1*01 (100%))/*Homo sapiens* (IGLV7-46*01 (80.0%) -IGLJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [9.3.9] (256-264.282-284.321-329) (231-339)) -2-merdiseril linker (340-341) -*Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17,1,G1v14 CH2 A1.3, A1.2, G1v32 CH3 W22 (CH1 K120 (438) (342-439), bisagra 1-15 (440-454), CH2 L1.3>A (458), L1.2>A (459), P114>G (553) (455-564), CH3 S10>C (578), D12 (580), L14 (582), T22>W (590) (565-669), CHS (670-671)) (342-671)], (219-216')-disulfuro con la cadena ligera kappa anti-TNFRSF17 (1'-216') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (90.6%) -IGKJ1*01 (91.7%)) CDR-IMGT [7.3.10] (27-33.51-53.90-99) (1'-109') -*Homo sapiens* IGKC*01 (98.1%) E12>R (125), Q13>K (126), Km3 A45.1 (155), V101 (193) (110'-216')]; (444-232')-disulfuro con la cadena ligera VH-CH1-kappa anti-CD3E (1""-232"" [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*03 (87.0%) -IGHJ6*01 (90.9%)) CDR-IMGT [8.10.16] (26-33.51-60.99-114) (1""-125"" -*Homo sapiens* IGKC*01 (99.1%) T1.3>S (127), Km3 A45.1 (171), V101 (209) (126""-232"")); cadena pesada gamma1 anti-TNFRSF17 (1"-446") [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105) (1"-116") -*Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17,1, G1v14 CH2 A1.3, A1.2, G1v33 CH3 S22, A24, V86 (CH1 K26>E (146), K119>E (212), K120 (213) (117"-214"), bisagra 1-15 (215"-229"), CH2 L1.3>A (233), L1.2>A (234), P114>G (328) (230"-339"), CH3 Y5>C (348), D12 (355), L14 (357), T22>S (365), L24>A (367), Y86>V (406) (340"-444"), CHS (445"-446")) (117"-446")], (219"-216"")-disulfuro con la cadena ligera kappa anti-TNFRSF17 (1""-216"" [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (90.6%) -IGKJ1*01 (91.7%)) CDR-IMGT [7.3.10] (27-33.51-53.90-99) (1""-109"" -*Homo sapiens* IGKC*01 (98.1%) E12>R (125), Q13>K (126), Km3 A45.1 (155), V101 (193) (110""-216"")); dímero (450-225":453-228":578-348")]-trisulfuro, producido en las células ováricas de hamster chino (CHO), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (1°-671 anti-TNFRSF17 and anti-CD3)

EVQLLESGGG	LVQPGGSLRL	SCAASGFTFS	DNAMGWVRQA	PGKGLEWVSA	50
ISGPGSSSTYY	ADSVKGRFTI	SRDNSKNTLY	LQMNSLRAED	TAVYYCAKVL	100
GWFDYWGQGT	LVTVSSASTK	GPSVFPLAPS	SKSTSGGTAA	LGCLVEDYFP	150
EPVTVSWNSG	ALTSVGHTEF	AVLQSSGLYS	LSSVTVTPSS	SLGTQTYICN	200
VNHKPSNTKV	DEKVEPKSCD	GGGSGSGGGS	QAVVTQEPST	TVSPGGTVTL	250
TCGSSSTGAVT	TSNYANWVQE	KPGQAFRLGI	GGTNKRAPGT	PARFSGSLLG	300
GKAALTLSGA	QPEDEAEYYC	ALWYSNLWVF	GGGTKLTVLS	SASTKGPSVF	350
PLAPSSKSTS	GGTAALGCLV	KDYFPEPTV	SWNSGALTSG	VHTFPAVLQS	400
SGLYSLSSVV	TVPSSSLGTQ	TYICNVNHKP	SNTRKVDKKE	PKSCDKTHTC	450
PFCPAPEAAG	GPSVFLFPFK	PKDTLMISRT	PEVTCVVVDV	SHEDPEVKFN	500
WYVDGVEVHN	AKTKPREEQY	NSTRYVSVSL	TVLHQDWLNG	KEYKCKVSNK	550
ALGAPIEKTI	SKAKGPREFP	QVYTLPPCRD	ELTKNQVSLW	CLVKGFYPSD	600
IAVEWESNGQ	PENNYKTTTP	VLDSGGSFFL	YSKLTVDKSR	WQQGNVFCSS	650
VMHEALHNHY	TQKSLSLSPG	K			671

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (1°-446° anti-TNFRSF17)

EVQLLESGGG	LVQPGGSLRL	SCAASGFTFS	DNAMGWVRQA	PGKGLEWVSA	50
ISGPGSSSTYY	ADSVKGRFTI	SRDNSKNTLY	LQMNSLRAED	TAVYYCAKVL	100
GWFDYWGQGT	LVTVSSASTK	GPSVFPLAPS	SKSTSGGTAA	LGCLVEDYFP	150
EPVTVSWNSG	ALTSVGHTEF	AVLQSSGLYS	LSSVTVTPSS	SLGTQTYICN	200
VNHKPSNTKV	DEKVEPKSCD	KTHTCPPCPA	PEAAGGPSVF	LFPKPKDRTL	250
MISRTPEVTC	VVVDVSHEDP	EVKFNWYVDG	VEVHNKATKP	REEQYNSTYR	300
VVSVTLVLHQ	DWLNKKEYCK	KVSNKALGAP	IEKTIISKAKG	QPREPQVCTL	350
PFSRDELTKN	QVSLSCAVKG	FYPSDIAVEH	ESNGQPENNY	KTTFPVLDS	400
GSFFLVSKLT	VDKSRWQQGN	VFSCSVMHAE	LHNHYTQKSL	SLSPGK	446

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (1°-216° and 1°-216° anti-TNFRSF17)

EIVLTQSPGT	LSLSPGERAT	LSCRASQSVS	DEYLSWYQQK	PGQAPRLLIH	50
SASTRATGIP	DRFSGSGSGT	DFTLAISRLE	PEDFAVYYCQ	QYGYPPDFTF	100
GQGTQVEIKR	TVAAPSVFIF	PFSDRKLKSG	TASVYCLINN	FYPREKPVQW	150
KVDNALQSGN	SQESVTEQDS	KDSTYLSST	LTLKADYER	HKVYACEVTH	200
QGLSSPVTKS	FNRGEC				216

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (1°-232° anti-CD3E)

EVQLLESGGG	LVQPGGSLRL	SCAASGFTFS	TYAMNWVRQA	PGKGLEWVSR	50
IRSKYNNYAT	YYADSVKGRF	TISRDSKNT	LYLQMNSLRA	EDTAVYYCVR	100
HGNFNGSYVS	WFAYWGQGT	VTVSSASVAA	PSVFIFPPSD	EQLKSGTASV	150
VCLLNIFYPR	EAKVQWKVDN	ALQSGNSQES	VTEQDSKDS	YLSSTLTLS	200
KADYEKHKVY	ACEVTHQGLS	SPVTKSFNRG	EC		232

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104)	22-96	143-199	252-320	368-424	485-545	591-649
--------------------	-------	---------	---------	---------	---------	---------

Intra-L (C23-C104)	23°-89°	136°-196°
	22°-98°	152°-212°
	23°-89°	136°-196°

Inter-H-L (h 5-CL 126) 219-216° 444-232° 219°-216°

Inter-H-H (h 11, h 14) 450-225° 453-228°

Inter-H-H engineered 578-348°

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

H CH2 N84.4:

521, 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:

671, 446°

ancremonamum

ancremonam

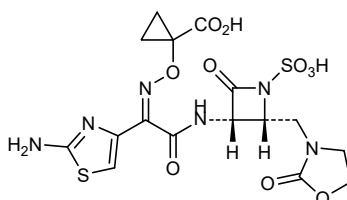
1-(((Z)-[1-(2-amino-1,3-thiazol-4-yl)-2-oxo-2-(((3S,4R)-2-oxo-4-[(2-oxo-1,3-oxazolidin-3-yl)methyl]-1-sulfoazetididin-3-yl)amino)ethylidene]amino)oxy)cyclopropane-1-carboxylic acid

ancrémonam

acide1-(((Z)-[1-(2-amino-1,3-thiazol-4-yl)-2-oxo-2-(((3S,4R)-2-oxo-4-[(2-oxo-1,3-oxazolidin-3-yl)méthyl]-1-sulfoazétididin-3-yl)amino)éthylidène]amino)oxy)cyclopropane-1-carboxylique

ancremonam

ácido1-(((Z)-[1-(2-amino-1,3-tiazol-4-il)-2-oxo-2-(((3S,4R)-2-oxo-4-[(2-oxo-1,3-oxazolidin-3-il)metil]-1-sulfoazetididin-3-il)amino)etilideno]amino)oxi)ciclopropano-1-carboxílico



apitegromabum #
apitegromab

immunoglobulin G4-lambda, anti-[*Homo sapiens* pro-MSTN (pro-growth differentiation factor 8, pro-GDF8, pro-myostatin, pro-GDF-8)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;

gamma4 heavy chain *Homo sapiens* (1-452) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-30*03 (100%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (94.4%)) CDR-IMGT [8.8.19] (26-33.51-58.97-115) (1-126)-*Homo sapiens*IGHG4*01, G4v5 h P10 (CH1 (127-224), hinge 1-12 S10>P (234) (225-236), CH2 (237-346), CH3 (347-451), CHS K>del (452)) (127-452)], (140-214')-disulfide with lambda light chain *Homo sapiens* (1'-215') [V-LAMBDA (*Homo sapiens*IGLV1-44*01 (98%) -IGLJ2*01 (100%)) CDR-IMGT [8.3.10] (26-33.51-53.90-99) (1'-109') -*Homo sapiens*IGLC2*01 (100%) (110'-215')]; dimer (232-232":235-235")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa

apitégromab

immunoglobuline G4-lambda, anti-[*Homo sapiens* pro-MSTN (pro-facteur de croissance et de différenciation 8, pro-GDF8, pro-myostatine, pro-GDF-8)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;

chaîne lourde gamma4 *Homo sapiens* (1-452) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-30*03 (100%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (94.4%)) CDR-IMGT [8.8.19] (26-33.51-58.97-115) (1-126)-*Homo sapiens*IGHG4*01, G4v5 h P10 (CH1 (127-224), charnière 1-12 S10>P (234) (225-236), CH2 (237-346), CH3 (347-451), CHS K>del (452)) (127-452)], (140-214')-disulfure avec la chaîne légère lambda *Homo sapiens* (1'-215') [V-LAMBDA (*Homo sapiens*IGLV1-44*01 (98%) -IGLJ2*01 (100%)) CDR-IMGT [8.3.10] (26-33.51-53.90-99) (1'-109') -*Homo sapiens*IGLC2*01 (100%) (110'-215')]; dimère (232-232":235-235")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

apitegromab

immunoglobulina G4-lambda, anti-[*Homo sapiens* pro-MSTN (pro-factor de crecimiento y de diferenciación 8, pro-GDF8, pro-miostatina, pro-GDF-8)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*;

cadena pesada gamma4 *Homo sapiens* (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*03 (100%) -(IGHD) - IGHJ6*01 (94.4%)) CDR-IMGT [8.8.19] (26-33.51-58.97-115) (1-126)-*Homo sapiens* IGHG4*01, G4v5 h P10 (CH1 (127-224), bisagra 1-12 S10>P (234) (225-236), CH2 (237-346), CH3 (347-451), CHS K>del (452)) (127-452)], (140-214')-disulfuro con la cadena ligera lambda *Homo sapiens* (1'-215') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-44*01 (98%) -IGLJ2*01 (100%)) CDR-IMGT [8.3.10] (26-33.51-53.90-99) (1'-109') - *Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (110'-215')]; dímero (232-232":235-235")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QVQLVESGGG VVQPGKSLRL SCAASGFTFS SYGMHWVRQA PGKGLEWVAV 50
ISYDGSNKYY ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARDL 100
LVRFLEWSHY YGMDVWGQGT TTVTSSASTK GPSVFPLAPC SRSTSESTAA 150
LGCLVKDYFP EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP AVLQSSGLYS LSSVTVTPSS 200
SLGKTITYTCN VDHKPSNTKV DKRVESKYGP PCPPCPAPEF LGGPSVFLFP 250
PKPKDTLMIS RTPEVTCVVV DVSQEDPEVQ FNNWYVDGVEV HNAKTKPRE 300
QFNSTYRVVS VLTVLHQDWL NGKEYKCKVS NKGLPSSIEK TISKAKGQPR 350
EFQVYTLPPS QEEMTKNQS LTCILVKGFYP SDIAVEWESN GQFENNYKTT 400
FFVLDSGGSF FLYSRLTVDK SRWQEGNVFS CSVMHEALHN HTYQKSLSL 450
LG 452

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
QSVLTQPPSA SGTTPGQRVTI SCSSSSNIG SNIVHWYQQL PGTA PKLLIY 50
SDNQRFSGVP DRFSGSKSGT SASLAISGLQ SEDEADYYCA AWDDSLNGVF 100
GGGKTLTVLG QPKAAPSVTL FPPSSEELQA NKATLVCLIS DFYPGAVTVA 150
WKADSSPVKA GVETTTPSKQ SNNKYAASSY LSLTPEQWKS HRSYSCQVTH 200
EGSTVEKTV PTECS 215

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 153-209 267-327 373-431
22"-96" 153"-209" 267"-327" 373"-431"
Intra-L (C23-C104) 22"-89" 137"-196"
22"-89" 137"-196"
Inter-H-L (h 10-CL 126) 140-214" 140"-214"
Inter-H-H (h 8, h 11) 232-232" 235-235"

N-terminal glutaminyl cyclization to pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolinyl)
H VH Q1:
1, 1"
L VL 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 biantenarijos complejos fucosilados.

asundexianum
asundexian

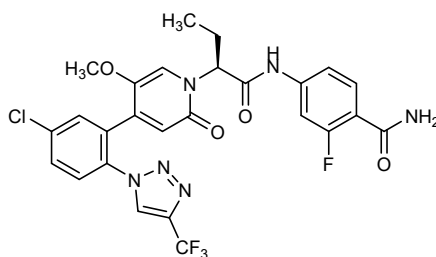
(4S)-2⁴-chloro-4-ethyl-7³-fluoro-3⁵-methoxy-3²,5-dioxo-1⁴-(trifluoromethyl)-3²H-6-aza-3(4,1)-pyridina-1(1)-[1,2,3]triazola-2(1,2),7(1)-dibenzenaheptaphane-7⁴-carboxamide

asundexian

(4S)-2⁴-chloro-4-éthyl-7³-fluoro-3⁵-méthoxy-3²,5-dioxo-1⁴-(trifluorométhyl)-3²H-6-aza-3(4,1)-pyridina-1(1)-[1,2,3]triazola-2(1,2),7(1)-dibenzénaheptaphane-7⁴-carboxamide

asundexián

(4S)-2⁴-cloro-4-etil-7³-fluoro-3⁵-metoxi-3²,5-dioxo-1⁴-(trifluorometil)-3²H-6-aza-3(4,1)-piridina-1(1)-[1,2,3]triazola-2(1,2),7(1)-dibencenaheptafano-7⁴-carboxamida



atidarsagenum autotemcelum #
atidarsagene autotemcel

Autologous CD34+ hematopoietic stem and progenitor cells transduced *ex vivo* with a replication-incompetent lentiviral vector encoding human arylsulfatase A (ARSA). Autologous CD34+ hematopoietic stem and progenitor cells (HSPC), obtained from bone marrow (BM) or mobilised peripheral blood (mPB), transduced *ex vivo* with a replication-incompetent pseudotyped HIV-1 based lentiviral vector encoding the human arylsulfatase A (ARSA) transgene under the control of a human phosphoglycerate kinase (PGK) promoter. The vector is pseudotyped with the vesicular stomatitis virus (VSV) envelope glycoprotein. The vector genome also contains a mutated Woodchuck hepatitis virus post-transcriptional regulatory element (WPRE), a fragment of the HIV-1 *gag*, the HIV-1 Rev response element (RRE), the HIV-1 central polypurine tract (cPPT) and a fragment of *nef*. The CD34+ cell population corresponds to an heterogeneous population of stem and progenitor cells, some expressing the CD90 and/or CD133 markers.

atidarsagène autotemcel

Des cellules souches et progénitrices hématopoïétiques CD34+ autologues ont été transduites *ex vivo* avec un vecteur lentiviral incompetent à la réplication codant pour l'arylsulfatase A humaine (ARSA). Des cellules souches et progénitrices hématopoïétiques CD34+ autologues (HSPC), obtenues à partir de moelle osseuse (BM) ou de sang périphérique mobilisé (mPB), ont été transduites *ex vivo* avec un vecteur lentiviral, à base de VIH-1 pseudotypé et incompetent à la réplication, codant pour le transgène de l'arylsulfatase A humaine (ARSA), sous le contrôle d'un promoteur de la phosphoglycérate kinase (PGK) humaine. Le vecteur est pseudotypé avec la glycoprotéine d'enveloppe du virus de la stomatite vésiculeuse (VSV). Le génome du vecteur contient également l'élément régulateur post-transcriptionnel Woodchuck (WPRE) du virus de l'hépatite, un fragment du *gag* du VIH-1, l'élément de réponse post-transcriptionnel (RRE) du VIH-1 et le tractus central de polypurine du VIH-1 (cPPT), ainsi qu'un fragment de *nef*. La population de cellules CD34+ correspond à une population hétérogène de cellules souches et progénitrices, certaines exprimant les marqueurs CD90 et/ou CD133.

atidarsagén autotemcel

Células troncales y progenitoras hematopoyéticas CD34+ autólogas transducidas *ex vivo* con un vector lentiviral incompetente en replicación que codifica para la arilsulfatasa A humana (ARSA). Las células troncales y progenitoras hematopoyéticas CD34+ autólogas, obtenidas de médula ósea o movilizadas de sangre periférica, se transducen *ex vivo* con un vector lentiviral basado en VIH-1seudotipado y incompetente en replicación, que codifica el transgen de la arilsulfatasa A humana (ARSA) bajo el control de un promotor de la fosfoglicerato quinasa humana (PGK). El vector estáseudotipado con la glicoproteína de la envuelta del virus de la estomatitis vesicular (VSV). El genoma del vector también contiene el elemento regulador post-transcripcional del virus de la hepatitis de la marmota (WPRE), un fragmento de *gag* del VIH-1, un elemento de respuesta post-transcripcional (RRE) del VIH-1 y un tramo central de poli-purinas (cPPT) de VIH-1, así como un fragmento de *nef*. La población de células CD34+corresponde en una población de células troncales y progenitoras, algunas expressando los marcadores CD90 y/o CD133.

avipendekinum pegolum #
avipendekin pegol

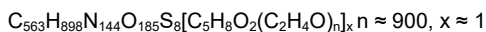
human L-methionyl-interleukin 15, produced in *Escherichia coli*, pegylated at N² of Met¹ and N⁶ of Lys residues with 4-[α-methylpoly(oxyethylene)-ω-oxy]butanoyl groups;
L-methionyl-interleukin 15 (human, non-glycosylated), produced in *Escherichia coli*, substituted on an average of one site among N² of Met¹ and/or N⁶ of lysyl residues with 4-[α-methylpoly(oxyethylene)-ω-oxy]butanoyl groups (~40 kDa each)

avipendékine pégol

L-méthionyl-interleukine 15 humaine, produite par *Escherichia coli*, pégylée en N² de Met¹ et N⁶ des résidus Lys avec des groupes 4-[α-méthylpoly(oxyéthylène)-ω-oxy]butanoyle;
L-méthionyl-interleukine 15 (humaine, non-glycosylée), produite dans *Escherichia coli*, substituée sur une moyenne d'un site parmi le N² du Met¹ et/ou N⁶ des résidus lysyl par des groupes 4-[α-méthylpoly(oxyéthylène)-ω-oxy]butanoyle (~40 kDa chacun)

avipendekina pegol

L-metionil-interleukina 15 humana, producida en *Escherichia coli*, pegilada en N² de Met¹ y N⁶ de residuos Lis con grupos 4-[α-metilpoli(oxietileno)-ω-oxi]butanoilo;
L-metionil-interleukina 15 (humana, no glicosilada), producida en *Escherichia coli*, sustituida pro término medio de un sitio entre el N² del Met¹ y/o el N⁶ de los residuos lisil por grupos 4-[α-metilpoli(oxietileno)-ω-oxi]butanoilo (~40 kDa cada uno)



Sequence / Séquence / Secuencia

~~M~~NWNVISDL ~~K~~KIEDLIQSM HIDATLYTES DVHPSC~~K~~VTA ~~M~~KCFLELQV 50
 ISLESGDASI HDTVENLIIL ANNSLSSNGN VTESGC~~K~~ECE ELE~~E~~~~K~~NI~~K~~EF 100
 LQSFVHIVQM FINTS 115

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
 36-86, 43-89

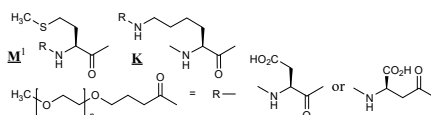
Partial deamidation / Désamidation partielle / Desamidación parcial

N78 (Asn>Asp, isoaspartyl)

Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados

avipendekin : pegol ~ 1:1

M¹ (Met 1: ~32-40 %), **K** (Lys 11, 37, 42, 87: ~33-42 %; Lys 12, 95, 98: ~18-35 %)

**avotaciclimum**

avotaciclib

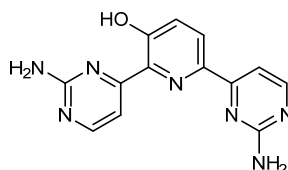
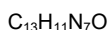
2,6-bis(2-aminopyrimidin-4-yl)pyridin-3-ol

avotaciclib

2,6-bis(2-aminopyrimidin-4-yl)pyridin-3-ol

avotaciclib

2,6-bis(2-aminopirimidin-4-il)piridin-3-ol

**azercabtagenium zapreleucelum #**

azercabtagene zapreleucel

Adult allogeneic CD4+ and CD8+ enriched T cells transduced with an anti-CD19 chimeric antigen receptor (CAR) that is site-specific integrated into the cellular genome.

Adult allogeneic CD4+ and CD8+ enriched T cells, gene edited through the electroporation of homing endonuclease mRNA, which is translated into endonuclease protein that introduces a double-stranded DNA break in exon 1 of the endogenous T cell receptor alpha constant (TRAC) locus. Cells are subsequently transduced with a recombinant non-replicating adeno-associated virus type 6 (rAAV6) vector, encoding an anti-CD19 CAR transgene consisting of a murine CD19-specific scFv (clone FMC63), a CD8 hinge/transmembrane domain, a novel 6 (N6) co-stimulatory domain and CD3 zeta signaling domain, under the control of the synthetic promoter JeT and the SV40 poly(A) signal. CAR transgene integration is achieved via homology directed recombination at the endonuclease target site (exon 1 of TRAC). Depletion of CD3+ cells is performed on the

	transduced cells to remove cells with functional endogenous T cell receptor (TCR). The substance is a mixture of non-effector (naive, stem cell memory, central memory) (CCR7+) and effector memory and effector (CCR7-) CD4+ and CD8+ T cells with generally $\geq 99\%$ T cell receptor knockout, and $\geq 40\%$ anti-CD19 CAR knock-in. Activation of the cells is accompanied <i>in vitro</i> by release of IFNγ, IL-2, IL-6, and TNFα in an antigen-dependent manner.
azercabtagène zapréleucel	Lymphocytes T adultes allogéniques de type CD4+ et CD8+ transduits avec un récepteur d'antigène chimérique (CAR) anti-CD19 qui est intégré de manière spécifique au site. Lymphocytes T allogéniques enrichies en cellules de type CD4+ et CD8+, dont les gènes ont été édités par l'électroporation du mRNA de l'endonuclease de ciblage, qui est traduite en une protéine endonuclease qui introduit une rupture d'ADN double brin dans l'exon 1 du locus du récepteur alpha endogène aux cellules T (TRAC). Les cellules sont transduites ensuite avec un vecteur du virus recombinant adéno-associé, non réplicatif de type 6 (rAAV6), qui code pour un transgène anti-CD19 CAR, qui consiste en un scFv spécifique à CD19 (clone FMC63), un domaine CD8 transmembranaire/charnière, en un nouveau domaine de co-stimulation 6 (N6) et en un domaine de signalisation CD3 zêta, sous le contrôle du promoteur synthétique JeT et d'un signal poly(A) SV40. L'intégration du transgène CAR est obtenue via la recombinaison homologue dirigée au site de ciblage de l'endonuclease (l'exon 1 du TRAC). La déplétion des cellules CD3+ est effectuée sur les cellules transduites pour éliminer les cellules avec des récepteurs T (TCR) endogènes. La substance est un mélange de lymphocytes T non-effecteurs (naïfs, cellules souches mémoire, mémoire centrale) (CCR7+) et lymphocytes T mémoire effecteurs et effecteurs (CCR7-) CD4+ et CD8+ avec en général $\geq 99\%$ de récepteurs des lymphocytes T knock-out et $\geq 40\%$ de CAR anti-CD19 knock-in. L'activation des cellules est accompagnée <i>in vitro</i> par le relâchement d'IFNγ, IL-2, IL-6, et TNFα d'une manière antigène-dépendante.
azercabtagén zapreleucel	Linfocitos T adultos, alogénicos, enriquecidos en CD4+ y CD8+, transducidos con un receptor de antígenos quimérico (CAR) anti-CD19 que se integra en el genoma celular de forma específica de sitio. Linfocitos T adultos, alogénicos, enriquecidos en CD4+ y CD8+, con genes editados mediante la electroporación del ARNm de una endonucleasa de homing, que se traduce a una proteína endonucleasa que introduce una rotura en el ADN de doble cadena en el exón 1 del locus de la región constante del receptor alfa de células T endógenas (TRAC). Las células son posteriormente transducidas con un vector recombinante, no replicativo, de virus adeno-asociado tipo 6 (rAAV6) que codifica para un transgén de CAR anti-CD19 que consiste en un scFv murino nti-CD19 (clon FMC63), un dominio bisagra/transmembrana

CD8, un nuevo dominio de co-estimulación 6 (N6) y el dominio de señalización CD3 zeta, bajo el control del promotor sintético JeT y la señal poly(A) del SV40. La integración del transgén CAR se consigue mediante recombinación homóloga dirigida en el sitio diana de la endonucleasa (exón 1 de TRAC). Se realiza la depleción de células CD3+ en las células transducidas para eliminar las células con un receptor de células T (TCR) endógeno funcional. La sustancia es una mezcla de linfocitos T no efectores (ingenuos, células troncales memoria, memoria central) (CCR7+) y linfocitos T memoria efectores y efectores (CCR7-) CD4+ y CD8+ con en general ≥99% de receptores de linfocitos T (TCR) knock-out y ≥40% de CAR anti-CD19 knock-in. La activación de las células está acompañada *in vitro* por la liberación de IFN γ , IL-2, IL-6, y TNF α de una manera antígeno-dependiente.

bapotulimabum #
bapotulimab

immunoglobulin G2-kappa, anti-[*Homo sapiens* ILDR2 (immunoglobulin like domain containing receptor 2, C1orf32)], *Homo sapiens* monoclonal antibody; gamma2 heavy chain *Homo sapiens* (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*10 (100%) -(IGHD) - IGHJ5*01 (81.2%)) CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG2*01, G2m.. CH2 V45.1 (CH1 (121-218), hinge 1-12 (219-230), CH2 V45.1 (281) (231-339), CH3 (340-444), CHS K>del (445)) (121-445)], (134-219')-disulfide with kappa light chain *Homo sapiens* (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-28*01 (99%) -IGKJ4*01 (83.3%)) 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 (222-222":223-223":226-226":229-229")-tetrakisdisulfide, produced in a Chinese hamster ovary (CHO)-derived cell line, glycoform alfa

bapotulimab

immunoglobuline G2-kappa, anti-[*Homo sapiens* ILDR2 (récepteur 2 contenant un domaine immunoglobuline-like, C1orf32)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*; chaîne lourde gamma2 *Homo sapiens* (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*10 (100%) -(IGHD) - IGHJ5*01 (81.2%)) CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG2*01, G2m.. CH2 V45.1 (CH1 (121-218), charnière 1-12 (219-230), CH2 V45.1 (281) (231-339), CH3 (340-444), CHS K>del (445)) (121-445)], (134-219')-disulfure avec la chaîne légère kappa *Homo sapiens* (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-28*01 (99%) -IGKJ4*01 (83.3%)) 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 (222-222":223-223":226-226":229-229")-tétrakisdisulfure, produite dans une lignée cellulaire dérivée des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

bapotulimab

immunoglobulina G2-kappa, anti-[*Homo sapiens* ILDR2 (receptor 2 que contiene un dominio inmunoglobulina-like, C1orf32)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*; cadena pesada gamma2 *Homo sapiens* (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*10 (100%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (81.2%)) CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG2*01, G2m.. CH2 V45.1 (CH1 (121-218), bisagra 1-12 (219-230), CH2 V45.1 (281) (231-339), CH3 (340-444), CHS K>del (445)) (121-445)], (134-219')-disulfuro con la cadena ligera kappa *Homo sapiens* (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-28*01 (99%) -IGKJ4*01 (83.3%)) 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 (222-222":223-223":226-226":229-229")-tetrakisdisulfuro, producido en una línea celular derivada de las células ováricas de hamster chino (CHO), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGTFS SYAISWVRQA PGQGLEWMGG 50
IIPILGIANY AQKFQGRVTI TADKSTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARGR 100
LPYGFDFWSW GQGTLVTVSS ASTKGPSVF LAFCSRSTSE STAALGCLVK 150
DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSNFGTQT 200
YTCNVDHKPS NTKVDKTVR KCCVECPFCF APPVAGPSVF LFPPKPKDTL 250
MISRTPEVTC VVVDVSHEDP EVQFNWYVDG VEVHNAKTKP REEQFNSTFR 300
VVSVLTVVHQ DWLNGKEYKC KVSNGKLPAP IEKTISKTKG QPREPQVYTL 350
PPSREEMTKN QVSLTCLVKG FYPDSIAVEW ESNQGPENNY KTTPEMLDSD 400
GSFFLYSKLT VDKSRWQQGN VFSCSVMHAE LHNHYTQKSL SLSPG 445

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIVMTQSPLS LEVTPGEPAS ISCRSSQSL YSNGYNYLDW YLQKPGQSPQ 50
LLIYLGSNRA SGVPRDFSGS GSGTDFTLKI SRVEAEVDGV YYCQALQTP 100
LTFGGGKTLE IRRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVVL LNIFYPREAK 150
VQWVKDNLQ SGNSQESVTE QDSKSTSYSL 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' 147°-203' 260°-320' 366°-424'
22°-96" 147°-203" 260°-320" 366°-424"
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 4, h 5, h 8, h 11)* 222°-222' 223°-223" 226°-226" 229°-229"
*A-isoform, predominant

N-terminal glutaminyl cyclization to pyroglutaminyl (pE, 5-oxoprolyl)
H VH Q1:
1, 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4:
296, 296"

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

barecetamabum #
barecetamab

immunoglobulin G1-lambda, anti-[*Homo sapiens* ERBB3 (receptor tyrosine-protein kinase erbB-3, HER3)], *Homo sapiens* monoclonal antibody; gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (90.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*01, nG1m1, G1m17 (CH1 K120 (218) (122-219), hinge 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 E12 (360), M14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-215')-disulfide with lambda light chain *Homo sapiens* (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-47*02 (92.9%) -IGLJ2*01 (100%)) CDR-IMGT [8.3.11] (26-33.51-53.90-100) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC3*03 (100%) (111'-216')]; dimer (230-230":233-233")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO)-K1 cell line, glycoform alfa

barécétamab

immunoglobuline G1-lambda, anti-[*Homo sapiens* ERBB3 (récepteur à activité tyrosine kinase erbB-3, HER3)], *Homo sapiens* anticorps monoclonal;

chaîne lourde gamma1 *Homo sapiens* (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (90.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*01, nG1m1, G1m17 (CH1 K120 (218) (122-219), charnière 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 E12 (360), M14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (225-215')-disulfure avec la chaîne légère lambda *Homo sapiens* (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-47*02 (92.9%) -IGLJ2*01 (100%)) CDR-IMGT [8.3.11] (26-33.51-53.90-100) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC3*03 (100%) (111'-216'))]; dimère (230-230":233-233")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO) lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa

barecetamab

inmunoglobulina G1-lambda, anti-[*Homo sapiens* ERBB3 (receptor de la actividad tirosina kinasa erbB-3, HER3)], *Homo sapiens* anticuerpo monoclonal;

cadena pesada gamma1 *Homo sapiens* (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (90.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*01, nG1m1, G1m17 (CH1 K120 (218) (122-219), bisagra 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 E12 (360), M14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (225-215')-disulfuro con la cadena ligera lambda *Homo sapiens* (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-47*02 (92.9%) -IGLJ2*01 (100%)) CDR-IMGT [8.3.11] (26-33.51-53.90-100) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC3*03 (100%) (111'-216'))]; dímero (230-230":233-233")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO) línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

```
EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS DYDSMSWRQA PGKGLEWVST 50
IDLDSGSIYY ADSVQGRFTI SRDNSKNTLY LQMSLRAD TAVYYCAKDL 100
HMGPEGPFDY WQGQGLTVTS SASTKGPSVF PLAPSKSTS GGTAALGCLV 150
KDYFPEPVTV SWNSGALTSV VHTFPAVLQS SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ 200
TYICNVNHKP SNTKVDKVE PKSCDKHTC PPCPAPELLG GPSVFLPPK 250
PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAIEKTI SKARKGPREP 350
QYVTLPPSRE EMTKNQVSLT CLVKGFPYSD IAVENESNGQ PENNYKTPP 400
VLDSGGSFFL YSKLTVDKSR WQGGNVFSCS VMHEALHNHY TQKSLSLSPG 450
K 451
```

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

```
QSVLTQPPSA SGTFGQRVTI SCSSSSNIG SNSVSWYQQL PGTAPELLIY 50
SDNHRPSGVP DRFSGSKSGT SASLAISGLR SEDEADYYCQ GWDTSLSGHV 100
FGGGTKLTVL GQPKAAPSVT LFPPSSEELQ ANKATLVCLI SDFYPGAVTV 150
AWKADSSPVK AGVETTTFSK QSNKNYAASS YLSLTPEQWK SHKSYSCQVT 200
HEGSTVEKTV APTECS 216
```

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) 22"-89" 138"-197"

22"-89" 138"-197"

Inter-H-L (h 5-CL 126) 224-215' 224"-215"

Inter-H-H (h 11, h 14) 230-230" 233-233"

N-terminal glutaminyl cyclization to pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl)

L VL Q1:

I', I"

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"

batiraxceptum #
batiraxcept

human tyrosine-protein kinase receptor UFO (AXL oncogene) fragment (8-202, 1-195 in the current sequence), variant (G¹⁴>S⁷, A⁵⁴>V⁴⁷, D⁶⁹>G⁶², V⁷⁴>A⁶⁷, G¹⁰⁹>R¹⁰²), fused via peptidyl linker (¹⁹⁶GGGGS²⁰⁰) to a human immunoglobulin G1 Fc fragment (201-426, C-terminal Lys residue deleted), dimer, glycosylated, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells; [G¹⁴>S(7), A⁵⁴>V(47), D⁶⁹>G(62), V⁷⁴>A(67), G¹⁰⁹>R(102)] human AXL receptor tyrosine kinase (AXL oncogene, tyrosine-protein kinase receptor UFO) (8-202)-peptide (1-195), fused via a G₄S linker (196-200) to a human immunoglobulin G1 C-terminal K>del Fc fragment (201-426), dimer (206-206':209-209')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa

batiraxcept

récepteur de la tyrosine kinase-protéine UFO (oncogène AXL), fragment (8-202, 1-195 dans la séquence présente), variant (G¹⁴>S⁷, A⁵⁴>V⁴⁷, D⁶⁹>G⁶², V⁷⁴>A⁶⁷, G¹⁰⁹>R¹⁰²), fusionné via un peptide liant (¹⁹⁶GGGGS²⁰⁰) à un fragment Fc de l'immunoglobuline humaine G1 (201-426, résidu Lys C-terminal supprimé), dimère, glycosylé, produit par des cellules ovariennes de hamsters chinois (CHO); [G¹⁴>S(7), A⁵⁴>V(47), D⁶⁹>G(62), V⁷⁴>A(67), G¹⁰⁹>R(102)] tyrosine kinase du récepteur AXL humaine (oncogène AXL, récepteur de la tyrosine kinase-protéine UFO) (8-202)-peptide (1-195), fusionné via un peptide liant G₄S (196-200) au fragment Fc C-terminal K>del de l'immunoglobuline G1 humaine (201-426), dimère (206-206':209-209')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

batiraxcept

receptor de la proteína tirosina kinasa humana UFO (oncogén AXL) fragmento (8-202, 1-195 en la secuencia actual), variante (G¹⁴>S⁷, A⁵⁴>V⁴⁷, D⁶⁹>G⁶², V⁷⁴>A⁶⁷, G¹⁰⁹>R¹⁰²), fusionado a través de un conector peptidil (¹⁹⁶GGGGS²⁰⁰) a una inmunoglobulina humana G1 Fc fragmento (201-426, residuo Lis C-terminal eliminado), dímero, glicosilado, producido en células ováricas de hámster Chino (CHO); [G¹⁴>S(7), A⁵⁴>V(47), D⁶⁹>G(62), V⁷⁴>A(67), G¹⁰⁹>R(102)] AXL receptor tirosina kinasa humana (oncogén AXL, receptor de la proteína tirosina-kinasa UFO) (8-202)-péptido (1-195), fusionado a través de un péptido G₄S (196-200) con un fragmento Fc C-terminal K>del de la inmunoglobulina G1 humana (201-426), dímero (206-206':209-209')-bisdisulfuro, producido en células ováricas de hámster Chino (CHO), glicosilada alfa

Sequence / Séquence / Secuencia			
EESPFVSNPG	NITGARGLTG	TLRCQLQVQG	EPPEVHWLRD
QTQVPLGEDE	QGDWIVASQL	RITSLQLSDT	GQYQCLVFLG
VRLEGLPYFL	EEPEDRTVA	NTFNLSCQA	QGPPPEVDLL
APGHGPQRL	HVPLNKTSS	FSCEAHNAG	VTSRTATIT
DKTHTCPPC	APELLGGPSV	FLFPPKPKDT	LMISRTPEVT
PEVKENWYD	GVEVHNARKT	PREEQYNSTY	RVVSVLTVLH
CKVSNKALPA	PIEKTISKAK	GQPREPQVYT	LPPSREEMTK
GFYPSDIAVE	WESNGQPENN	YKTTTPVLDS	DGSFFLYSKL
NVFSCVMHE	ALHNHYTQKS	LSLSPG	
Post-translational modifications			
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro			
intra-AXL	24-85	128-173	intra-Fc
	24'-85'	128'-173'	241-301
inter-Fc	206-206'	209-209'	347-405'
Glycosylation sites / Sites de glycosylation / Posiciones de glicosilación			
AXL: N11, N125, N166, N11', N125', N166';			
Fc: N277, N277'			

befotertinibum

befotertinib

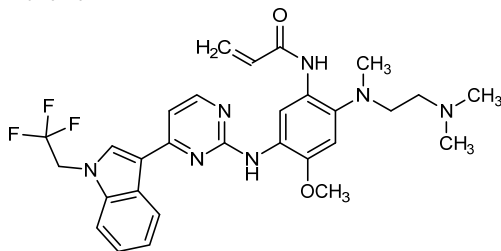
N-[2-[[2-(dimethylamino)ethyl](methyl)amino]-4-methoxy-5-({4-[1-(2,2,2-trifluoroethyl)-1*H*-indol-3-yl]pyrimidin-2-yl}amino)phenyl]prop-2-enamide

béfotertinib

N-[2-[[2-(diméthylamino)éthyl](méthyl)amino]-4-méthoxy-5-({4-[1-(2,2,2-trifluoroéthyl)-1*H*-indol-3-yl]pyrimidin-2-yl}amino)phényl]prop-2-énamide

befotertinib

N-[2-[[2-(dimetilamino)etil](metil)amino]-4-metoksi-5-({4-[1-(2,2,2-trifluoroetil)-1*H*-indol-3-il]pirimidin-2-il}amino)fenil]prop-2-enamida

C₂₉H₃₂F₃N₇O₂**belumosudilum**

belumosudil

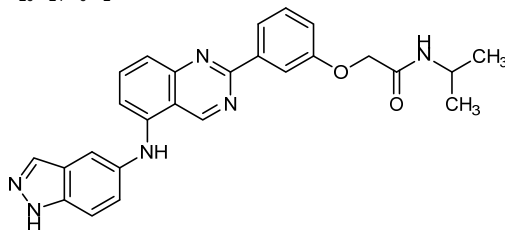
2-(3-{4-[(1*H*-indazol-5-yl)amino]quinazolin-2-yl}phenoxy)-*N*-(propan-2-yl)acetamide

bélumosudil

2-(3-{4-[(1*H*-indazol-5-yl)amino]quinazolin-2-yl}phénoxy)-*N*-(propan-2-yl)acetamide

belumosudil

2-(3-{4-[(1*H*-indazol-5-il)amino]quinazolin-2-il}fenoksi)-*N*-(propan-2-il)acetamida

C₂₆H₂₄N₆O₂**bentracimabum #**

bentracimab

immunoglobulin Fab G1-lambda, anti-[*ticagrelor* and its active metabolite AR-C124910XX], *Homo sapiens* monoclonal antibody; VH-(CH1-hinge) gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-234) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*06 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [8.7.14] (26-33.51-58.97-118) (1-129) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3 (CH1 R120 (226) (130-227), hinge 1-7 (228-234)) (130-234)], (232-215')-disulfide with lambda light chain *Homo sapiens* (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-51*01 (94.6%) -IGLJ2*01 (81.8%)) CDR-IMGT [8.3.11] (26-33.51-53.90-100) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC2*01(100%) (111'-216')], non-glycosylated, produced in the bacteria *Escherichia coli* (*E. coli*)

bentracimab

immunoglobuline Fab G1-lambda, anti-[*ticagrelor* et son métabolite actif AR-C124910XX], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;
VH-(CH1-charnière) chaîne lourde gamma1 *Homo sapiens* (1-234) [VH (*Homo sapiens* (1-234) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*06 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [8.7.14] (26-33.51-58.97-118) (1-129) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3 (CH1 R120 (226) (130-227), charnière 1-7 (228-234)) (130-234)], (232-215')-disulfure avec la chaîne légère lambda *Homo sapiens* (1'-216')] [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-51*01 (94.6%) -IGLJ2*01 (81.8%)) CDR-IMGT [8.3.11] (26-33.51-53.90-100) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC2*01(100%) (111'-216')], non-glycosylé, produit dans la bactérie *Escherichia coli* (*E. coli*)

bentracimab

inmunoglobulina Fab G1-lambda, anti-[*ticagrelor* y su metabolito activo AR-C124910XX], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*;
VH-(CH1-bisagra) cadena pesada gamma1 *Homo sapiens* (1-234) [VH (*Homo sapiens* (1-234) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*06 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [8.7.14] (26-33.51-58.97-118) (1-129) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3 (CH1 R120 (226) (130-227), bisagra 1-7 (228-234)) (130-234)], (232-215')-disulfuro con la cadena ligera lambda *Homo sapiens* (1'-216')] [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-51*01 (94.6%) -IGLJ2*01 (81.8%)) CDR-IMGT [8.3.11] (26-33.51-53.90-100) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC2*01(100%) (111'-216')], no glicosilado, producido en la bacteria *Escherichia coli* (*E. coli*)

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QVQLQESGAE VKKPGSSVRV SKKASGOTFD SYSIHWVRQA PGQGLEWMGG 50
LIPAFGLTSS AQDFQARVTI SADKSTSTAY MELSGLRSED TAVYYCARGS 100
FDYIFWSASH PPNDALAING QGTLVTVSSA STKGPSVFPL APSSKSTSGG 150
TAALGCLVKD YFPEPTVSWV NSGALTSGVH TFFAVLQSSG LYSLSSTVTV 200
FSSSLGTQTY ICNVNHKPSN TKVDKRVFEP SCDK 234

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
QSVVTQPPSV SAAPGQKVTI SCSSGNSDIG NNYVSWYQQL PGTAPKLLIY 50
DNKRFPSPGIP DRFGSKSGT SATLAITGLQ AGDEADYYLG TWLYDRAVGL 100
FGGGRKVTVL GQPKAAPSVT LFPPSSEELQ ANKATLVCLI SDFYPGAVTV 150
AWKADSSPVK AGVETTPPSK QSNNKYAASS YLSLTPEQWK SHRSYSQQVT 200
HEGSTVERTV APTECS 216

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 156-212
Intra-L (C23-C104) 22'-89' 138'-197'
Inter-H-L (h 5-CL 126) 232-215'

N-terminal glutaminyl cyclization to pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl)
L VH Q1:
I
L VL Q1:
I'

No N-glycosylation site / pas de sites de N-glycosylation / ninguna posición de N-glicosilación
Aglycosylated

bepirovirsenum
bepirovirsen

all-P-ambo-2'-O-(2-methoxyethyl)-P-thioguanlyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)-5-methyl-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)-P-thioadenylyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)-P-thioguanlyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)-P-thioadenylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioguanlyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioguanlyl-(3'→5')-P-

bépírovírsen

thiothymidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-*P*-thioguanilyl-(3'→5')-2'-deoxy-*P*-thioadenilyl-(3'→5')-2'-deoxy-*P*-thioadenilyl-(3'→5')-2'-deoxy-*P*-thioguanilyl-(3'→5')-2'-deoxy-5-methyl-*P*-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-*P*-thioguanilyl-(3'→5')-2'-deoxy-*P*-thioadenilyl-(3'→5')-2'-*O*-(2-methoxyethyl)-*P*-thioadenilyl-(3'→5')-2'-*O*-(2-methoxyethyl)-*P*-thioguanilyl-(3'→5')-2'-*O*-(2-methoxyethyl)-5-methyl-*P*-thiouridylyl-(3'→5')-2'-*O*-(2-methoxyethyl)-*P*-thioguanilyl-(3'→5')-2'-*O*-(2-methoxyethyl)-5-methylcytidine

bepírovírsén

tout-P-ambo-2'-*O*-(2-méthoxyéthyl)-*P*-thioguanilyl-(3'→5')-2'-*O*-(2-méthoxyéthyl)-5-méthyl-*P*-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-*O*-(2-méthoxyéthyl)-*P*-thioadénylyl-(3'→5')-2'-*O*-(2-méthoxyéthyl)-*P*-thioguanilyl-(3'→5')-2'-*O*-(2-méthoxyéthyl)-*P*-thioadénylyl-(3'→5')-2'-désoxy-*P*-thioguanilyl-(3'→5')-2'-désoxy-*P*-thioguanilyl-(3'→5')-*P*-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-*P*-thioguanilyl-(3'→5')-2'-désoxy-*P*-thioadénylyl-(3'→5')-2'-désoxy-*P*-thioguanilyl-(3'→5')-2'-désoxy-5-méthyl-*P*-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-*P*-thioguanilyl-(3'→5')-2'-désoxy-*P*-thioadénylyl-(3'→5')-2'-*O*-(2-méthoxyéthyl)-*P*-thioadénylyl-(3'→5')-2'-*O*-(2-méthoxyéthyl)-*P*-thioguanilyl-(3'→5')-2'-*O*-(2-méthoxyéthyl)-5-méthyl-*P*-thiouridylyl-(3'→5')-2'-*O*-(2-méthoxyéthyl)-*P*-thioguanilyl-(3'→5')-2'-*O*-(2-méthoxyéthyl)-5-méthylcytidine

todo-P-ambo-2'-*O*-(2-metoxietil)-*P*-tioguanilil-(3'→5')-5-metil-2'-*O*-(2-metoxietil)-*P*-tiocitidilil-(3'→5')-2'-*O*-(2-metoxietil)-*P*-tioadenilil-(3'→5')-2'-*O*-(2-metoxietil)-*P*-tioguanilil-(3'→5')-2'-*O*-(2-metoxietil)-*P*-tioadenilil-(3'→5')-2'-desoxi-*P*-tioguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-*P*-tioguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-*P*-tiocitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-*P*-tioguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-*P*-tioadenilil-(3'→5')-2'-desoxi-*P*-tioguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-5-metil-*P*-tiocitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-*P*-tioguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-*P*-tioadenilil-(3'→5')-2'-*O*-(2-metoxietil)-*P*-tioadenilil-(3'→5')-2'-*O*-(2-metoxietil)-*P*-tioguanilil-(3'→5')-5-metil-2'-*O*-(2-metoxietil)-*P*-tiouridilil-(3'→5')-2'-*O*-(2-metoxietil)-*P*-tioguanilil-(3'→5')-2'-*O*-(2-metoxietil)-5-metilcitidina

C₂₃₀H₃₀₉N₈₈O₁₁₅P₁₉S₁₉(3'-5') $\underline{\text{G}}=\underline{\text{C}}=\underline{\text{A}}=\underline{\text{G}}=\underline{\text{A}}=\underline{\text{d}}[\text{G}=\text{G}=\text{T}=\text{G}=\text{A}=\text{G}=\text{C}=\text{G}=\text{A}=\text{A}=\underline{\text{A}}=\underline{\text{G}}=\underline{\text{U}}=\underline{\text{G}}=\underline{\text{C}}$ Legend d : 2'-deoxynucleotidesX : 2'-*O*-(2-methoxyethyl)nucleotide

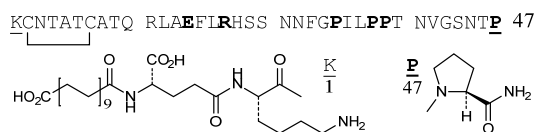
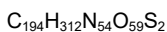
C, C, U : 5-methylnucleotide



beremagenum geperpavecum #
beremagenum geperpavec

A replication-defective herpes simplex virus encoding human collagen type VII alpha 1 chain (COL7A1).

	A recombinant replication-defective, non-integrating herpes simplex virus-1 (HSV-1) (KOS strain) encoding two copies of human collagen type VII alpha 1 chain (COL7A1), inserted into the immediate early (IE) infected cell protein 4 (ICP4) gene regions after deletion of both copies of ICP4 genes, under the control of the human cytomegalovirus (hCMV) immediate early promoter and bovine growth hormone polyadenylation signal (bGHpA). The infected cell protein 22 (ICP22) gene is also deleted.
béremagène géperpavec	Un virus herpes simplex à réplication défectueuse codant pour la chaîne du collagène humain de type VII alpha 1 (COL7A1). Un virus recombinant de l'herpès simplex-1 (HSV-1) (souche KOS), non intégrateur et à défaut de réplication, codant pour deux copies de la chaîne du collagène humain de type VII alpha 1 (COL7A1), insérées dans les régions du gène de la protéine d'infection cellulaire précoce 4 (ICP4) après délétion des deux copies des gènes ICP4, sous le contrôle du promoteur précoce immédiat du cytomégalovirus humain (hCMV) et du signal de polyadénylation de l'hormone de croissance bovine (bGHpA). Le gène de la protéine d'infection cellulaire précoce 22 (ICP22) est également supprimé.
beremagén geperpavec	Un virus herpes simplex deficiente para replicación que codifica para la cadena de colágeno humano de tipo VII alfa 1 (COL7A1). Un virus herpes simplex -1 (HSV-1) (cepa KOS) recombinante, no integrativo y deficiente en replicación, que codifica dos copias de la cadena de colágeno humano de tipo VII alfa 1 (COL7A1), insertadas en las regiones del gen de la proteína de infección celular inmediatamente temprana 4 (ICP4) tras la delección de las dos copias de genes ICP4, bajo el control del promotor inmediatamente temprano del citomegalovirus humano (hCMV) y la señal de poliadenilación de la hormona de crecimiento bovina (bGHpA). El gen de la proteína de infección celular 22 (ICP22) está también delecionado.
cagrilintidum cagrilintide	$N^{2,1}$-[N-(19-carboxynonadecanoyl)-L-γ-glutamyl]-[N¹⁴>E, V¹⁷>R, A²⁵>P, S²⁸>P, S²⁹>P, Y³⁷>P]-human amylin (islet amyloid polypeptide, IAPP, diabetes-associated peptide, DAP, insulinoma amyloid peptide, INN: <i>amlintide</i>), (35-40)-disulfide
cagrilintide	$N^{2,1}$-[N-(19-carboxynonadécanoyl)-L-γ-glutamyl]-[N¹⁴>E, V¹⁷>R, A²⁵>P, S²⁸>P, S²⁹>P, Y³⁷>P]-amyline humaine (polypeptide amyloïde des îlots, IAPP, peptide associé au diabète, DAP, polypeptide amyloïde de l'insulinome, DCI: <i>amlintide</i>), (35-40)-disulfure
cagrilintida	$N^{2,1}$-[N-(19-carboxinonadecanoil)-L-γ-glutamyl]-[N¹⁴>E, V¹⁷>R, A²⁵>P, S²⁸>P, S²⁹>P, Y³⁷>P]-amilina humana (polipéptido amiloide de los islotes, IAPP, péptido asociado a la diabetes, DAP, polipéptido amiloide insulinoma, DCI: <i>amlintida</i>), (35-40)-disulfuro

**cantharidinum**

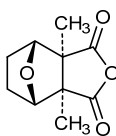
cantharidin

(3a*R*,4*S*,7*R*,7a*S*)-3a,7a-dimethylhexahydro-4,7-epoxy-2-benzofuran-1,3-dione

cantharidine

(3a*R*,4*S*,7*R*,7a*S*)-3a,7a-diméthylhexahydro-4,7-époxy-2-benzofurane-1,3-dione

cantaridina

(3a*R*,4*S*,7*R*,7a*S*)-3a,7a-dimetilhexahidro-4,7-epoxi-2-benzofurano-1,3-diona**carfloglitazarum**

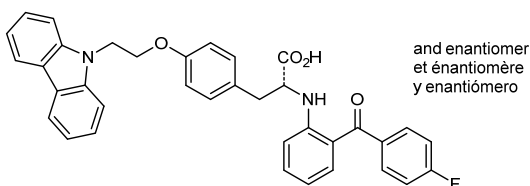
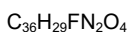
carfloglitazar

O-[2-(9*H*-carbazol-9-yl)ethyl]-*N*-[2-(4-fluorobenzoyl)phenyl]-DL-tyrosine

carfloglitazar

O-[2-(9*H*-carbazol-9-yl)éthyl]-*N*-[2-(4-fluorobenzoyl)phényl]-DL-tyrosine

carfloglitazar

O-[2-(9*H*-carbazol-9-il)etil]-*N*-[2-(4-fluorobenzoi)fenil]-DL-tirosina**cedirogantum**

cedirogant

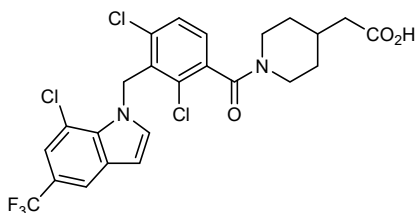
[1-(2,4-dichloro-3-[[7-chloro-5-(trifluoromethyl)-1*H*-indol-1-yl]methyl]benzoyl)piperidin-4-yl]acetic acid

cédirogant

acide [1-(2,4-dichloro-3-[[7-chloro-5-(trifluorométhyl)-1*H*-indol-1-yl]méthyl]benzoyl)pipéridin-4-yl]acétique

cedirogant

ácido [1-(2,4-dicloro-3-[[7-cloro-5-(trifluorometil)-1*H*-indol-1-il]metil]benzoi)piperidin-4-il]acético



cevaretigenum ritoparvovecum #
cevaretigene ritoparvovec

A non-replicating adeno-associated viral vector serotype 5 vector encoding human retinoid isomerohydrolase (RPE65).

A recombinant non-replicating adeno-associated viral vector serotype 5 (rAAV5), encoding codon-optimised human retinoid isomerohydrolase (retinal pigment epithelium-specific 65 kDa protein [RPE65]), under the control of the human RPE65 promoter and an SV40 poly(A) signal, flanked by AAV2 inverted terminal repeats (ITR).

cévarétigène ritoparvovec

Un vecteur adénoviral à réplication déficiente de sérotype 5 et codant pour l'isomérohydrolase rétinienne humaine (RPE65).

Un vecteur adénoviral recombinant à réplication déficiente de sérotype 5 (rAAV5), codant pour une isomérohydrolase rétinienne humaine, avec des codons optimisés (protéine de 65 kDa spécifique de l'épithélium pigmentaire rétinien [RPE65]), sous le contrôle du promoteur RPE65 humain et d'un signal SV40 poly(A), flanqué de répétitions terminales inversées (ITR) AAV2.

cevaretigén ritoparvovec

Un vector de virus adeno-asociado serotipo 5, no replicativo, que codifica para la isomerohidrolasa retinoide humana (RPE65).

Un vector de virus adeno-asociado recombinante serotipo 5, (rAAV5) no replicativo, que codifica para la isomerohidrolasa retinoide humana (proteína de 65 kDa específica del epitelio pigmentario retiniano [RPE65]) con los codones optimizados, bajo el control del promotor de RPE65 humano y una señal poly(A) de SV40, flanqueado por las repeticiones terminales invertidas (ITR) del AAV2.

cipaglucosidasum alfa #
cipaglucosidase alfa

human lysosomal α -glucosidase (acid alpha-glucosidase, acid maltase) fragment (57-952, 57-69 from the propeptide sequence), (1-896, 1-13 in the current sequence), produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycosylated;
human lysosomal α -glucosidase (acid alpha-glucosidase, GAA, acid maltase; EC 3.2.1.20) pre-protein (57-952)-peptide (with 13 residues (57-69) of the propeptide (28-69)), produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa

cipaglucosidase alfa	α -glucosidase lysosomale humaine (alpha-glucosidase acide, maltase acide) fragment (57-952, 57-69 de la séquence du propeptide), (1-896, 1-13 dans la séquence actuelle), produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycosylée; α -glucosidase lysosomale humaine (alpha-glucosidase acide, GAA, maltase acide; EC 3.2.1.20) pré-pro-protéine (57-952)-peptide (avec 13 résidus (57-69) du propeptide (28-69)), produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa
cipaglucosidasa alfa	α -glucosidasa humana lisosomal (ácido alfa-glucosidasa, ácido maltasa) fragmento (57-952, 57-69 de la secuencia propérido), (1-896, 1-13 en la secuencia actual), producido en células ováricas de hámster Chino (CHO), glisossiladas; α -glucosidasa lisosomal humana (alfa glucosidasa ácida, GAA, maltasa ácida; EC 3.2.1.20) pre-pro-proteína (57-952)-péptido, (con 13 residuos (57-69) del propéptido (28-69)), producido en las células ováricas de hámster Chino (CHO), glicosilada alfa

Sequence / Séquence / Secuencia		
QCGASRPGPR DAQ	AHPGRPR AVPTQCDVFP	NSRFDCAPDK AITQECCAR 50
GCCYIPAKQG LQGAQMGQPW	CFPPPSYPSY KLENLSSEM	GYTATLTRTT 100
PTFFPKDILT LRLDVMMETE	NRLHFTIKDP ANRRYEVPL	TPHVSRAPS 150
PLYSVEFSEE PFGVIVRRQL	DGRVLLNTTV APLFFADQFL	QLSTSLPSQY 200
ITGLAEHLSP LMLSTSWTRI	TLWNRDLAPT PGANLYGSHP	FYLALEDGGS 250
AHGVFLLNSN AMDVVLQPSF	ALSWRSTGGI LDVYIFLGPE	PKSVVQQYLD 300
VVGYPFMPPY WGLGFHLCRW	GYSSTAITRQ VVENMTRAHF	PLDVQWNDLD 350
YMDSRDFTF NKDGFHDFPA	MQELHQGGR RYMMIVDPAI	SSSGPAGSYR 400
PYDEGLRRGV FITNETGQPL	IGKVWPGSTA FPDFTNPTAL	AWWEDMVAEF 450
HDQVPFDGMW IDMNPSNFI	RGSEDCPNN ELENPPYVPG	VVGSTLQAAT 500
ICASSHQFLS THYNLHNLVG	LTEAIAASHRA LVKARGTRPF	VISRSTFAGH 550
GRVAGHWTDG VWSSWEQLAS	SVPEILQFNL LGVPLVGADV	CGFLGNTSEE 600
LCVRWNTLGA FYFPMRNHNS	LLSLPQEPYS FSEPAQQAMR	KALTTRYALL 650
PHLYTLFHQA HVAGETVARP	LFLEFPKDDSS TWTVDHQLLW	GEALLITPVL 700
QAGKA EVTGY PPLGTWYDLQ	TVPVVALGSL PPPPAAPREP	AIHSEGQWVT 750
LPAPLDTINV HLRAGYIIP	QGPGLTTTSS RQQPMALAVA	LTKGGEARGE 800
LFWDDGESLE VLERGAYTQV	IFLARNTTIV NELVRVTSSE	AGLQLQKVTV 850
LGVATAPQQV LSNGVFVSNF	TYSPDTKVLDD ICVSLLMGEQ	FLVSWC 896
Post-translational modifications		
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro		
26-53, 36-52, 47-71, 477-502, 591-602		
Glycosylation sites / Sites de glycosylation / Posiciones de glicosilación		
N84, N177, N334, N414, N596, N826, N869		

cirtuvivintum
cirtuvivint

2-(4-methylpiperazin-1-yl)-N-[6-(1-methyl-1H-pyrazol-4-yl)isoquinolin-3-yl]pyridine-4-carboxamide

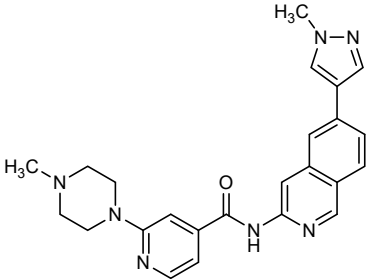
cirtuvivint

2-(4-méthylpipérazin-1-yl)-N-[6-(1-méthyl-1H-pyrazol-4-yl)isoquinoléin-3-yl]pyridine-4-carboxamide

cirtuvivint

2-(4-metilpiperazin-1-il)-N-[6-(1-metil-1H-pirazol-4-il)isoquinolein-3-il]piridina-4-carboxamida

C₂₄H₂₅N₇O



coprelotamabum

coprelotamab

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ERBB2 (epidermal growth factor receptor 2, receptor tyrosine protein kinase erbB-2, EGFR2, HER2, HER-2, p185cerbB2, NEU, CD340)], humanized monoclonal antibody; gamma1 heavy chain humanized (1-450) [VH humanized (*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*01 (100%) G1m17,1 (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 kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA humanized (*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 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimer (229-229":232-232")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO)-DG44 cell line, glycoform alfa

coprélotamab

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 gamma1 humanisée (1-450) [VH humanisé (*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*01 (100%) G1m17,1 (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 kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA humanisé (*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 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimère (229-229":232-232")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO) lignée cellulaire CHO-DG44, glycoforme alfa

coprelotamab

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ERBB2 (receptor 2 del factor de crecimiento epidérmico, receptor tirosina-proteína kinasa erbB-2, EGFR2, HER2, HER-2, p185c-erbB2, NEU, CD340)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada gamma1 humanizada (1-450) [VH humanizado (*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*01 (100%) G1m17,1 (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 kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA humanizado (*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 (153), V101 (191) (108'-214')]; dímero (229-229":232-232")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO) línea celular CHO-DG44, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada		
EVQLVESGGG	LVQPGGSLRL	SCAASGFNIK
DIYIHWVRQA	PGKLEWVAR	50
IYPTNGYTRY	ADSVKGRFTI	SADTSKNITAY
LQMNSLRAED	TAVVYCSRNG	100
GDGFYAMDYW	GQGTLLTVSS	ASTKGPSVFP
LAPSSKSTSG	GTAALGCLVK	150
DYFPEPTVS	WNSGALTSGV	HTFPAVLQSS
GLYSLSSVVT	VPSSSLGTQT	200
YICNVNKKPS	NTKVDKKVEP	KSCDKHTCP
PCPAPELLGG	PSVFLFPPKP	250
KDTLMISRTP	EVTCTVVVDVS	HEDPEVKFNW
YVDGVEVHNA	KTKPREEQYN	300
STYRVVSVLT	VLHQDWLNGK	EYKCKVSNKA
LPAPIEKTIS	KARGQPREPQ	350
VYTLPPSRDE	LTKNQVSLTC	LVKGFYPSDI
AVEWESNGQP	ENNYKTPFPV	400
LDSDGSEFFLY	SKLTVDKSRW	QQGNVFSCSV
MHEALHNHYT	QKSLSLSPGK	450
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera		
DIQMTQSPSS	LSASVGDRTV	ITCRASQDVN
TAVAWYQQKP	GKAPKLLIYS	50
ASFLYSGVPS	RFGSGRSGTD	FTLTISSLQF
EDFATYYCQQ	HYTTPPTFGQ	100
GTKVEIKRTV	AAPSVFIFPP	SDEQLKSGTA
SVVCLLNIFY	PREAKVQWKV	150
DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD	STYLSLSTLT
LSKADYEKHK	VYACEVTHQG	200
LSSPVTKSFN	RGEC	214
Post-translational modifications		
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro		
Intra-H (C23-C104)	22-96	147-203 264-324 370-428
	22"-96"	147"-203" 264"-324" 370"-428"
Intra-L (C23-C104)	23"-88"	134"-194"
	23"-88"	134"-194"
Inter-H-L (h 5-CL 126)	223-214'	223"-214"
Inter-H-H (h 11, h 14)	229-229"	232-232"
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación		
H CH2 N84.4:		
300, 300"		
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados.		
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal		
H CHS K2:		
450, 450"		

cotoretigenum toliparvovecum #
cotoretigene toliparvovec

A replication-defective adeno-associated viral vector encoding codon-optimised human retinitis pigmentosa GTPase regulator (RPGR).
A recombinant replication-defective adeno-associated viral vector serotype 8 (rAAV8) encoding codon-optimised human retinitis pigmentosa GTPase regulator (RPGR), under the control of human rhodopsin kinase (RK) promoter and bovine growth hormone poly(A) sequence, flanked by AAV2 inverted terminal repeats (ITR).

cotoretigène toliparvovec

Un vecteur adénoviral défectueux en terme de réplication et codant pour le régulateur de la GTPase de la rétinite pigmentaire humaine avec des codons optimisés (RPGR).
Un vecteur adénoviral recombinant de sérotype 8 (rAAV8) à réplication défectueuse codant pour un régulateur de la GTPase de la rétinite pigmentaire humaine (RPGR) avec des codons optimisés, sous contrôle du promoteur de la kinase de la rhodopsine humaine et de la séquence poly(A) de l'hormone de croissance bovine, flanqué de répétitions terminales inversées (ITR) de l'AAV2.

cotoretigén toliparvovec

Un vector de virus adeno-asociado, deficiente de replicación, que codifica para el regulador de la GTPasa implicado en la retinosis pigmentaria humana (RPGR) con los codones optimizados.
Un vector de virus adeno-asociado recombinante de serotipo 8 (rAAV8), deficiente de replicación, que codifica para el regulador de la GTPasa implicado en la retinosis pigmentaria humana (RPGR) con los codones optimizados, bajo el control del promotor de la rodopsin quinasa (RK) humana y la secuencia poly(A) de la hormona de crecimiento bovina, flanqueado por las repeticiones terminales invertidas (ITR) del AAV2.

Recommended INN: List 85

WHO Drug Information, Vol. 35, No. 1, 2021

cotosudilum

cotosudil

6-[(2R)-2-methyl-1,4-diazocane-1-sulfonyl]isoquinoline

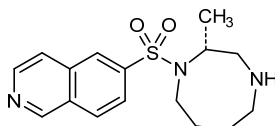
cotosudil

6-[(2R)-2-méthyl-1,4-diazocane-1-sulfonyl]isoquinoléine

cotosudil

6-[(2R)-2-metil-1,4-diazocano-1-sulfonil]isoquinoleina

C₁₆H₂₁N₃O₂S



dafsolimabum

dafsolimab

immunoglobulin G2B-kappa, anti-[CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], *Mus musculus* monoclonal antibody;

gamma2b heavy chain *Mus musculus* (1-456) [VH (*Mus musculus* IGHV1-4*01 (95.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (94.1%)) CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109) (1-120) -*Mus musculus* IGHG2B*02 (100%) (CH1 (121-217), hinge 1-22 (218-239), CH2 (240-349), CH3 (350-454), CHS (455-456)) (121-456)], (135-213')-disulfide with kappa light chain *Mus musculus* (1'-213') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV4-59*01 (100%) -IGKJ5*01 (100%)) CDR-IMGT [5.3.9] (27-31.49-51.88-96) (1'-106') -*Mus musculus* IGKC1*01 (100%) (107'-213')];

dimer (229-229':232-232':235-235':238-238')-tetrakisdisulfide, produced in SP2/0-derived mouse myeloma cells, glycoform alfa

dafsolimab

immunoglobuline G2B-kappa, anti-[CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], anticorps monoclonal *Mus musculus*;

chaîne lourde gamma2b *Mus musculus* ((1-456) [VH (*Mus musculus* IGHV1-4*01 (95.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (94.1%)) CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109) (1-120) -*Mus musculus* IGHG2B*02 (100%) (CH1 (121-217), charnière 1-22 (218-239), CH2 (240-349), CH3 (350-454), CHS (455-456)) (121-456)], (135-213')-disulfure avec la chaîne légère kappa *Mus musculus* (1'-213') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV4-59*01 (100%) -IGKJ5*01 (100%)) CDR-IMGT [5.3.9] (27-31.49-51.88-96) (1'-106') -*Mus musculus* IGKC1*01 (100%) (107'-213')];

dimère (229-229':232-232':235-235':238-238')-tétrakisdisulfure, produit par une ligne cellulaire dérivée de myélome murin SP2/0, glycoforme alfa

dafsolimab

inmunoglobulina G2B-kappa, anti-[CD3E (CD3 épsilon, Leu-4)], anticuerpo monoclonal *Mus musculus*;

cadena pesada gamma2b *Mus musculus* ((1-456) [VH (*Mus musculus* IGHV1-4*01 (95.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (94.1%)) CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109) (1-120) -*Mus musculus* IGHG2B*02 (100%) (CH1 (121-217), bisagra 1-22 (218-239), CH2 (240-349), CH3 (350-454), CHS (455-456)) (121-456)], (135-213')-disulfuro con la cadena ligera kappa *Mus musculus* (1'-213') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV4-59*01 (100%) -IGKJ5*01 (100%)) CDR-IMGT [5.3.9] (27-31.49-51.88-96) (1'-106') -*Mus musculus* IGKC1*01 (100%) (107'-213')];

dímero (229-229':232-232':235-235':238-238')-tetraakisdisulfuro, producido en una línea celular de mieloma murino SP2/0, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
 QVQLQSSGAS LARPGASVM CKKASGYFT SYTMHWVKR PQGLEWIGY 50
 INFSSGYTNY IQRKQDKATL TADKSSSTAY MQVSSLTSED SAVVYCARGS 100
 RYDYYGMDYV GQGTSTVTSS AKTTPPSVYF LAPGCGDTTG SSVTLGCLVK 150
 GYFPESVTVT WNSGSLSSSV HTFPALLQSG LYTMSSSVTV PSTWSPSTV 200
 TCSVAHPASS TTVDKKLEPS GPISTINPCF PCKECHKCPA PNLEGGPSVF 250
 IFFPNIKDVL MISLTPKVTCT VVVDVSEDDF DVQISWVFN VEVHTAQQTQ 300
 HREDYNSTIR VVSTLPIQHQ DMMSGKEFKC KVNKDLFSP IERTLSIKIG 350
 LVRAEQVYIL PFPAEQLSRK DVSILTCLVVG FNPGLDISVEV TSNIGHTEENY 400
 KQTAPVLSDS GSYFIYSKLN MKTSKWKETD SFSQNVRHG LKNYILKRTI 450
 SRSPGK 456

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
 QIVLTQSPAI MSASPGKEKVT MTCSASSSVS YMHVYQQKSG TSPKRWIYDT 50
 SKLASGVPAR FSGSGSTSY SLTISSEAE DAATYYCQW SSNPLTFGAG 100
 TKLELRADA APTVSIFFPS SEQLTSGGAS VVCFLNNEYF KDINVKWKID 150
 GSERQNGVLN SWTQDSKDS TYSSMSLTLL TKDEYERHNS YTCEATHRTS 200
 TSPFVKSFNR NEC 213

Post-translational modifications
 Disulfidebridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
 Intra-H (C23-C104) 22'-96 147'-202 270'-330 376'-434
 22'-96" 147"-202" 270"-330" 376"-434"
 Intra-L (C23-C104) 23'-87' 133'-193'
 23"-87'" 133"-193'"
 Inter-H-L (CH11-CL126) 135'-213' 135"-213"
 Inter-H-H (h 12, h 15, h 18, h 21) 229'-229" 232'-232" 235'-235" 238'-238"

N-terminal glutaminy cyclization to pyroglutamy (pE, 5-oxoprolyl)
 HVH Q1:
 I, I"
 L VL Q1:
 I', I'''

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
 H CH2 N84.4:
 306, 306"

Fucosylated complex bi-antennary SP2/0-type glycans / glycanes de type SP2/0 bi-antennaires
 complexes fucosylés / glicanos de tipo SP2/0 biantenarijos complejos fucosilados
 C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
 H CHS K2:
 456, 456"

dafsolimab setaritoxum #

dafsolimab setaritox immunoglobulin G2B-kappa, anti-[CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], *Mus musculus* monoclonal antibody conjugated to aglycosylated ricin toxin A (RTA);
 gamma2b heavy chain *Mus musculus* (1-456) [VH (*Mus musculus* IGHV1-4*01 (95.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (94.1%)) CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109) (1-120) -*Mus musculus* IGHG2B*02 (100%) (CH1 (121-217), hinge 1-22 (218-239), CH2 (240-349), CH3 (350-454), CHS (455-456)) (121-456)], (135-213')-disulfide with kappa light chain *Mus musculus* (1'-213') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV4-59*01 (100%) -IGKJ5*01 (100%)) CDR-IMGT [5.3.9] (27-31.49-51.88-96) (1'-106') -*Mus musculus* IGKC1*01 (100%) (107'-213')];
 dimer (229-229":232-232":235-235":238-238")-tetrakisdisulfide, produced in SP2/0-derived mouse myeloma cells, glycoform alfa, substituted at N⁶ of an average of 1.6 lysyl residues with 4-[(1RS)-1-[[L-methionyl-ricin toxin A-chain (Met-RTA, non-glycosylated, produced in *Escherichia coli*)-S²⁶⁰-yl]sulfanyl]ethyl]benzoyl groups

dafsolimab sétaritox immunoglobuline G2B-kappa, anti-[CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], anticorps monoclonal *Mus musculus* conjugué à la toxine A de la ricine aglycosylée (RTA);
 chaîne lourde gamma2b *Mus musculus* -(1-456) [VH (*Mus musculus* IGHV1-4*01 (95.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (94.1%)) CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109) (1-120) -*Mus musculus* IGHG2B*02 (100%) (CH1 (121-217), charnière 1-22 (218-239), CH2 (240-349), CH3 (350-454), CHS (455-456)) (121-456)], (135-213')-disulfure avec la chaîne légère kappa *Mus musculus* (1'-213') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV4-59*01 (100%) -IGKJ5*01 (100%)) CDR-IMGT [5.3.9] (27-31.49-51.88-96) (1'-106') -*Mus musculus* IGKC1*01 (100%) (107'-213')];
 dimère (229-229":232-232":235-235":238-238")-tétrakisdisulfure, produit par une lignée cellulaire dérivée de myélome murin SP2/0, glycoforme alfa, substitué en N⁶ sur un moyenne de 1.6 résidus lysyl par des groupes 4-[(1RS)-1-[[L-méthionyl-chaîne A de la toxine de ricine (Met-RTA, non-glycosylée, produite par *Escherichia coli*)-S²⁶⁰-yl]sulfanyl]éthyl]benzoyle

dafsolimab setaritox

inmunoglobulina G2B-kappa, anti-[CD3E (CD3 épsilon, Leu-4)], anticuerpo monoclonal *Mus musculus* conjugado con la toxina A de la ricina aglicosilada (RTA);
cadena pesada gamma2b *Mus musculus* -(1-456) [VH (*Mus musculus* IGHV1-4*01 (95.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (94.1%)) CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109) (1-120) -*Mus musculus* IGHG2B*02 (100%) (CH1 (121-217), bisagra 1-22 (218-239), CH2 (240-349), CH3 (350-454), CHS (455-456)) (121-456)], (135-213')-disulfuro con la cadena ligera kappa *Mus musculus* (1'-213') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV4-59*01 (100%) -IGKJ5*01 (100%)) CDR-IMGT [5.3.9] (27-31.49-51.88-96) (1'-106') -*Mus musculus* IGKC1*01 (100%) (107'-213')];
dímero (229-229'':232-232'':235-235'':238-238'')-tetrakisdisulfuro, producido en una línea celular de mieloma murino SP2/0, forma glicosilada alfa, sustituida en N° de un promedio de 1,6 residuos de lisilo con grupos de 4-[(1RS)-1-[[L-metionil-cadena A de toxina de ricina (Met-RTA, no glicosilada, producida por *Escherichia coli*)-S²⁶⁰-il]sulfanil]etil]benzoilo

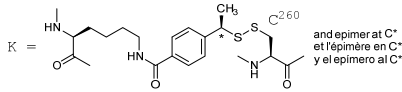
Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QVQLQQSGAE LARPGASVKM SCKASGYTFT SYTMHWVKDR PGQGLEWIGY 50
INPSSGYTNY IQRFKDKATL TADKSSSTAY MOVSSLTSED SAVYICARGS 100
RYDYYGMDYV GQGTSTVTVSS AKTTPPSVYP LAPGCGDTTG SSVTLGCLVK 150
GYFFVESVTVT WNSGSLSSV HTFPALLQSG LYTMSSSVTV PSSTWFSQTV 200
TCSVAHPASS TTVDKKLEPS GPISTINPCP PCKECHKCPA PNLEGGPSVF 250
IFFPNIDKVL MISLTPKVTCT VVVDVSEDDP DVQISWFPNN VEVHTAQTQT 300
HREDYNSTIR VVSTLPIQHQ DWMSGKEFKC KVNNDKLSPS IERTISKIKG 350
LVRAIPQVYL PPPAEQLSRK DVSITCLVVG FNPGDISVEW TSNHGTEENY 400
KDTAPQVLDSD GSYFIYSKLN MKTSKWEKTD SFSCNVRHEG LKNYYLKRTI 450
SRSPGK 456

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
QIVLTQSPAI MSASPGKEVT MTCASSSVS YMHWYQQKSG TSPKRWIYDT 50
SKLASGVPAR FSGSGSTYS SLTISSEAE DAATYYCQQW SSNPLTFGAG 100
TKLELKRADA APTVISFPFS SEQLTSGGAS VVCFNLNFYP KDINVWKID 150
GSEKQGNVLN SWTDQSKDS TYSMSSTLT TLTKDEYERHNS YTCEATHKTS 200
TSPIVKSFNK NEC 213

Met-Ricin A chain / Met-chaîne A de la Ricine / Met-cadena A de la Ricina
MIFPKQYPII NFFTAGATVQ SYTNFIRAVR GRLTTGADVR HDIPVLPNRV 50
GLPINQRFIL VELSNHAELS VTALADVNTA YVVGVRAGNS AYFFHDNQE 100
DAEAITHLFT DVQNRVTFAP GGNVDRLEQL AGNLRNIEL GNGPLEEAI 150
ALYYSTGGT QLPTRLARFI ICIQMISEAA RFQYIEGEMR TRIRYNRRA 200
PDPSVITLEN SWGRSLTAIQ ESNQGAFASP IQLQRNGSK FSVYDVSILI 250
PIIALMVYRC APPSSQF 268

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22'-96' 147'-202' 270'-330' 376'-434'
22''-96'' 147''-202'' 270''-330'' 376''-434''
Intra-L (C23-C104) 23'-87' 133'-193'
23''-87'' 133''-193''
Inter-H-L (CH1 I1-CL I26) 135'-213' 135''-213''
Inter-H-H (h I2, h I5, h I8, h I21) 229'-229'' 232'-232'' 235'-235'' 238'-238''
Met-RTA: C172 = Cys-SH,
C260 = Cys-S-S-CH(CH3)-p-C6H4-CO-[N6-Lys(H,L)]

Conjugation sites / Sites de conjugaison / Posiciones de coniugación
major: K74 K141' K206'
K74'' K141'' K206''
minor: K326 K329 K349 K442 K447 K18' K52' K168'
K326'' K329'' K349'' K442'' K447'' K18'' K52'' K168''



N-terminal glutaminy cyclization to pyrrolutiny (pE, 5-oxoprolyl)
HVIHQ1:
I, I'
L VLQ1:
I', I''

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
HCH2N84.4:
306,306'
Fucosylated complex bi-antennary SP2/0-type glycans / glycanes de type SP2/0 bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo SP2/0 biantenaríos complejos fucosilados.

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
HCHS K2:
456,456'

daleutonum

daleuton

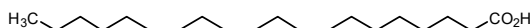
(8Z,11Z,14Z)-icosa-8,11,14-trienoic acid

daleuton

acide (8Z,11Z,14Z)-icosa-8,11,14-triénoïque

daleutón

ácido (8Z,11Z,14Z)-icosa-8,11,14-trienoico

**dalosirvatum**

dalosirvat

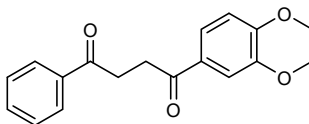
1-(2,3-dihydro-1,4-benzodioxin-6-yl)-4-phenylbutane-1,4-dione

dalosirvat

1-(2,3-dihydro-1,4-benzodioxin-6-yl)-4-phénylbutane-1,4-dione

dalosirvat

1-(2,3-dihidro-1,4-benzodioxin-6-il)-4-fenilbutano-1,4-diona

**dalpiciclibum**

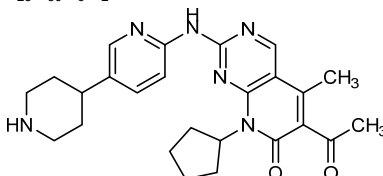
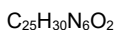
dalpiciclib

6-acetyl-8-cyclopentyl-5-methyl-2-[[5-(piperidin-4-yl)pyridin-2-yl]amino]pyrido[2,3-*d*]pyrimidin-7(8*H*)-one

dalpiciclib

6-acétyl-8-cyclopentyl-5-méthyl-2-[[5-(pipéridin-4-yl)pyridin-2-yl]amino]pyrido[2,3-*d*]pyrimidin-7(8*H*)-one

dalpiciclib

6-acetil-8-ciclopentil-5-metil-2-[[5-(piperidin-4-il)piridin-2-il]amino]pirido[2,3-*d*]pirimidin-7(8*H*)-ona**danavorextonum**

danavorexton

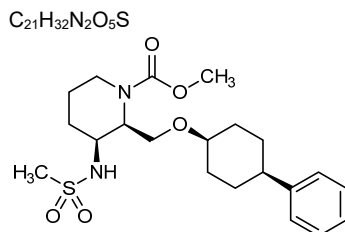
methyl (2*R*,3*S*)-3-(methanesulfonamido)-2-[[*cis*-4-phenylcyclohexyl]oxy]methyl}piperidine-1-carboxylate

danavorexton

(2*R*,3*S*)-3-(méthanesulfonamido)-2-[[*cis*-4-phénylcyclohexyl]oxy]méthyl}pipéridine-1-carboxylate de méthyle

danavorextón

(2*R*,3*S*)-2-[[*cis*-4-fenilciclohexil]oxi]metil}-3-(metanosulfonamido)piperidina-1-carboxilato de metilo



dapiglutidum

dapiqlutide

human glucagon like peptide-2 (GLP-2) analogue;
 $N^{6,16}$ -[N-(17-carboxyheptadecanoyl)-L-y-glutamyl]-[A²→Aib (2-methylalanine), D³→E, S⁷→T, D⁸→S, M¹⁰→L, N¹¹→A, N¹⁶→K, L¹⁷→Q, N²⁴→A, T²⁹→H]human glucagon-like peptide 2 (GLP-2)

dapiglutide

analogue du peptide 2 semblable au glucagon (GLP-2) humain; $N^{6,16}$ -[N-(17-carboxyheptadécanyol)-L-γ-glutamyl]-[A²>Aib (2-méthylalanine), D³>E, S⁷>T, D⁸>S, M¹⁰>L, N¹¹>A, N¹⁶>K, L¹⁷>Q, N²⁴>A, T²⁹>H]peptide 2 semblable au glucagon humain (GLP-2)

dapiglutida

análogo del péptido 2 semejante al glucagón (GLP-2) humano; N^{6,16}-[N-(17-carboxiheptadecanoil)-L-γ-glutamil]-[A²→Aib (2-metilalanina), D³→E, S⁷→T, D⁸→S, M¹⁰→L, N¹¹→A, N¹⁶→K, L¹⁷→Q, N²⁴→A, T²⁹→H]]péptido 2 semejante al glucagón humano (GLP-2)



Sequence / Séquence / Secuencia

HXEGSFTSEL ATILDKOAR DFIWLIOHK ITD 33

Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados

X (2) K(16) *N*⁶-[17-carboxyheptadecanoyl- γ -Glu]-Lys

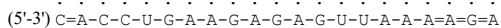
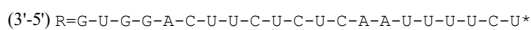
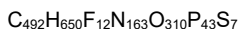
2-methylalanine

CN(C)C(=O)OC(=O)[C@H](CCCNC(=O)OCC[C@@H]1CCCC[C@H]1C(=O)O)C(=O)O

daplusiranum

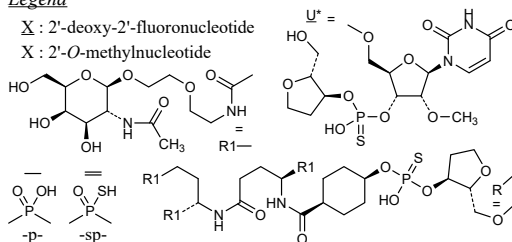
daplusiran

*all-P-ambo-O-[(2R,3S)-2-(hydroxymethyl)oxolan-3-yl] hydrogen 5'-O-(((2R,3S)-3-(((cis-4-((3S,8S)-17-[(2-acetamido-2-deoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]-3,8-bis-[[2-2-[(2-acetamido-2-deoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]ethoxy)ethyl]carbamoyl]-6,11-dioxo-15-oxa-2,7,12-triazaheptadecan-1-oyl)cyclohexyl)oxy)[hydroxyphosphorothioyl]oxy)oxolan-2-yl]methoxy)hydroxyphosphorothioyl)-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorocytidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorouridylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorocytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyl-*P*-thio-3'-uridylate duplex with *all-P-ambo-2'-O-methyl-*P*-thioadenylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoro-*P*-thioguananylyl-(3'→5')-2'-O-methyl-*P*-thioadenylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-**

**Legend**

X : 2'-deoxy-2'-fluoronucleotide

X : 2'-*O*-methylnucleotide

**darigabatum**

darigabat

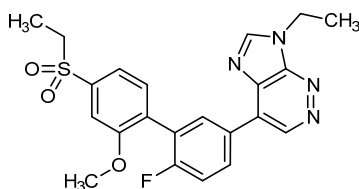
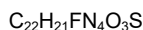
4-[4'-(ethanesulfonyl)-6-fluoro-2'-methoxy[1,1'-biphenyl]-3-yl]-7-ethyl-7*H*-imidazo[4,5-*c*]pyridazine

darigabat

4-[4'-(éthanesulfonyl)-6-fluoro-2'-méthoxy[1,1'-biphényl]-3-yl]-7-éthyl-7*H*-imidazo[4,5-*c*]pyridazine

darigabat

4-[4'-(etanosulfonyl)-6-fluoro-2'-metoxi[1,1'-bifenil]-3-il]-7-etil-7*H*-imidazo[4,5-*c*]piridazina

**darovasertibum**

darovasertib

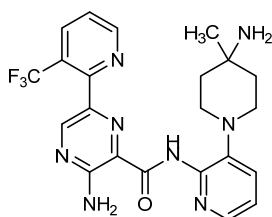
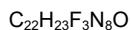
3-amino-*N*-[3-(4-amino-4-methylpiperidin-1-yl)pyridin-2-yl]-6-[3-(trifluoromethyl)pyridin-2-yl]pyrazine-2-carboxamide

darovasertib

3-amino-*N*-[3-(4-amino-4-méthylpipéridin-1-yl)pyridin-2-yl]-6-[3-(trifluorométhyl)pyridin-2-yl]pyrazine-2-carboxamide

darovasertib

3-amino-*N*-[3-(4-amino-4-metilpiperidin-1-il)piridin-2-il]-6-[3-(trifluorometil)piridin-2-il]pirazina-2-carboxamida



daxdilimabum #

daxdilimab

immunoglobulin G1-lambda, anti-[*Homo sapiens* LILRA4 (leukocyte immunoglobulin like receptor A4, ILT7, CD85g)], *Homo sapiens* monoclonal antibody; gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-18*01 (98.0%) -(IGHD) - IGHJ2*01 (92.9%)) CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111) (1-122) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 (CH1 R120 (219) (123-220), hinge 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 E12 (361), M14 (363) (346-450), CHS (451-452)) (123-452)], (225-215')-disulfide with lambda light chain *Homo sapiens* (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV2-14*01 (98.0%) -IGLJ2*01 (90.9%)) CDR-IMGT [9.3.10] (26-34.52-54.91-100) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (111'-216')]; dimer (231-231":234-234")-bisdisulfide, produced in a Chinese hamster ovary (CHO)-derived cell line, glycoform alfa

daxdilimab

immunoglobuline G1-lambda, anti-[*Homo sapiens* LILRA4 (récepteur A4 immunoglobuline-like des leucocytes, ILT7, CD85g)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*; chaîne lourde gamma1 *Homo sapiens* (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-18*01 (98.0%) -(IGHD) - IGHJ2*01 (92.9%)) CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111) (1-122) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 (CH1 R120 (219) (123-220), charnière 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 E12 (361), M14 (363) (346-450), CHS (451-452)) (123-452)], (225-215')-disulfure avec la chaîne légère lambda *Homo sapiens* (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV2-14*01 (98.0%) -IGLJ2*01 (90.9%)) CDR-IMGT [9.3.10] (26-34.52-54.91-100) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (111'-216')]; dimère (231-231":234-234")-bisdisulfure, produite dans une lignée cellulaire dérivée des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

daxdilimab

inmunoglobulina G1-lambda, anti-[*Homo sapiens* LILRA4 (receptor A4 inmunoglobulina-like de los leucocitos, ILT7, CD85g)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*; cadena pesada gamma1 *Homo sapiens* (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-18*01 (98.0%) -(IGHD) - IGHJ2*01 (92.9%)) CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111) (1-122) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 (CH1 R120 (219) (123-220), bisagra 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 E12 (361), M14 (363) (346-450), CHS (451-452)) (123-452)], (225-215')-disulfuro con la cadena ligera lambda *Homo sapiens* (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV2-14*01 (98.0%) -IGLJ2*01 (90.9%)) CDR-IMGT [9.3.10] (26-34.52-54.91-100) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (111'-216')]; dímero (231-231":234-234")-bisdisulfuro, producido en una línea celular derivada de las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QVQLQQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT SYGISWVRQA PGQGLEWMGW 50
ISAYNGNTNY AQLQGRVTM TIDTSTSTAY MELRSLRSD TAVYYCARNG 100
LWGWDSDAFD IWGRGTLVTV SSASTKGPSV FFLAPSKST SGGTAALGCL 150
VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ SSGLYSLSSV VTPVSSSLGT 200
QTYICNVNHK PSNTKVDKRV EPKSCDKTHT CPPCPAPELL GGPSVFLFPP 250
KPKDTLMISR TPEVTCVVVD VSHEDPEVKF NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ 300
YNSTYRVVSV LTVLHQDWLN GKEYKCKVSN KALPAPIEKT ISKAKGQPRE 350
PQVYTLPPSR EEMTKNQVSL TCLVKGFYPS DIAVEWESNG QPENNYKTFP 400
PVLDSGDSFF LYSKLTVDKS RWQQGNVFSC SVMHEALHNN YTQKSLSLSP 450
GK 452

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
QSALTQPASV SGSPGQSITI SCTGTSSDVG GYNYVSWYQQ HPGKAPKLMI 50
YDVNRPSPGV SNRPSGSKSG NTASLTISGL QAEDADYIC SSYTSSSTVV 100
FGGGTKVTVL GQPKAAPSVT LFPSSSEELQ ANKATLVCLI SDFYPGAVTV 150
AWKADSSPVK AGVETTTFSK QSNNKYAASS YLSLTPEQWK SHRSYSCQVT 200
HEGSTVEKTV APTTECS 216

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) 22'-90' 138'-197'
22"-90" 138"-197"
Inter-H-L (h 5-CL 126) 225-215' 225"-215"
Inter-H-H (h 11, h 14) 231-231" 234-234"

N-terminal glutaminyl cyclization to pyroglutaminyl (pE, 5-oxoprolyl)
H VH Q1:
1, 1"
L VL 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 biantenaríos complejos afucosilados

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

dazodalibepum #
dazodalibep

engineered binding protein (1-85) anti-(human CD40 ligand) derived from the human tenascin third fibronectin type III domain (785-869), fused via the peptidyl linker ⁸⁶GGGGGGGGGGGGGGGG¹⁰⁰ to engineered binding protein (101-190) anti-(human CD40 ligand) derived from the human tenascin third fibronectin type III domain (780-869), fused via the peptidyl linker ¹⁹¹GGGGGGGGGGGG²⁰⁰ to human albumin (201-785), variant (C³⁴>S²³⁴), produced in *Escherichia coli*; [tenascin (785-869)-peptide (1-85) (containing a third fibronectin type III domain), engineered for binding to the CD40 ligand (CD40L)]-[G₁₅ linker (86-100)]-[tenascin (780-869)-peptide (101-190) (containing a third fibronectin type III domain), engineered for binding to the CD40 ligand (CD40L)]-[G₁₀ linker (91-100)]-[(C³⁴>S)-human serum albumin (HSA)] fusion protein, produced in *Escherichia coli*

dazodalibep

protéine de liaison mise au point (1-85) anti-(ligand de CD40 humain) dérivée du troisième domaine de la fibronectine de type III de la ténascine humaine, fusionnée via un peptide liant ⁸⁶GGGGGGGGGGGGGGGG¹⁰⁰ à la protéine de liaison mise au point (101-190) anti-(ligand de CD40 humain) dérivée du troisième domaine de la fibronectine de type III de la ténascine humaine, fusionnée via un peptide liant ¹⁹¹GGGGGGGGGGGG²⁰⁰ à l'albumine humaine (201-785), variant (C³⁴>S²³⁴), produite par *Escherichia coli*; protéine de fusion de [ténascine (785-869)-peptide (1-85) (contenant un troisième domaine de fibronectine de type III), conçu pour se lier au ligand de CD40 (CD40L)]-[peptide G₁₅ de liaison (86-100)]-[ténascine (780-869)-peptide (101-190) (contenant un troisième domaine de fibronectine de type III), conçu pour se lier au ligand de CD40 (CD40L)]-[peptide G₁₀ de liaison (91-100)]-[(C³⁴>S)-albumine sérique humaine (ASH)], produite par *Escherichia coli*

dazodalibep

proteína de unión diseñada (1-85) anti-(ligando CD40 humano) derivada de un tercer dominio de fibronectina tipo III de tenascina humana (785-869), fusionada a través de un conector ⁸⁶GGGGGGGGGGGGGG¹⁰⁰ a la proteína de unión diseñada (101-190) anti-(ligando CD40 humano) derivado de un tercer dominio de fibronectina tipo III de tenascina humana (780-869), fusionado a través de un conector peptidil ¹⁹¹GGGGGGGGGG²⁰⁰ a la albúmina humana (201-785), variante (C³⁴>S²³⁴), producida en *Escherichia coli*;
proteína de fusión de [tenascina (785-869)-péptido (1-85) (que contiene un tercer dominio de fibronectina tipo III), diseñado para unirse al ligando de CD40 (CD40L)]-[péptido conector G₁₅ (86-100)]-[tenascina (780-869)-péptido (101-190) (que contiene un tercer dominio de fibronectina tipo III), diseñado para unirse al ligando de CD40 (CD40L)]-[péptido conector G₁₀ (91-100)]-[C³⁴>S)-albúmina sérica humana (ASH)], producida por *Escherichia coli*

Sequence / Séquence / Secuencia		
SQIEVKDVTDT	TTALITWSDD	FGEYVWCELT
YGIKDVPGDR	TTIDLWYHHA	50
HYISGNLKPD	TEYEVSLICR	SGDMSNPAK
ETFTT	GGGGG	GGGGGGGGG
RLDAPSQIEV	KDVTDTTALI	TWSDDFGEYV
WCELT	YGIKD	VPGDRTTIDL
WYHHAHYSIG	NLKPDTEYEV	SLICRSGDMS
SNPAKETFTT	GGGGGGGGGG	200
DAHKSEVAHR	FKDLGEENFK	ALVLIAFAQY
LQQSPFEDHV	KLNVNEVTEFA	250
KTCVADESAAE	NCDKSLHTLF	GDKLCTVATL
RETYGEMADC	CAKQEPERNE	300
CFLQHKDDNP	NLPRLVRPEV	DVMCTAFHDN
EETFLKKYLY	EIARRHPYFY	350
APELLFFAKR	YKAFAVECCQ	AADKAACLLP
KLDELRLDEGK	ASSAQRLKC	400
ASLQKFGERA	FKAWAVARLS	QRFPKAEFAE
VSKLVTDLTQ	VHTECCGDL	450
LECADDRADL	AKYICENQDS	ISSKLKECC
KPLLEKSHCI	AEVENDEMPA	500
DLPSLAADFV	ESKDVCNKYA	EAKDVFLLGMF
LYEYARRHPD	YSVLLLLRLA	550
KTYETTLLEKC	CAAADPHECY	AKVDFEFKPL
VEEPQNLIKQ	NCELFEQLGE	600
YKFNALLVR	YTKVPQVST	PTLVEVSRNL
GKVGSKCKKH	PEAKRMPCAE	650
DYLSVVLNQL	CVLHEKTFVS	DRVTKCCTES
LVNRRPCFSA	LEVDETYVPK	700
EFNAETFTTFH	ADICTLSEKE	RQIKKQTALV
ELVKHKPKAT	KEQLKAVMDD	750
FAAFVEKCKCK	ADDKETCFAE	EGKKLVAASQ
AALGL		785
Mutations / Mutations / Mutaciones		
F ^{18,123>S} , K ^{19,124>D} , P ^{20,125>D} , L ^{21,126>F} , A ^{22,127>G} , I ^{24,129>Y} , D ^{25,130>V} , G ^{26,131>W} , I ^{27,132>C} , T ^{46,151>W} , E ^{47,152>Y} , D ^{48,153>H} , E ^{49,154>H} , N ^{50,155>A} , Q ^{51,156>H} , S ^{69,174>C} , R ^{71,176>S} , C ^{234>S}		
Post-translational modifications		
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro		
27-69, 132-174, 253-262, 275-290, 291-301, 324-368, 369-377, 400-445, 446-453, 465-478, 479-489, 516-560, 561-569, 592-637, 638-648, 661-676, 677-687, 714-758, 759-767		
Glycosylation sites / Sites de glycosylation / Posiciones de glicosilación		
none / aucune / ninguna		

depemokimabum #
depemokimab

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL5 (interleukin 5, IL-5)], humanized monoclonal antibody;
gamma1 heavy chain humanized (1-449) [VH humanized (*Homo sapiens* IGHV2-70*19 (75.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%)) CDR-IMGT [8.7.13] (26-33.51-57.96-108) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03 G1m3, nG1m1, 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)], (222-220')-disulfide with kappa light chain humanized (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (91.1%) -IGKJ2*02 (90.9%)) CDR-IMGT [12.3.9] (27-38.56-58.95-103) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (159), V101 (197) (114'-220')]; dimer (228-228":231-231")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO)-K1 cell line lacking the glutamine synthetase (GS) gene, glycoform alfa

dépémokimab

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL5 (interleukine 5, IL-5)], anticorps monoclonal humanisé;

chaîne lourde gamma1 humanisée (1-449) [VH humanisé (*Homo sapiens* IGHV2-70*19 (75.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%)) CDR-IMGT [8.7.13] (26-33.51-57.96-108) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03 G1m3, nG1m1, 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)], (222-220')-disulfure avec la chaîne légère kappa humanisée (1'-220') [V-KAPPA humanisé (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (91.1%) -IGKJ2*02 (90.9%)) CDR-IMGT [12.3.9] (27-38.56-58.95-103) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 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 ne présentant pas le gène de la glutamine synthétase, glycoforme alfa

depemokimab

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL5 (interleukina 5, IL-5)], anticuerpo monoclonal humanizado;

cadena pesada gamma1 humanizada (1-449) [VH humanizado (*Homo sapiens* IGHV2-70*19 (75.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%)) CDR-IMGT [8.7.13] (26-33.51-57.96-108) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03 G1m3, nG1m1, 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)], (222-220')-disulfuro con la cadena ligera kappa humanizada (1'-220') [V-KAPPA humanizado (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (91.1%) -IGKJ2*02 (90.9%)) CDR-IMGT [12.3.9] (27-38.56-58.95-103) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 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 en ausencia del gen glutamina sintetasa (GS), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QVTLRESGPA	LVKPTQTTLT	TCTVSGFSLT	GSSVHWVRQP	PGKGLEWLG	50
IWASGGTDYN	SALMSRLSIS	KDTSRNQVVL	TMTNMDPVD	ATYYCARDPP	100
SGLLRLDYLW	RGLTVTVSSA	STKGPSVFPL	APSSKSTSGG	TAALGCLVKD	150
YFPEPVTVSW	NSGALTSGVH	TFFAVLQSSG	LYSLSSVVT	PSSSLGTQTY	200
ICNVNHPFSN	TKVDKRVPEK	SCDKTHTCPP	CPAPELLGGP	SVFLFPPKPK	250
DTLYITREPE	VTCVVVDVSH	EDPEVKFNWY	VDGVEVHNAK	TKPREEQYNS	300
TYRVVSVLTV	LHQDNLNGKE	YKCKVSNKAL	PAPIETISKIS	AKGQPREPQV	350
YTLPPSRREEM	TKNQVSLTCL	VKGFPYSDIA	VEWESNGQPE	NNYKTTTPVL	400
DSGSGFFLYS	KLTVDKSRWQ	QGNVFSCSVM	HEALHNHYTQ	KSLSLSPGK	449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

DIVMTQSPDS	LAVSLGERAT	INCKSSQSL	NSGNQKNYLA	WYQQKPGQP	50
KLLIYGASTR	ESGVPRDFSG	SGSGTDFTLT	ISSLQAEDVA	VYQCNVHSF	100
PFTFGGGTKL	EIKRTVAAPS	VFIFPPSDEQ	LKSGTASVVC	LLNNFYPREA	150
KVQWKVDNAL	QSGNSQESVT	EQDSKSTYS	LSSTLTLSKA	DYEKKHVYAC	200
EVTHQGLSSP	VTKSFNRGEC				220

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104)	22-95	146-202	263-323	369-427
	22"-95"	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 to pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl)

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 biantennarios complejos fucosilados.

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

H CHS K2:

449, 449"

deucravacitinibum

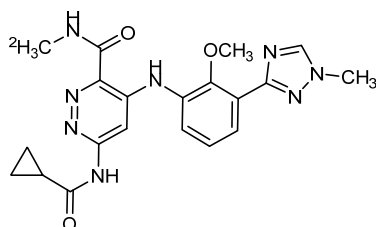
deucravacitinib

6-(cyclopropanecarboxamido)-4-[2-methoxy-3-(1-methyl-1*H*-1,2,4-triazol-3-yl)anilino]-*N*-(²H₃)methylpyridazine-3-carboxamide

deucravacitinib

6-(cyclopropanecarboxamido)-4-[2-méthoxy-3-(1-méthyl-1*H*-1,2,4-triazol-3-yl)anilino]-*N*-(²H₃)méthylpyridazine-3-carboxamide

deucravacitinib

6-(ciclopropanecarboxamido)-*N*-(²H₃)metil-4-[3-(1-metil-1*H*-1,2,4-triazol-3-il)-2-metoxianilino]piridazina-3-carboxamidaC₂₀H₁₉²H₃N₈O₃**dirocaftor**

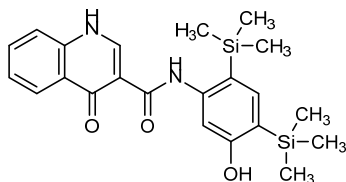
dirocaftor

N-[5-hydroxy-2,4-bis(trimethylsilyl)phenyl]-4-oxo-1,4-dihydroquinoline-3-carboxamide

dirocaftor

N-[5-hydroxy-2,4-bis(triméthylsilyl)phényl]-4-oxo-1,4-dihydroquinoléine-3-carboxamide

dirocaftor

N-[5-hidroxi-2,4-bis(trimetilsilil)fenil]-4-oxo-1,4-dihidroquinoleína-3-carboxamidaC₂₂H₂₈N₂O₃Si₂**divozilimabum #**

divozilimab

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

gamma1 heavy chain (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (86.7%)) CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 (CH1 R120 (218) (122-219), hinge 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 E12 (360), M14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-213')-disulfide with kappa light chain (1'-213') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV4-72*01 (85.3%) -IGKJ1*01 (90.9%)/*Homo sapiens* IGKV3D-11*02 (73.3%) -IGKJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [5.3.9] (27-31.49-51.88-96) (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (152), V101 (190) (107'-213')]; dimer (230-230":233-233")-bisdisulfide, produced in a Chinese hamster ovary (CHO)-S cell line, glycoform alfa

divozilimab immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* MS4A1 (membre 1 de la sous-famille A à 4 domaines transmembranaires, CD20)], anticorps monoclonal;
chaîne lourde gamma1 (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (86.7%) - (IGHD) -IGHJ1*01 (86.7%)) CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 (CH1 R120 (218) (122-219), charnière 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 E12 (360), M14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-213')-disulfure avec la chaîne légère kappa (1'-213') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV4-72*01 (85.3%) -IGKJ1*01 (90.9%)/*Homo sapiens* IGKV3D-11*02 (73.3%) - IGKJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [5.3.9] (27-31.49-51.88-96) (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (152), V101 (190) (107'-213')]; dimère (230-230":233-233")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO) lignée cellulaire CHO-S, glycoforme alfa

divozilimab inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* MS4A1 (miembro 1 de la subfamilia A con 4 dominios transmembranarios, CD20)], anticuerpo monoclonal;
cadena pesada gamma1 (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (86.7%) - (IGHD) -IGHJ1*01 (86.7%)) CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 (CH1 R120 (218) (122-219), bisagra 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 E12 (360), M14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-213')-disulfuro con la cadena ligera kappa (1'-213') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV4-72*01 (85.3%) -IGKJ1*01 (90.9%)/*Homo sapiens* IGKV3D-11*02 (73.3%) - IGKJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [5.3.9] (27-31.49-51.88-96) (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (152), V101 (190) (107'-213')]; dímero (230-230":233-233")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO) línea celular CHO-S, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
EVQLVQPGAE VVKPGASVKV SCKASGYTFT SYNMHWVRQA PGRGLEWMDGA 50
IYPGNGDTSY NQKFKGRVTM TRDKSTSTVY MELSSLRSED TAVYYCARST 100
YGGDWYFNV WGGTLVTVS SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGLCLV 150
KDYFPPEPVTW SWNSGALTSG VHTFPAVLQS SGLYSLSSVY TVPSSSLGTQ 200
TYICNVNHKP SNTKVDKRVK PKSCDKTHTC PPCPAPELLG GPSVFLFPFK 250
PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN ARTKPREEQY 300
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKGQPREP 350
QVYTLPPSRE EMTKNQVSLT CLVKGFPYSD IAVEWESNGQ PENNYKTTTP 400
VLSDSGSFEL YSKLTVDKSR WQQGNVFSCS VMHEALHNNY TQKSLSLSPG 450
K 451

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
QIVLSQSPAI LSASPGERVLT LTRASSSVS YIHWFQKPG KAPKPLIYAT 50
SNLASGVPSR FSGSGSGTDF SLTISRVEPE DFAVYYCQQW TSNPTTFGGG 100
TKVEIKRTVA APSVFIFPPS DEQLKSGTAS VVCLLNNFYF REAKVQWKVD 150
NALQSGNSQE SVTEQDSKDS TYLSLSTLT SKADYEKKV YACEVTHQGL 200
SSPVTKSFNR GEC 213

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 148-204 265-325 371-429
22"-96" 148"-204" 265"-325" 371"-429"
Intra-L (C23-C104) 23'-87' 133'-193'
23"-87" 133"-193"
Inter-H-L (h 5-CL 126) 224-213' 224"-213"
Inter-H-H (h 11, h 14) 230-230" 233-233"

N-terminal glutaminy cyclization to pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl)
L VL Q1:
I', I"

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

ebronucimabum #

ebronucimab

immunoglobulin G1-lambda2, anti-[*Homo sapiens* PCSK9 (proprotein convertase subtilisin/kexin type 9, neural apoptosis-regulated convertase 1, NARC1, NARC-1, proprotein convertase 9, PC9)], *Homo sapiens* monoclonal antibody; gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-21*01 (91.8%) -(IGHD) - IGHJ3*01 (100%)) CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112) (1-123)-*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%), G1m17,1 (CH1 K120 (220) (124-221), hinge 1-15 (222-236), CH2 (237-346), CH3 D12 (362), L14 (364) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-216')-disulfide with lambda2 light chain *Homo sapiens* (1'-217') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV2-11*01 (81.6%) -IGLJ1*01 (90.9%)) CDR-IMGT [9.3.11] (26-34.52-54.91-101) (1'-111') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (112'-217')]; dimer (232-232":235-235")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa

ébronucimab

immunoglobuline G1-lambda2, anti-[*Homo sapiens* PCSK9 (proprotéine convertase subtilisine/kexine type 9, convertase 1 régulée par l'apoptose neuronale, NARC1, NARC-1, proprotéine convertase 9, PC9)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*; chaîne lourde gamma1 *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-21*01 (91.8%) -(IGHD) - IGHJ3*01 (100%)) CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112) (1-123)-*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%), G1m17,1 (CH1 K120 (220) (124-221), charnière 1-15 (222-236), CH2 (237-346), CH3 D12 (362), L14 (364) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-216')-disulfure avec la chaîne légère lambda2 *Homo sapiens* (1'-217') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV2-11*01 (81.6%) -IGLJ1*01 (90.9%)) CDR-IMGT [9.3.11] (26-34.52-54.91-101) (1'-111') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (112'-217')]; dimère (232-232":235-235")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

ebronucimab

immunoglobulina G1-lambda2, anti-[*Homo sapiens* PCSK9 (proproteína convertasa subtilisina/kexina tipo 9, convertasa 1 regulada por la apoptosis neuronal, NARC1, NARC-1, proproteína convertasa 9, PC9)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*; cadena pesada gamma1 *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-21*01 (91.8%) -(IGHD) - IGHJ3*01 (100%)) CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112) (1-123)-*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%), G1m17,1 (CH1 K120 (220) (124-221), bisagra 1-15 (222-236), CH2 (237-346), CH3 D12 (362), L14 (364) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-216')-disulfuro con la cadena ligera lambda2 *Homo sapiens* (1'-217') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV2-11*01 (81.6%) -IGLJ1*01 (90.9%)) CDR-IMGT [9.3.11] (26-34.52-54.91-101) (1'-111') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (112'-217')]; dímero (232-232":235-235")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
EVQLVESGGG LVQPGRSLRL SCAASGFTFS SYSNMWVRQA PGKLEWVSG 50
ISSSSSYISY ADSVQGRFTI SRDNGKNSLY LQMNSLRAED TALYFCAREY 100
DFWSAYYDAF DVWGQGTMTV VSSASTKGPS VFFLAPSSKS TSGGTAALGC 150
LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG 200
TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSCDKTH TCPPCPAPEL LGGPSVFLFP 250
PKPKDTLMIS RTPVETCVVV DVSHEDEPKV FNWYVDGVEV HNAKTKPREE 300
QYNSTYRVVS VLTVLHQDWL NGKEYCKVVS NKALFAPIEK TISKAKGQPR 350
EPQVYTLPPS RDELTKNQVS LTCLVKGYFP SDIAVEWESN GQPENNYKTT 400
PFVLDSDGSF FLYSKLTVDK SRWQQGNVFS CSVMHEALHN HYTKQKSLSL 450
PGK 453

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
QSELTPRSV SGSPGQSVTI SCTGTSRNIG GGNDVHWYQQ HPGKAPKLLI 50
SGVIERSSGV PDRFSGSKSG NTASLTISGL QAEDADYYC QSFDSLSGS 100
VFGTGTDTV LGQPKAAPSV TLFPPSSEEL QANKATLVCL ISDFYPGAVT 150
VAWKADSSPV KAGVETTPS KQSNKKYAAS SYLSLTPEQW KSHRSYSCQV 200
THEGSTVEK VAPTECS 217

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22°-96' 150°-206' 267°-327' 373°-431'
22°-96" 150°-206" 267°-327" 373°-431"
Intra-L (C23-C104) 22°-90' 139°-198'
22°-90" 139°-198"
Inter-H-L (h 5-CL 126) 226°-216' 226°-216"
Inter-H-H (h 11, h 14) 232°-232' 235°-235"

N-terminal glutaminyl cyclization to pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl)
L VL Q1:
I', I"

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

C-terminal lysine clipping / Coupeure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2:
453, 453"

edra**l**brutinibum
edra**l**brutinib

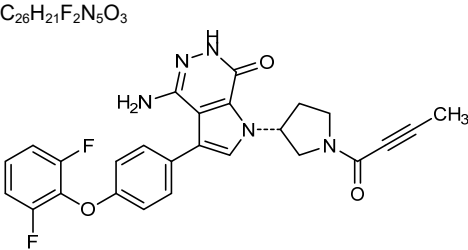
4-amino-1-[(3*R*)-1-(but-2-ynoyl)pyrrolidin-3-yl]-3-[4-(2,6-difluorophenoxy)phenyl]-1,6-dihydro-7*H*-pyrrolo[2,3-*d*]pyridazin-7-one

édra**l**brutinib

4-amino-1-[(3*R*)-1-(but-2-ynoyl)pyrrolidin-3-yl]-3-[4-(2,6-difluorophénoxy)phényl]-1,6-dihydro-7*H*-pyrrolo[2,3-*d*]pyridazin-7-one

edra**l**brutinib

4-amino-1-[(3*R*)-1-(but-2-inoil)pirrolidin-3-il]-3-[4-(2,6-difluorofenoxi)fenil]-1,6-dihidro-7*H*-pirrolo[2,3-*d*]piridazin-7-ona



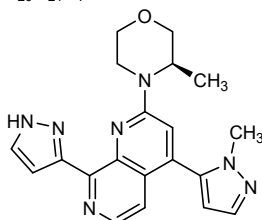
elimusertibum
elimusertib

2-[(3*R*)-3-methylmorpholin-4-yl]-4-(1-methyl-1*H*-pyrazol-5-yl)-8-(1*H*-pyrazol-3-yl)-1,7-naphthyridine

élimusertib

2-[(3*R*)-3-méthylmorpholin-4-yl]-4-(1-méthyl-1*H*-pyrazol-5-yl)-8-(1*H*-pyrazol-3-yl)-1,7-naphthyridine

elimusertib

2-[(3*R*)-3-metilmorfolin-4-il]-4-(1-metil-1*H*-pirazol-5-il)-8-(1*H*-pirazol-3-il)-1,7-naftiridina $C_{20}H_{21}N_7O$ 

eluvixtamabum #

eluvixtamab

immunoglobulin scFv-scFv, anti-[*Homo sapiens* CD33 (sialic acid binding Ig-like lectin 3, SIGLEC3, SIGLEC-3, gp67, p67)] and anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon)], monoclonal antibody single chain, bispecific; IG scFv-scFv single chain, anti-CD33 and anti-CD3E (1-511) [scFv-VH-V-kappa anti-CD33 (1-250) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-18*01 (82.7%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111) (1-122)-15-mer tris(tetraglycyl-seryl) linker (123-137) -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (83.2%) -IGKJ5*01 (100%)) CDR-IMGT [12.3.9] (164-175.193-195.232-240) (138-250)] -6-mer seryl-tetraglycyl-seryl linker (251-256) -scFv-VH-V-lambda anti-CD3E (257-505) [VH (*Mus musculus* IGHV10-1*02 (91.9%) - (IGHD) -IGHJ3*01 (86.7%))/*Homo sapiens* IGHV3-73*01 (87%) - (IGHD) -IGHJ5*01 (100%)) CDR-IMGT [8.10.16] (282-289.307-316.355-370) (257-381) -15-mer tris(tetraglycyl-seryl) linker (382-396) -V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV7-43*01 (85.1%) -IGLJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [9.3.9] (422-430.448-450.487-495) (397-505)] - hexahistidine (506-511)], non-glycosylated, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells

éluvixtamab

immunoglobuline scFv-scFv, anti-[*Homo sapiens* CD33 (lectine 3 de type Ig-like liant l'acide sialique, SIGLEC3, SIGLEC-3, gp67, p67)] et anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon)], anticorps monoclonal à chaîne unique, bispécifique; IG scFv-scFv à chaîne unique, anti-CD33 et anti-CD3E (1-511) [scFv-VH-V-kappa anti-CD33 (1-250) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-18*01 (82.7%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111) (1-122)-15-mer tris(tétraglycyl-séryl) linker (123-137) -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (83.2%) -IGKJ5*01 (100%)) CDR-IMGT [12.3.9] (164-175.193-195.232-240) (138-250)] -6-mer séryl-tétraglycyl-séryl linker (251-256) -scFv-VH-V-lambda anti-CD3E (257-505) [VH (*Mus musculus* IGHV10-1*02 (91.9%) - (IGHD) -IGHJ3*01 (86.7%))/*Homo sapiens* IGHV3-73*01 (87%) - (IGHD) -IGHJ5*01 (100%)) CDR-IMGT [8.10.16] (282-289.307-316.355-370) (257-381) -15-mer tris(tétraglycyl-séryl) linker (382-396) -V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV7-43*01 (85.1%) -IGLJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [9.3.9] (422-430.448-450.487-495) (397-505)] - hexahistidine (506-511)], non-glycosylé, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO)

eluvixtamab

immunoglobulina scFv-scFv, anti-[*Homo sapiens* CD33 (lectina 3 de tipo Ig-like aglutinando el ácido siálico, SIGLEC3, SIGLEC-3, gp67, p67)] y anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 épsilon)], anticuerpo monoclonal con cadena única, biespecífico;

IG scFv-scFv con cadena única, anti-CD33 y anti-CD3E (1-511) [scFv-VH-V-kappa anti-CD33 (1-250) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-18*01 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111) (1-122)-15-mer tris(tetraglicil-seril) linker (123-137) -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (83.2%) -IGKJ5*01 (100%)) CDR-IMGT [12.3.9] (164-175.193-195.232-240) (138-250)] -6-mer seril-tetraglicil-seril linker (251-256) -scFv-VH-V-lambda anti-CD3E (257-505) [VH (*Mus musculus* IGHV10-1*02 (91.9%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (86.7%)/*Homo sapiens* IGHV3-73*01 (87%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (100%)) CDR-IMGT [8.10.16] (282-289.307-316.355-370) (257-381) -15-mer tris(tetraglicil-seril) linker (382-396) -V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV7-43*01 (85.1%) -IGLJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [9.3.9] (422-430.448-450.487-495) (397-505)] -hexahistidina (506-511)], no glicosilado, producido en las células ováricas de hamster chino (CHO)

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
 QVQLVQSGAE VKKPGESVKV SCKASGYTFT NYGMNVKQA PGQGLEWMGW 50
 INTYTGPEPT ADKFQGRVTM TTDSTSTAY MEIRNLGGDD TAVYCARWS 100
 WSDGYVYVFD YWGQTSVTIV SSGGGGSGGG GSGGGGSDIV MTQSPDSLTV 150
 SLGERTTINC KSSQSVLDSS TNKNSLAWYQ QKPGQPPKLL LSWASTRESG 200
 IPDRFSGSGS GTDFTLTIDS PQPDSATYY CQQAHPFIT FGQTRLEIK 250
 SGGGSGEVQL VESGGGLVQP GGSLLKSCAA SGFTFNKYAM NNVRAAPGKG 300
 LEWVARIRSK YNNYATYYAD SVKDRFTISR DDSKNTAYLQ MNNLKTEDTA 350
 VYYCVRHGNF GNSYISYWAY WQGTTLTVS SGGGSGGGG SGGGSGQTVV 400
 TQEPSTLVSP GGTVTILTCGS STGAVTSGNY PNWVQKPGQ APRGLIGGTK 450
 FLAPGTPARF SSSLGGKAA LTLGVPQPED EAEYYCVLWY SNRWVFGGT 500
 KLTVLHHHHH H 511

Post-translational modifications
 Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
 Intra-V (C23 C104) 22-96 160-231 278-354 418-486

N-terminal glutaminyI cyclization to pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl)
 VH Q1: I

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

emerfetamabum # emerfetamab

immunoglobulin scFv-scFv-scFc, anti-[*Homo sapiens* CD33 (sialic acid binding Ig-like lectin 3, SIGLEC3, SIGLEC-3, gp67, p67)] and anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], monoclonal antibody single chain (scFv)2-scFc, bispecific;
 IG scFv-scFv-scFc single chain, anti-CD33 and anti-CD3E (1-993) [scFv-VH-V-kappa anti-CD33 (1-250) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-18*01 G49>C (44) (81.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111) (1-122) -15-mer tris(tetraglycyl-seryl) linker (123-137) -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (83.2%) -IGKJ5*01 Q120>C (243) (91.7%)) CDR-IMGT [12.3.9] (164-175.193-195.232-240) (138-250)] -6-mer seryl-tetraglycyl-seryl linker (251-256) -scFv-VH-V-lambda anti-CD3E (257-505) [VH (*Mus musculus* IGHV10-1*02 (91.9%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (86.7%)/*Homo sapiens* IGHV3-73*01 (87%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (100%)) CDR-IMGT [8.10.16] (282-289.307-316.355-370) (257-381) -15-mer tris(tetraglycyl-seryl) linker (382-396) -V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV7-43*01 (85.1%) -IGLJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [9.3.9] (422-430.448-450.487-495) (397-505)] -4-mer tetraglycyl linker (506-509) -scFc (h-CH2-CH3)-(h-CH2-CH3) (510-993) [*Homo sapiens* IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 (hinge 6-15 (510-519), CH2 R83>C (581), N84.4>G (586), V85>C (591) (520-629), CH3 E12 (645), M14 (647) (630-734), CHS (735-736)) (510-736) -30-mer hexakis(tetraglycyl-seryl) linker (737-766) -*Homo sapiens* IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 (hinge 6-15 (767-776), CH2 R83>C (838), N84.4>G (843), V85>C (848) (777-886), CH3 E12 (902), M14 (904) (887-991), CHS (992-993)) (767-993)]], non-glycosylated, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells

émérfétamab

immunoglobuline scFv-scFv-scFc, anti-[*Homo sapiens* CD33 (lectine 3 de type Ig-like liant l'acide sialique, SIGLEC3, SIGLEC-3, gp67, p67)], et anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], anticorps monoclonal à chaîne unique (scFv)₂-scFc, bispécifique;

IG scFv-scFv-scFc chaîne unique, anti-CD33 et anti-CD3E (1-993) [scFv-VH-V-kappa anti-CD33 (1-250) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-18*01 G49>C (44) (81.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111) (1-122) -15-mer-tris(tétraglycyl-séryl) linker (123-137) -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (83.2%) -IGKJ5*01 Q120>C (243) (91.7%)) CDR-IMGT [12.3.9] (164-175.193-195.232-240) (138-250)] -6-mer séryl-tétraglycyl-séryl linker (251-256) -scFv-VH-V-lambda anti-CD3E (257-505) [VH (*Mus musculus* IGHV10-1*02 (91.9%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (86.7%)/*Homo sapiens* IGHV3-73*01 (87%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (100%)) CDR-IMGT [8.10.16] (282-289.307-316.355-370) (257-381) -15-mer tris(tétraglycyl-séryl) linker (382-396) -V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV7-43*01 (85.1%) -IGLJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [9.3.9] (422-430.448-450.487-495) (397-505)] -4-mer-tétraglycyl linker (506-509) -scFc (h-CH2-CH3)-(h-CH2-CH3) (510-993) [*Homo sapiens* IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 (charnière 6-15 (510-519), CH2 R83>C (581), N84.4>G (586), V85>C (591) (520-629), CH3 E12 (645), M14 (647) (630-734), CHS (735-736)) (510-736) -30-mer hexakis(tétraglycyl-séryl) linker (737-766) -*Homo sapiens* IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 (charnière 6-15 (767-776), CH2 R83>C (838), N84.4>G (843), V85>C (848) (777-886), CH3 E12 (902), M14 (904) (887-991), CHS (992-993)) (767-993)]], non-glycosylé, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO)

emerfetamab

inmunoglobulina scFv-scFv-scFc, anti-[*Homo sapiens* CD33 (lectina 3 de tipo Ig-like aglutinando el ácido siálico, SIGLEC3, SIGLEC-3, gp67, p67)], y anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 épsilon, Leu-4)], anticuerpo monoclonal con cadena única (scFv)₂-scFc, biespecífico;

IG scFv-scFv-scFc cadena única, anti-CD33 y anti-CD3E (1-993) [scFv-VH-V-kappa anti-CD33 (1-250) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-18*01 G49>C (44) (81.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111) (1-122) -15-mer-tris(tetraglicil-seril) linker (123-137) -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (83.2%) -IGKJ5*01 Q120>C (243) (91.7%)) CDR-IMGT [12.3.9] (164-175.193-195.232-240) (138-250)] -6-mer seril-tetraglicil-seril linker (251-256) -scFv-VH-V-lambda anti-CD3E (257-505) [VH (*Mus musculus* IGHV10-1*02 (91.9%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (86.7%)/*Homo sapiens* IGHV3-73*01 (87%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (100%)) CDR-IMGT [8.10.16] (282-289.307-316.355-370) (257-381) -15-mer tris(tetraglicil-seril) linker (382-396) -V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV7-43*01 (85.1%) -IGLJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [9.3.9] (422-430.448-450.487-495) (397-505)] -4-mer-tetraglicil linker (506-509) -scFc (h-CH2-CH3)-(h-CH2-CH3) (510-993) [*Homo sapiens* IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 (bisagra 6-15 (767-776), CH2 R83>C (838), N84.4>G (843), V85>C (848) (777-886), CH3 E12 (902), M14 (904) (887-991), CHS (992-993)) (767-993)]], no glicosilado, producido en las células ováricas de hamster chino (CHO)

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada			
QVQLVQSGAE	VKKPGESVVK	SKASGITFT	NYGMNVKQA PGQCLEWMGW 50
INTYTGPTY	ADKFGGRVTM	TTDTSTSTAY	MEIRNLGGDD TAVYYCARMS 100
WSDGYIVYFD	YWGQGTSTV	SSGGGSGGG	SGGGGSDIV MTQSPDSLTV 150
SLGERTTINC	KSSQSVLDSS	TNKNSLAWYQ	QKPGQFPKLL LSWASTRESG 200
IPDRFSGSGG	CTDFTLIDS	PPEDSATYY	CQQSAHFFIT FGCGRLEIK 250
SGGGGSEYQL	VESGGGLVQF	GGSLKLSCAA	SGTFENKYAM NNVKQAFKKG 300
LEWVARIRSK	YNNYATYYAD	SVKDRFTISR	DDSKNTAFLQ MNNLKTEDTA 350
VYYCVRHGWF	GNSYISYWAY	WGQETLVTVS	SGGGGSGGG SGGGGSGTVV 400
TQEPSTLYSP	GGTVTLTCGS	STGAVTSGNY	PNWVQKPGQ APRGLIGCTK 450
FLAPGTPARF	SGSLLGKMA	LTLSGVQPED	EAEYCVLWY SNRWVFGGT 500
KLTVLGGGDD	KTHTCPPCPA	PELLGGPSVF	LFPKPKDTL MISRTPEVTC 550
VVVDVSHEDP	EVKFNWYVDG	VEVHNATKP	CEEQYGSTYR CVSVLTVLHQ 600
DWLNGKEYKC	KVSNKALPAP	IEKTISKARG	QPREQVYTL PPSREEMTKN 650
QVSLTCLYKG	FYPSDIAVEW	ESNGQPENNY	KTTTPVLDSD GSFFLYSKIT 700
VDKSRWQGN	VFSCVMHEA	LHNHYTQKSL	SLSPGKGGG SGGGSGGGG 750
SGGGSGGGG	SGGGGSKDTH	TCPPCPAPEL	LGGPSVFLFP PKPKDTLMIS 800
RTPEVTCVVV	DYSHEDPEVK	FNWYVDGVEV	HNAKTKPCRE QYGSTYRCVS 850
VLTVLHQDWL	NGKEYCKVVS	NKALPAPIEK	TISKAKGQPR EPQVYTLFPS 900
REEMTKNQVS	LTLCLVKGFFV	SDIAVEWESN	GQPENNYKTT PPVLDSDGSF 950
FLYSKITVYDK	SRWQGNVFS	CSVMHEALHN	HYTQKSLSLS PGK 993
Post-translational modifications			
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro			
Intra-V (C23-C104)	22-96	160-231	278-354 418-486
Intra-C (C23-C104)	550-610	656-714	807-867 913-971
Intra-CH2 (C83-C85)	581-591	838-848	
Inter-VH-VL (C49-C120)	44-243		
Inter-h11 (h 11 - h 11)	515-772		
Inter-h14 (h 14 - h 14)	518-775		
N-terminal glutaminylation cyclization to pyroglutamylation (pE, 5-oxoproline)			
VH Q1:			
I			
No N-glycosylation sites / pas de sites de N-glycosylation / ningún posición de N-glicosilación			
CH2 N84.4>G:			
586, 843			
Aglycosylated			
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal			
CHS K2:			
993			

enibarcimabum #
enibarcimab

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ADM (adrenomedullin)], monoclonal antibody;
gamma1 heavy chain (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*01 (86.5%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%)) CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17.1 (CH1 K120 (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 kappa light chain (1'-219') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV1-117*01 (88.0%) -IGKJ2*01 (100%)/*Homo sapiens* IGKV2-30*01 (88.0%) -IGKJ2*01 (91.7%)) 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 (227-227'':230-230'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO)-DG44 cell line, glycoform alfa

énibarcimab

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ADM (adrénomédulline)], anticorps monoclonal;
chaîne lourde gamma1 (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*01 (86.5%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%)) CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17.1 (CH1 K120 (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 kappa (1'-219') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV1-117*01 (88.0%) -IGKJ2*01 (100%)/*Homo sapiens* IGKV2-30*01 (88.0%) -IGKJ2*01 (91.7%)) 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 (227-227'':230-230'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO) lignée cellulaire CHO-DG44, glycoforme alfa

enibarcimab

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ADM (adrenomedulina)], anticuerpo monoclonal; cadena pesada gamma1 (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*01 (86.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%)) CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 (CH1 K120 (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 kappa (1'-219') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV1-117*01 (88.0%) -IGKJ2*01 (100%)/*Homo sapiens* IGKV2-30*01 (88.0%) -IGKJ2*01 (91.7%)) 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 (227-227":230-230")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO) línea celular CHO-DG44, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
 QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCASGYTFS RYIEWVRQA PGQGLEWIGE 50
 ILPGSGSTNY NQKFQGRVTI TADTSTSTAY MELSSLRSED TAVYYCTEGY 100
 EYDGFYWGQ GTTVTVSSAS TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY 150
 FPEPVTYSWN SGALTSGVHT FFAVLQSSGL YSLSSVTVTP SSSLGTQTYI 200
 CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHCTPPC PAPELLGGPS VFLFPPKPKD 250
 TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNMYV DGEVHNNAKT KPREEQYNST 300
 YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY 350
 TLPPSRDELT KNQVSLTCLV KGFYPSDIAP EWESNGQFEN NYKTTTPVLD 400
 SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
 DVVLTSQPLS LPVTLGQPAS ISCRSSQSIV YSNGNTYLEW YLQRPGQSPR 50
 LLIYKVSNRG SGVPDRFSGS GSGDTFTLKI SRVEAEDGV YFCFQGSHP 100
 YTFGGGKTLK IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVVCL LNNFYPREAK 150
 VQWVKDNLQ SGNSQESVTE QDSKDSYSL SSSLTSLSKAD YEKHKVYACE 200
 VTHQQLSSPV 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 to pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl)

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 biantennarios complejos fucosilados.

enomimeranum

enomimeran

Messenger RNA encoding melanoma-associated antigen 3 (MAGE-A3).

Messenger RNA (mRNA), 5'-capped, encoding codon-optimised melanoma-associated antigen 3 (MAGE-A3, cancer/testis antigen 1.3) expressed as a fusion protein comprising a secretory signal peptide, MAGE-A3, P2P16 tetanus toxoid-derived helper epitopes and a major histocompatibility complex (MHC) class I transmembrane and cytoplasmic domain (MITD), connected by three glycine/serine-rich (GS) linker peptides, flanked by 5' and 3' untranslated regions and a 3' poly(A) tail.

énomiméran

ARN messenger codant pour l'antigène 3 associé au mélanome (MAGE-A3).

	Un ARN messager (ARNm), protégé en 5', codant pour l'antigène 3 associé au mélanome (MAGE-A3, antigène 1.3 du cancer testiculaire), avec des codons optimisés, exprimé sous la forme d'une protéine de fusion comprenant un peptide signal de sécrétion, MAGE-A3, les épitopes auxiliaires P2P16 dérivés de l'anatoxine tétanique et un domaine transmembranaire et cytoplasmique (MITD) du complexe majeur d'histocompatibilité (CMH) de classe I, reliés par trois peptides de liaison riches en glycine/sérine (GS), flanqués de régions non traduites en 5' et 3' et d'une queue poly(A) en 3'.
enomimerán	ARN mensajero que codifica para el antígeno asociado a melanoma 3 (MAGE-A3). ARN mensajero (ARNm), protegido en 5', que codifica para el antígeno asociado a melanoma 3 (MAGE-A3, antígeno de cáncer/testículo 1.3), con codones optimizados, expresado como una proteína de fusión que consta de un péptido señal de secreción, MAGE-A3, los epítomos auxiliares P2P16 derivados del toxoide tetánico y un dominio citoplásmico y transmembrana del complejo principal de histocompatibilidad (MHC) de clase I, conectados mediante tres péptidos de enlace ricos en glicina/serina (GS), flanqueado por las regiones 5' y 3' no traducidas y una cola poly(A) en 3'.
entacingenum turiparvovecum #	
entacingene turiparvovec	A replication-defective adeno-associated viral vector encoding cone photoreceptor cyclic nucleotide-gated channel $\beta 3$ (CNGB3). A recombinant non-replicating adeno-associated viral vector serotype 8 (rAAV8), encoding codon-optimised human cone photoreceptor cyclic nucleotide gated channel $\beta 3$ (CNGB3), under the control of the human cone arrestin (hCAR) promoter and an SV40 poly(A) sequence, flanked by AAV2 inverted terminal repeats (ITR).
entacingène turiparvovec	Un vecteur adénoviral à réplication défectueuse codant pour le canal du photorécepteur conique $\beta 3$ (CNGB3), dépendant des nucléotides cycliques. Un vecteur adénoviral recombinant non réplcatif de sérotype 8 (rAAV8), codant pour le canal du photorécepteur du cône humain $\beta 3$ (CNGB3), dépendant des nucléotides cycliques, avec des codons optimisés, sous le contrôle du promoteur hCAR (arrestine du cône humain) et d'une séquence poly(A) SV40, flanquée de répétitions terminales inversées (ITR) AAV2.
entacingén turiparvovec	Un vector de virus adeno-asociado, deficiente de replicación, que codifica para el canal $\beta 3$ regulado por nucleótidos cíclicos (CNGB3) del fotorreceptor de los conos. Un vector de virus adeno-asociado recombinante serotipo 8 (rAAV8), deficiente de replicación, que codifica para el canal $\beta 3$ regulado por nucleótidos cíclicos (CNGB3) del fotorreceptor de los conos, con codones optimizados, bajo el control del promotor de la arrestina de cono humana (hCAR) y una secuencia poly(A) de SV40, flanqueado por las repeticiones invertidas terminales (ITR) del AAV2.

eplontersenum

eplontersen

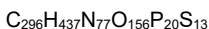
all-P-ambo-5'-O-(28-[(2-acetamido-2-deoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]-16,16-bis[[3-({6-[(2-acetamido-2-deoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]hexyl)amino}-3-oxopropoxy]methyl]-1-hydroxy-1,10,14,21-tetraoxo-2,18-dioxo-9,15,22-triaza-1λ⁶-phosphaoctacosan-1-yl)-2'-O-(2-methoxyethyl)-5-methyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)-5-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)-5-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)-5-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)guanylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenilyl-(3'→5')-2'-deoxy-5-methyl-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenilyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenilyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenilyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)adenilyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)-5-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)-5-methyl-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)-5-methyl-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)-5-methylcytidine

éplontersen

tout-P-ambo-5'-O-(28-[(2-acétamido-2-désoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]-16,16-bis[[3-({6-[(2-acétamido-2-désoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]hexyl)-amino}-3-oxopropoxy]méthyl]-1-hydroxy-1,10,14,21-tétraoxo-2,18-dioxo-9,15,22-triaza-1λ⁶-phosphaoctacosan-1-yl)-2'-O-(2-méthoxyéthyl)-5-méthyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-(2-méthoxyéthyl)-5-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-(2-méthoxyéthyl)-5-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-(2-méthoxyéthyl)-5-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-(2-méthoxyéthyl)guanylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioadénylyl-(3'→5')-2'-désoxy-5-méthyl-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioadénylyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioadénylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioadénylyl-(3'→5')-2'-O-(2-méthoxyéthyl)adénylyl-(3'→5')-2'-O-(2-méthoxyéthyl)-5-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-(2-méthoxyéthyl)-5-méthyl-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-O-(2-méthoxyéthyl)-5-méthyl-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-O-(2-méthoxyéthyl)-5-méthylcytidine

eplontersén

todo-P-ambo-5'-O-(28-[(2-acetamido-2-desoxi-β-D-galactopiranosil)oxi]-16,16-bis[[3-({6-[(2-acetamido-2-desoxi-β-D-galactopiranosil)oxi]hexil)amino}-3-oxopropoxi]metil]-1-hidroxi-1,10,14,21-tetraoxo-2,18-dioxo-9,15,22-triaza-1λ⁶-fosfaoctacosan-1-il)-2'-O-(2-metoxietil)-5-metil-P-tiuridilil-(3'→5')-2'-O-(2-metoxietil)-5-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-(2-metoxietil)-5-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-(2-metoxietil)-5-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-(2-metoxietil)guanilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioguanilil-(3'→5')-P-tiotimidilil-(3'→5')-P-tiotimidilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioadenilil-(3'→5')-2'-desoxi-5-metil-P-tiocitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioadenilil-(3'→5')-P-tiotimidilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioadenilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioadenilil-(3'→5')-2'-O-(2-metoxietil)adenilil-(3'→5')-2'-O-(2-metoxietil)-5-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-(2-metoxietil)-5-metil-P-tiocitidilil-(3'→5')-2'-O-(2-metoxietil)-5-metil-P-tiocitidilil-(3'→5')-2'-O-(2-metoxietil)-5-metilcitidina



(3'-5') R1- $\text{U}=\text{C}-\text{U}-\text{U}-\text{G}-\text{d}(\text{G}=\text{T}=\text{A}=\text{C}=\text{A}=\text{T}=\text{G}=\text{A}=\text{A}=\text{A})\text{A}-\text{U}-\text{C}=\text{C}=\text{C}$

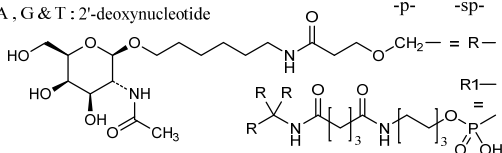
Legend:

C & U : 2'-O-(2-methoxyethyl)-5-methylnucleotide

A & G : 2'-O-(2-methoxyethyl)nucleotide

C & U : 2'-deoxy-5-methylnucleotide

A , G & T : 2'-deoxynucleotide



eprenetapoptum

eprenetapopt

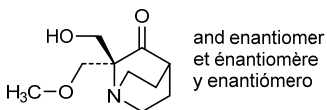
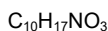
rac-(2*R*)-2-(hydroxymethyl)-2-(methoxymethyl)-1-azabicyclo[2.2.2]octan-3-one

éprénétapopt

rac-(2*R*)-2-(hydroxyméthyl)-2-(méthoxyméthyl)-1-azabicyclo[2.2.2]octan-3-one

eprenetapopt

rac-(2*R*)-2-(hidroximetil)-2-(metoximetil)-1-azabicyclo[2.2.2]octan-3-ona



etevritamabum #

etevritamab

immunoglobulin scFv-scFv, anti-[*Homo sapiens* EGFR (epidermal growth factor receptor, receptor tyrosine-protein kinase erbB-1, ERBB1, HER1, HER-1, ERBB) variant III (EGFRvIII)] and anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], monoclonal antibody single chain, bispecific;

IG scFv-scFv single chain (1-512) [scFv-VH-V-kappa anti-EGFRvIII(1-251)] [VH (*Homo sapiens* IGHV3-33*01 G49>C (44) (93.9%) -IGHD) -IGHJ4*01 (100%)] CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113) (1-124) -15-mer tris(tetraglycyl-seryl) linker (125-139) -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-24*01 (92.0%) -IGKJ1*01 Q120>C (244) (90.9%)] CDR-IMGT [11.3.9] (166-176.194-196.233-241) (140-251)] -6-mer seryl-tetraglycyl-seryl linker (252-257) -scFv-VH-V-lambda anti-CD3E (258-506) [VH (*Mus musculus* IGHV10-1*02 (91.9%) -IGHD) -IGHJ3*01 (86.7%)]/*Homo sapiens* IGHV3-73*01 (87.0%) -IGHD) -IGHJ5*01 (100%)] [8.10.16] (258-382) -15-mer tris(tetraglycyl-seryl) linker (383-397) -V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV7-43*01 (85.1%) -IGLJ3*02 (100%)] CDR-IMGT [9.3.9] (423-431.449-451.488-496) (398-506)] -hexahistidine (507-512)], non-glycosylated, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells

étévritamab

immunoglobuline scFv-scFv, anti-[*Homo sapiens* EGFR (récepteur du facteur de croissance épidermique, récepteur tyrosine-protéine kinase erb-1, ERBB1, HER1, HER-1, ERBB) variant III (EGFRvIII)] et anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], anticorps monoclonal à chaîne unique, bispécifique;
IG scFv-scFv chaîne unique (1-512) [scFv-VH-V-kappa anti-EGFRvIII(1-251) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-33*01 G49>C (44) (93.9%) -IGHD) -IGHJ4*01 (100%)] CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113) (1-124) -15-mer tris(tétraglycyl-séryl) linker (125-139) – V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-24*01 (92.0%) -IGKJ1*01 Q120>C (244) (90.9%)] CDR-IMGT [11.3.9] (166-176.194-196.233-241) (140-251)] -6-mer séryl-tétraglycyl-séryl linker (252-257) -scFv-VH-V-lambda anti-CD3E (258-506) [VH (*Mus musculus* IGHV10-1*02 (91.9%)-(IGHD) -IGHJ3*01 (86.7%)/*Homo sapiens* IGHV3-73*01 (87.0%)-(IGHD) -IGHJ5*01 (100%)] [8.10.16] (258-382) -15-mer tris(tétraglycyl-séryl) linker (383-397) -V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV7-43*01 (85.1%) -IGLJ3*02 (100%) CDR-IMGT [9.3.9] (423-431.449-451.488-496) (398-506)] -hexahistidine (507-512)], non-glycosylé, produit dans des cellules ovariennes de hamsters chinois (CHO)

etevritamab

inmunoglobulina scFv-scFv, anti-[*Homo sapiens* EGFR (receptor del factor de crecimiento epidérmico, receptor tirosina-proteína quinasa erb-1, ERBB1, HER1, HER-1, ERBB) variante III (EGFRvIII)] y anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], anticuerpo monoclonal de cadena única, biespecífico;
IG scFv-scFv cadena única (1-512) [scFv-VH-V-kappa anti-EGFRvIII(1-251) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-33*01 G49>C (44) (93.9%) -IGHD) -IGHJ4*01 (100%)] CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113) (1-124) -15-mer tris(tetraglicil-seril) linker (125-139) – V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-24*01 (92.0%) -IGKJ1*01 Q120>C (244) (90.9%)] CDR-IMGT [11.3.9] (166-176.194-196.233-241) (140-251)] -6-mer seril-tetraglicil-seril linker (252-257) -scFv-VH-V-lambda anti-CD3E (258-506) [VH (*Mus musculus* IGHV10-1*02 (91.9%)-(IGHD) -IGHJ3*01 (86.7%)/*Homo sapiens* IGHV3-73*01 (87.0%)-(IGHD) -IGHJ5*01 (100%)] [8.10.16] (258-382) -15-mer tris(tetraglicil-seril) linker (383-397) -V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV7-43*01 (85.1%) -IGLJ3*02 (100%) CDR-IMGT [9.3.9] (423-431.449-451.488-496) (398-506)] -hexahistidina (507-512)], no glicosilado, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO)

Sequence / Séquence / Secuencia

```

QVQLVESGGG VVQSGRSLRL SCAASGFTFR NYGMHWVRQA PGKCLEWVAV 50
IWYDGSCKYY ADSVGRGFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARDG 100
YDILTGPRD FDIWGQGLV TVSSGGGSG GGGSGGGSG TVMTQTPLSS 150
HVTLGQPAFI SCRSSQSLVH SDGNTYLSWL QQRPGQPPRL LIYRISRRFS 200
GVDFRFGSG AGTDFTEIS RVEAEDGVY YCMQSTHVPF TFGCGTKVEI 250
KSGGGGSEVQ LVESGGGLVQ PGGLKLSCA ASGFTFNKYA MNWVRQAPGK 300
GLEWVARIRS KYNNTATYYA DSVKDRFTIS RDDSKNTAYL QMNNLKTEDT 350
AVFYCVRRIG FGNYSIYWA YWGQTLTVT SSGGGGSGG GSGGGGQTV 400
VTQPSLTVS FGGTVTLTCG SSTGAVTSGN YFNWVQKPK QAPRGLIGGT 450
KFLAPGTFAR FSGSLGGKA ALTLGSGVQE DEAEYICVLW YSNRWVFGG 500
TKTLVLHHH HH 512

```

Post-translational modifications

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

Intra-chain (C23 C104):V 22-96 162-232 279-355 419-487

(C49-C120) V 44-244

N-terminal glutaminy cyclization to pyroglutamy1 (pE, 5-oxoprolyl)

VH Q1:

1

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

fanotaprimum

fanotaprim

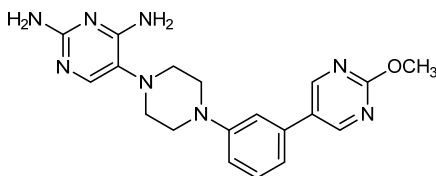
5-{4-[3-(2-methoxypyrimidin-5-yl)phenyl]piperazin-1-yl}pyrimidine-2,4-diamine

fanotaprim

5-{4-[3-(2-méthoxypyrimidin-5-yl)phényl]pipérazin-1-yl}pyrimidine-2,4-diamine

fanotaprim

5-{4-[3-(2-metoxipirimidin-5-il)fenil]piperazin-1-il}pirimidina-2,4-diamina

 $C_{19}H_{22}N_8O$ **favezelimabum #**

favezelimab

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* LAG3 (lymphocyte activating 3, lymphocyte-activation 3, CD223)], humanized monoclonal antibody; gamma4 heavy chain humanized (1-446) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-58*01 (85.6%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (91.7%)) [8.8.12] (1-119) -*Homo sapiens* IGHG4*01 (CH1 (120-217), hinge 1-12 (218-229), CH2 (230-339), CH3 (340-444), CHS (445-446)) (120-446)], (133-218')-disulfide with kappa light chain humanized (1'-218') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2D-29*01 (82.0%) -IGKJ4*01 (100%)) [10.3.9] (1'-111') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (157), V101 (195) (112'-218')]; dimer (225-225":228-228")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa

favézélimab

immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* LAG3 (activateur 3 des lymphocytes, lymphocyte-activation 3, CD223)], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde gamma4 humanisée (1-446) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-58*01 (85.6%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (91.7%)) [8.8.12] (1-119) -*Homo sapiens* IGHG4*01 (CH1 (120-217), charnière 1-12 (218-229), CH2 (230-339), CH3 (340-444), CHS (445-446)) (120-446)], (133-218')-disulfure avec la chaîne légère kappa humanisée (1'-218') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2D-29*01 (82.0%) -IGKJ4*01 (100%)) [10.3.9] (1'-111') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (157), V101 (195) (112'-218')]; dimère (225-225":228-228")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamsters chinois (CHO), glycoforme alfa

favezelimab

inmunoglobulina G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* LAG3 (activador 3 de los linfocitos, linfocito-activación 3, CD223)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada gamma4 humanizada (1-446) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-58*01 (85.6%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (91.7%)) [8.8.12] (1-119) -*Homo sapiens* IGHG4*01 (CH1 (120-217), bisagra 1-12 (218-229), CH2 (230-339), CH3 (340-444), CHS (445-446)) (120-446)], (133-218')-disulfuro con la cadena ligera kappa humanizada (1'-218') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2D-29*01 (82.0%) -IGKJ4*01 (100%)) [10.3.9] (1'-111') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (157), V101 (195) (112'-218')]; dímero (225-225'':228-228'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hamsters chinos (CHO), glicoforma alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QMQLVQSGPE VKKPGTSVKV SCKASGYFTT DYNVDWVRQA RGQRLEWIGD 50
INPNDGGTIY AQKFQERVTI TVDKSTSTAY MELSSLRSED TAVVYCARNY 100
RWFQAMDHWG QGTTVTVSSA STKGPSVFPL APCSRSTSES TAALGCLVKD 150
YFPEPVTWSW NSGALTSGVH TFPVQLQSSG LYSLSVVTV PSSSLGKTKY 200
TCNVHDKPSN TVVDKRVESK YGPPCPFPCA PEFLLGGPSVF LFPPKPKDTL 250
MISRTPEVTC VVVDVQEDP EVQFNMYVDG VEVHNAKTKP REEQFNSTYR 300
VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC KVSNGKLPSS IEKTIKAKG QPREPVYTL 350
PFSQEEMTKN QVSLTCLVKG FYPFSDIAVEW ESNGQPENNY KTTTPPVLDSD 400
GSFFLYSRLT VDKSRWQEGN VFSCVMHEA LHNHYTQKSL SLSLKG 446

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

DIVMTQTPLS LSVTPGQPAS ISCKASQSLD YEGDSDMWNV LQKPGQPPQL 50
LIYGASNLES GVPDRFSGSG SGTDFTLKIS RVEAEDVGVY YCQQSTEDPR 100
TFGGGKTVET KRTVAAPSVF IFPPSDEQLK SGTASVVCLL NNFYPREAKV 150
QWKVDNALQS GNSQESVTEQ DSKDSTYSLS STLTLKADY EKHKVYACEV 200
THQGLSSPVT KSFNRGEC 218

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22"-96" 146"-202" 260"-320" 366"-424"
22"-96" 146"-202" 260"-320" 366"-424"

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

Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 133-218' 133"-218"

Inter-H-H (h 11, h 14) 225-225" 228-228"

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

H CH2 N84.4:

296, 296"

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

C-terminal lysine clipping:

H CHS K2:

446, 446"

firazorextonum

firazorexton

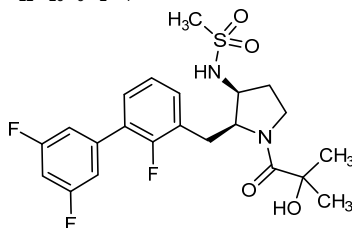
N-{(2*S*,3*S*)-1-(2-hydroxy-2-methylpropanoyl)-2-[(2,3',5'-trifluoro[1,1'-biphenyl]-3-yl)methyl]pyrrolidin-3-yl)methanesulfonamide

firazorexton

N-{(2*S*,3*S*)-1-(2-hydroxy-2-méthylpropanoyl)-2-[(2,3',5'-trifluoro[1,1'-biphényl]-3-yl)méthyl]pyrrolidin-3-yl)méthanesulfonamide

firazorextón

N-{(2*S*,3*S*)-1-(2-hidroxi-2-metilpropanoil)-2-[(2,3',5'-trifluoro[1,1'-bifenil]-3-il)metil]pirrolidin-3-il)metanosulfonamida

$C_{22}H_{25}F_3N_2O_4S$ **flutufolastatum (^{18}F)**flutufolastat (^{18}F)

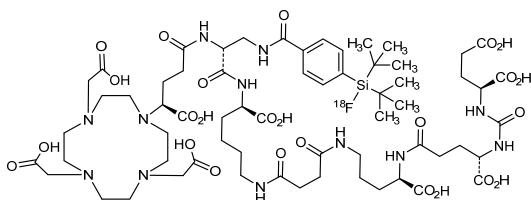
N^2 -(N -{(4*S*)-4-carboxy-4-[4,7,10-tris(carboxymethyl)-1,4,7,10-tetraaza-cyclododecan-1-yl]butanoyl}-3-[4-(di-*tert*-butyl(^{18}F)fluorosilyl)benzamido]-D-alanyl)- N^6 -[4-(N^2 -{ N -[(L-glutamic acid- N -yl)carbonyl]-L- γ -glutamyl]-D-ornithin- N^6 -yl)-4-oxobutanoyl]-D-lysine

flutufolastat (^{18}F)

N^2 -(N -{(4*S*)-4-carboxy-4-[4,7,10-tris(carboxyméthyl)-1,4,7,10-tétraaza-cyclododécan-1-yl]butanoyl}-3-[4-(di-*tert*-butyl(^{18}F)fluorosilil)benzamido]-D-alanyl)- N^6 -[4-(N^2 -{ N -[(acide L-glutamique- N -yl)carbonyl]-L- γ -glutamyl]-D-ornithin- N^6 -yl)-4-oxobutanoyl]-D-lysine

flutufolastat (^{18}F)

N^2 -(N -{(4*S*)-4-carboxi-4-[4,7,10-tris(carboximetil)-1,4,7,10-tetraazaciclo-dodecan-1-il]butanoil}-3-[4-(di-*tert*-butil(^{18}F)fluorosilil)benzamido]-D-alanyl)- N^6 -[4-(N^2 -{ N -[(ácido L-glutámico- N -il)carbonil]-L- γ -glutamil]-D-ornitin- N^6 -il)-4-oxobutanoil]-D-lisina

 $C_{63}H_{99}^{18}FN_{12}O_{25}Si$ **flubentylosinum**

flubentylosin

[(4*R*,5*S*,6*S*,7*R*,9*R*,11*E*,13*E*,15*R*,16*R*)-15-[[[(6-deoxy-2,3-di-*O*-methyl- β -D-allopyranosyl)oxy]methyl]-6-[[[3,6-dideoxy-4-*O*-{2,6-dideoxy-4-*O*-[(4-fluorophenyl)methyl]-3-*C*-methyl- α -L-*ribo*-hexopyranosyl]-3-(dimethylamino)- β -D-glucopyranosyl]oxy]-16-ethyl-4-hydroxy-5,9,13-trimethyl-2,10-dioxo-1-oxacyclohexadeca-11,13-dien-7-yl]acetaldehyde; 4^B-*O*-(4-fluorobenzyl)tylosin

flubentylosine

[(4*R*,5*S*,6*S*,7*R*,9*R*,11*E*,13*E*,15*R*,16*R*)-15-[[[(6-désoxy-2,3-di-*O*-méthyl- β -D-allopyranosyl)oxy]méthyl]-6-[[[3,6-didésoxy-4-*O*-{2,6-didésoxy-4-*O*-[(4-fluorophényl)méthyl]-3-*C*-méthyl- α -L-*ribo*-hexopyranosyl]-3-(diméthylamino)- β -D-glucopyranosyl]oxy]-16-éthyl-4-hydroxy-5,9,13-triméthyl-2,10-dioxo-1-oxacyclohexadéca-11,13-dié-7-yl]acétaldéhyde; 4^B-*O*-(4-fluorobenzyl)tylosine

gallium (⁶⁸Ga) gozetotidumgallium (⁶⁸Ga) gozetotide

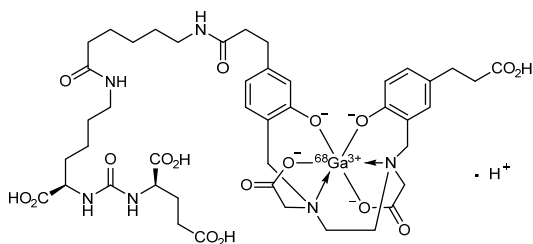
{N-[(N⁶-{6-[3-(3-[[{2-[[{5-(2-carboxyethyl)-2-hydroxy-κO-phenyl]methyl}(carboxy-κO-methyl)amino-κN]ethyl}(carboxy-κO-methyl)amino-κN]methyl)-4-hydroxy-κO-phenyl]propanamido]hexanoyl]-L-lysine-N²-yl)carbonyl]-L-glutamato(3-)}(⁶⁸Ga)gallium

gallium (⁶⁸Ga) gozétotide

{N-[(N⁶-{6-[3-(3-[[{2-[[{5-(2-carboxyéthyl)-2-hydroxy-κO-phényl]méthyl}(carboxy-κO-méthyl)amino-κN]éthyl}(carboxy-κO-méthyl)amino-κN]méthyl)-4-hydroxy-κO-phényl]propanamido]hexanoyl]-L-lysine-N²-yl)carbonyl]-L-glutamato(3-)}(⁶⁸Ga)gallium

galio (⁶⁸Ga) gozetótida

{N-[(N⁶-{6-[3-(3-[[{2-[[{5-(2-carboxietyl)-2-hidroxi-κO-fenil]metil}(carboxi-κO-metil)amino-κN]etil}(carboxi-κO-metil)amino-κN]metil)-4-hidroxi-κO-fenil]propanamido]hexanoil]-L-lisine-N²-il)carbonil]-L-glutamato(3-)}(⁶⁸Ga)galio

**garivulimabum #**

garivulimab

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD274 (programmed death ligand 1, PDL1, PD-L1, B7 homolog 1, B7H1)], humanized monoclonal antibody; gamma1 heavy chain humanized (1-446) [VH humanized (*Homo sapiens* IGHV3-NL1*01 (84.7%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.7.11] (26-33.51-57.96-106) (1-117) -*Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17,1, G1v4 CH2 A114 (CH1 K120 (214) (118-215), hinge 1-15 (216-230) -CH2 V1.2>A (234), P114>A (329) (231-339), CH3 D12 (355), L14 (357) (340-444), CHS (445-446)) (118-446)], (220-215')-disulfide with kappa light chain humanized (1'-215') [V-KAPPA humanized (*Homo sapiens* IGKV1-5*03 (84.0%) -IGKJ2*01 (91.7%)) CDR-IMGT [6.3.10] (27-32.50-52.89-98) (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (154), V101 (192) (109'-215')]; dimer (226-226":229-229")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa

garivulimab

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD274 (ligand 1 de mort programmée, PDL1, PD-L1, homologue 1 de B7, B7H1)], anticorps monoclonal humanisé;

garivulimab

chaîne lourde gamma1 humanisée (1-446) [VH humanisé (*Homo sapiens* IGHV3-NL1*01 (84.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.7.11] (26-33.51-57.96-106) (1-117) - *Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17,1, G1v4 CH2 A114 (CH1 K120 (214) (118-215), charnière 1-15 (216-230) -CH2 V1.2>A (234), P114>A (329) (231-339), CH3 D12 (355), L14 (357) (340-444), CHS (445-446)) (118-446)], (220-215')-disulfure avec la chaîne légère kappa humanisée (1'-215') [V-KAPPA humanisé (*Homo sapiens* IGKV1-5*03 (84.0%) -IGKJ2*01 (91.7%)) CDR-IMGT [6.3.10] (27-32.50-52.89-98) (1'-108') - *Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (154), V101 (192) (109'-215')]; dimère (226-226":229-229")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD274 (ligando 1 de muerte programada, PDL1, PD-L1, homólogo 1 de B7, B7H1)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada gamma1 humanizada (1-446) [VH humanizado (*Homo sapiens* IGHV3-NL1*01 (84.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.7.11] (26-33.51-57.96-106) (1-117) -*Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17,1, G1v4 CH2 A114 (CH1 K120 (214) (118-215), bisagra 1-15 (216-230) -CH2 V1.2>A (234), P114>A (329) (231-339), CH3 D12 (355), L14 (357) (340-444), CHS (445-446)) (118-446)], (220-215')-disulfuro con la cadena ligera kappa humanizada (1'-215') [V-KAPPA humanizado (*Homo sapiens* IGKV1-5*03 (84.0%) -IGKJ2*01 (91.7%)) CDR-IMGT [6.3.10] (27-32.50-52.89-98) (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (154), V101 (192) (109'-215')]; dímero (226-226":229-229")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

```
EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAVSGFSLT SYGVHWRQA PGKGLEWVAV 50
IWAGGSTNYA DSVKGRFTIS KDTSKNTVYL QMNSLRAEDT AVYYCAKPYG 100
TSAMDYWGQG TLVTVSSAST KGPSVFPLAP SSKSTSGGTA ALGCLVKDYF 150
PEPTVTSWNS GALTSGVHTF PAVLQSSGLY SLSSVVTVP SSGLTQTYIC 200
NVNHKFSNTK VDKKVEPKSC DKHTKCPFCG APPAAGPSVF LFPPKPKDTL 250
MISRTPEVTC VVVDVSHEDF EVKFNWYVDG VEVFNARTKP REEQYNSTYR 300
VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC KVSNKALAAP IEKTISKAKG QPREPQVYTL 350
PPSRDELTKN QVSLTCLVKG FYPDSIAVEW ESNQGPENNY KTTTPVLDSD 400
GSFFLYSKLT VDKSRWQGGN VFSCSVMEHA LHNHYTQKSL SLSPGK 446
```

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

```
DIQMTQSPSS LSASVGDRTV ITCKASQDVG IVVAVYQQKP GKAPKLLIYW 50
ASIRHTGVPS RFGSGSGSTE FTLTISSLQP DDFATYYCQQ YSNYPLYTFG 100
QGTKVEIKRT VAAPSVFIFP PSDEQLKSGT ASVVCLLNFF YPREAKVQWK 150
VDNALQSGNS QESVTEQDSK DSTYSLSTL TLISKADYEH KVIACEVTHQ 200
GLSSPVTKSF NRGEK 215
```

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-95 144-200 260-320 366-424
22"-95" 144"-200" 260"-320" 366"-424"

Intra-L (C23-C104) 23'-88" 135"-195"
23"-88" 135"-195"

Inter-H-L (h 5-CL 126) 220-215' 220"-215"
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:

296, 296"

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:

446, 446"

garveleucelum
garveleucel

Allogeneic T cell-enriched leukocyte preparation, devoid of alloreactive T cells.
The cells are derived from peripheral blood mononuclear cells (PBMCs) collected by apheresis from a haploidentical stem cell donor.
The cells are lymphocyte enriched, and during processing patient and donor cells are co-cultured *ex vivo* in an MLR (mixed lymphocyte reaction) to stimulate activation of host alloreactive T-cells and subsequent depletion of these cells using a proprietary rhodamine-based photodynamic treatment. In this process, monocytes are largely eliminated from the cell mixture.
The cells are primarily T cells (average ~90%) consisting of both CD4+ T-helper cells and CD8+ T-cytotoxic cells (mean CD4:CD8 ratio of 2.1), and other leucocytes (average ~10%, with B-cells (~ 6-7%) and NK cells (~ 2-3%).

garvéleucel

Préparation de leucocytes enrichis en cellules T allogéniques, dépourvus de cellules T alloréactives.
Les cellules sont dérivées de cellules mononucléaires du sang périphérique (PBM) prélevées par aphérèse chez un donneur de cellules souches partiellement compatible pour les antigènes HLA.
Les cellules sont enrichies en lymphocytes et, pendant le traitement, les cellules du patient et du donneur sont co-cultivées *ex vivo* selon une RML (réaction lymphocytaire mixte) pour stimuler l'activation des cellules T allo-réactives de l'hôte et l'épuisement ultérieur de ces cellules grâce à un traitement photodynamique exclusif à base de rhodamine. Dans ce processus, les monocytes sont largement éliminés du mélange de cellules.
Les cellules sont principalement des cellules T (en moyenne ~90%) composées à la fois de cellules T auxiliaires CD4+ et de cellules T cytotoxiques CD8+ (rapport moyen CD4:CD8 de 2.1), et d'autres leucocytes (en moyenne ~10%, avec des cellules B (~6-7%) et des cellules NK (~ 2-3%).

garveleucel

Preparación de leucocitos enriquecidos en células T alogénicas, desprovistos de células T aloreactivas.
Las células se obtienen a partir de células mononucleares de sangre periférica (PBMCs) recogidas por aféresis de un donante de células madre haploidentico.
Las células se enriquecen en linfocitos, y durante el procesamiento, las células del paciente y del donante se co-cultivan *ex vivo* en una MLR (reacción mixta de linfocitos) para estimular la activación de células T aloreactivas frente al huésped y la subsiguiente depleción de estas células usando un tratamiento fotodinámico basado en la rodamina. En este proceso, los monocitos en su mayoría se eliminan de la mezcla celular.
Las células son principalmente células T (~90% como media) y consisten en células T colaboradoras CD4+ y células T citotóxicas CD8+ (ratio medio CD4:CD8 de 2.1), y otros leucocitos (media ~10%, con células B (~6-7%) y células NK (~2-3%).

gavocabtagenum autoleucelum #

gavocabtagene autoleucel

Autologous T cells transduced *ex vivo* with a self-inactivating lentiviral vector encoding an anti-mesothelin (MSLN) chimeric antigen receptor

Autologous T cells transduced *ex vivo* with a non-replicating, self-inactivating (SIN) lentiviral vector, encoding an anti-mesothelin (MSLN) single-domain antibody (sdAb) based chimeric antigen receptor with a leader sequence derived from granulocyte-macrophage colony-stimulating factor receptor alpha (GMCSFR-alpha), fused to the CD3ε subunit of the T-cell receptor (TCR) via an A3(G4S)3LE flexible linker, which is incorporated into the endogenous TCR complex upon expression. The transgene is under control of elongation factor-1 alpha (EF-1α) promoter and woodchuck hepatitis virus post-transcriptional regulatory element. The vector genome also contains a packaging signal, a partial *gag* sequence, a Rev Response Element (RRE), a central polypurine tract (cPPT) and a 3' polypurine tract (3'PPT).

gavocabtagène autoleucel

Cellules T autologues transduites *ex vivo* avec un vecteur lentiviral non répliquatif codant pour un récepteur chimérique anti-mésothéline (MSLN).

Cellules T autologues transduites *ex vivo* avec un vecteur lentiviral non répliquatif et auto-inactivable (SIN), codant pour un récepteur antigénique chimérique basé sur les anticorps anti-mésothéline (MSLN) à domaine unique (sdAb). Il comprend une séquence leader dérivée du récepteur alpha du facteur de stimulation des colonies de granulocytes-macrophages (GMCSFR-alpha), fusionné à la sous-unité CD3ε du récepteur des cellules T (TCR) via un polypeptide liant flexible nommé A3(G4S)3LE, qui est incorporé dans le complexe TCR endogène lors de l'expression. Le transgène est sous le contrôle du promoteur du facteur d'élongation 1 alpha (EF-1α) ainsi que de l'élément régulateur post-transcriptionnel du virus de l'hépatite de la marmotte. Le génome du vecteur contient aussi un signal de conditionnement des gènes, une séquence *gag* partielle, un élément de réponse Rev (RRE), une région centrale avec tractus polypurine (cPPT) et un tractus polypurine 3' (3'PPT).

gavocabtagén autoleucel

Células T autólogas transducidas *ex vivo* con un vector lentiviral auto-inactivante que codifica para un receptor de antígenos quimérico anti-mesotelina (MSLN).

Células T autólogas transducidas *ex vivo* con vector lentiviral auto-inactivante, no replicativo, que codifica para un receptor de antígenos quimérico basado en un anticuerpo de dominio único (sdAb) anti-mesotelina (MSLN) con una secuencia líder derivada del receptor alfa del factor estimulador de colonias de granulocitos-macrófagos (GMCSFR-alfa), fusionado a la subunidad CD3ε del receptor de la célula T (TCR) mediante un conector (linker) flexible A3(G4S)3LE, que se incorpora en el complejo TCR endógeno al expresarse. El transgen está bajo el control del promotor del factor de elongación 1 alfa (EF-1α) y elemento regulador post-transcripcional del virus de la hepatitis de la marmota. El genoma del vector también contiene una señal empaquetadora, un secuencia *gag* parcial, un elemento de respuesta Rev (RRE), un segmento central de polipurinas (cPPT) y un segmento 3' de polipurinas (3'PPT).

geptanolimabum

geptanolimab

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* PDCD1 (programmed cell death 1, PD-1, PD1, CD279)], monoclonal antibody;
gamma4 heavy chain (1-440) [VH (*Homo sapiens*IGHV7-4-1*02 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.8.7] (26-33.51-58.97-103) (1-114)-*Homo sapiens* IGHG4*01, G4v5 h P10 (CH1 (115-212), hinge 1-12 S10>P (222) (213-224), CH2 (225-334), CH3 (335-439), CHS K>del (440) (115-440)], (28-217')-disulfide with kappa light chain (1'-217') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV3-5*01 (89.9%) -IGKJ1*01 (90.9%)/*Homo sapiens* IGKV3D-11*02 (64.9%) -IGKJ2*01 (100%)) CDR-IMGT [10.3.8] (27-36.54-56.93-100) (1'-110') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (156), V101 (194) (111'-217')]; dimer (220-220":223-223")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO)-S cell line, glycoform alfa

geptanolimab

immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* PDCD1 (protéine 1 de mort cellulaire programmée, PD-1, PD1, CD279)], anticorps monoclonal;
chaîne lourde gamma4 (1-440) [VH (*Homo sapiens* IGHV7-4-1*02 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.8.7] (26-33.51-58.97-103) (1-114) -*Homo sapiens* IGHG4*01, G4v5 h P10 (CH1 (115-212), charnière 1-12 S10>P (222) (213-224), CH2 (225-334), CH3 (335-439), CHS K>del (440) (115-440)], (128-217')-disulfure avec la chaîne légère kappa (1'-217') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV3-5*01 (89.9%) -IGKJ1*01 (90.9%)/*Homo sapiens* IGKV3D-11*02 (64.9%) -IGKJ2*01 (100%)) CDR-IMGT [10.3.8] (27-36.54-56.93-100) (1'-110') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (156), V101 (194) (111'-217')]; dimère (220-220":223-223")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamsters chinois (CHO) lignée cellulaire CHO-S, glycoforme alfa

geptanolimab

inmunoglobulina G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* PDCD1 (proteína 1 de muerte celular programada, PD-1, PD1, CD279)], anticuerpo monoclonal;
cadena pesada gamma4 (1-440) [VH (*Homo sapiens* IGHV7-4-1*02 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.8.7] (26-33.51-58.97-103) (1-114) -*Homo sapiens* IGHG4*01, G4v5 h P10 (CH1 (115-212), bisagra 1-12 S10>P (222) (213-224), CH2 (225-334), CH3 (335-439), CHS K>del (440) (115-440)], (128-217')-disulfuro con la cadena ligera kappa (1'-217') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV3-5*01 (89.9%) -IGKJ1*01 (90.9%)/*Homo sapiens* IGKV3D-11*02 (64.9%) -IGKJ2*01 (100%)) CDR-IMGT [10.3.8] (27-36.54-56.93-100) (1'-110') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (156), V101 (194) (111'-217')]; dímero (220-220":223-223")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO) línea celular CHO-S, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada	
QIQLVQSGSE LKKPGASVKV SCKASGYTFT NFGMNWVRQA PGQGLKMMGW	50
ISGYTREPTY AADFKGRFVI SLDTSVSTAY LQISSLKAED TAVVYCARDV	100
FDYWGQGTLLV TVSSASTKGP SVFPLAPCSR STSESTALG CLVKDYFPPEP	150
VTVSWSNGAL TSGVHTFFAV LQSSGLYSLV SVVTVPSSSL GTKTYTCNVD	200
HKPSNTKVDK RVESKYGPPC PPCAPEFLG GPSVFLFPK PKDTLMISRT	250
PEVTCVVVDV SQEDPEVQFN WYVDGVEVHN AKTKREEQF NSTYRVVSVL	300
TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK GLPSSIEKTI SKAKGQPREP QVYTLPPSQE	350
EMTKNQVSLT CLVKGFYPSD IAVNESNGQ PENNYKTTFP VLDSDGSFFL	400
YSRLTVDKSR WQEGNVFSCS VMHEALHNHY TQKLSLSLGL	440
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera	
DIVLTQSPAS LAVSPGQGRAT ITCRAESVD NYGYSFMNWF QQKPGQPPKL	50
LIYRASNLSE GVPARFSGSG SRTDFTLTIN PVEADDTANY YCQQSNADPT	100
FGQGTGLEIK RTVAAPSVFII PPFSDEQLKS 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°-96° 141°-197° 255°-315° 361°-419°
	22°-96° 141°-197° 255°-315° 361°-419°
Intra-L (C23-C104)	23°-92° 137°-197°
	23°-92° 137°-197°
Inter-H-L (h 10-CL 126)	128°-217° 128°-217°
Inter-H-H (h 8, h 11)	220°-220° 223°-223°
N-terminal glutaminyl cyclization to pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl)	
H V H Q I :	
I, I"	
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación	
HCH2 N84.4:	
291, 291"	
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados.	

gindameranum #
gindameran

Messenger RNA encoding cancer/testis antigen 1 (New York oesophageal squamous cell carcinoma antigen-1).
Messenger RNA (mRNA), 5'-capped, encoding codon-optimised New York esophageal squamous cell carcinoma antigen-1 (NY-ESO-1; cancer/testis antigen 1, CTAG1A) expressed as a fusion protein comprising a secretory signal peptide, NY-ESO-1, P2P16 tetanus toxoid-derived helper epitopes and a major histocompatibility complex (MHC) class I transmembrane and cytoplasmic domain (MITD), connected by three glycine/serine-rich (GS) linker peptides, flanked by 5' and 3' untranslated regions and a 3' poly(A) tail.

gindaméran

ARN messenger codant pour l'antigène 1 du cancer testiculaire (antigène 1 du carcinome squameux de l'œsophage, dit de New York).
ARN messenger (ARNm), protégé en 5', codant pour l'antigène 1 du carcinome squameux de l'œsophage, dit de New York (NY-ESO-1; antigène 1 du cancer testiculaire, CTAG1A), avec des codons optimisés, exprimé sous la forme d'une protéine de fusion comprenant un peptide signal de sécrétion, NY-ESO-1, les épitopes auxiliaires P2P16 dérivés de l'anatoxine tétanique et un domaine transmembranaire et cytoplasmique (MITD) du complexe majeur d'histocompatibilité (CMH) de classe I, reliés par trois peptides de liaison riches en glycine/sérine (GS), flanqués de régions non traduites en 5' et 3' et d'une queue poly(A) en 3'.

Recommended INN: List 85

gindamerán

WHO Drug Information, Vol. 35, No. 1, 2021

ARN mensajero que codifica para el antígeno 1 de cáncer/testículo (antígeno 1 de carcinoma escamoso del esófago Nueva York).

ARN mensajero (ARNm), protegido en 5', que codifica para el antígeno 1 de carcinoma escamoso del esófago Nueva York (NY-ESO-1; antígeno cáncer/testículo 1, CTAG1A) con codones optimizados, que se expresa como una proteína de fusión que consta de un péptido señal de secreción, NY-ESO-1, los epítomos auxiliares P2P16 derivados del toxoide tetánico y un dominio citoplásmico y transmembrana del complejo principal de histocompatibilidad (MHC) de clase I (MITD), conectados mediante tres péptidos de enlace ricos en glicina/serina (GS), flanqueado por las regiones 5' y 3' no traducidas y una cola poly(A) en 3'.

grisnilimabum #

grisnilimab

immunoglobulin G2A-lambda, anti-[CD7 (CD7 antigen (p41), GP40, LEU-9, TP41, Tp40)], *Mus musculus* monoclonal antibody;
gamma2a heavy chain *Mus musculus* (1-453) [VH (*Mus musculus* IGHV9-3-1*01 (98%) -(IGHD) - IGHJ2*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112) (1-123) -*Mus musculus* IGHG2A*01 (100%) (CH1 (124-220), hinge 1-16 (221-236), CH2 (237-346), CH3 (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (138-214')-disulfide with lambda light chain *Mus musculus* (1'-215') [V-LAMBDA (*Mus musculus* IGLV1*01 (98%) -IGLJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [9.3.9] (26-34.52-54.91-99) (1'-109') -*Mus musculus* IGLC1*01 (100%) (110'-215')];
dimer (230-230":233-233":235-235")-trisulfide, produced in SP2/0-derived mouse myeloma cells, glycoform alfa

grisnilimab

immunoglobuline G2A-lambda, anti-[CD7 (CD7 antigène (p41), GP40, LEU-9, TP41, Tp40)], anticorps monoclonal *Mus musculus*;
chaîne lourde gamma2a *Mus musculus* (1-453) [VH (*Mus musculus* IGHV9-3-1*01 (98%) -(IGHD) - IGHJ2*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112) (1-123) -*Mus musculus* IGHG2A*01 (100%) (CH1 (124-220), charnière 1-16 (221-236), CH2 (237-346), CH3 (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (138-214')-disulfure avec la chaîne légère lambda *Mus musculus* (1'-215') [V-LAMBDA (*Mus musculus* IGLV1*01 (98%) -IGLJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [9.3.9] (26-34.52-54.91-99) (1'-109') -*Mus musculus* IGLC1*01 (100%) (110'-215')];
dimère (230-230":233-233":235-235")-trisulfure, produit par une ligne cellulaire dérivée de myélome murin SP2/0, glycoforme alfa

grisnilimab

inmunoglobulina G2A-lambda, anti-[CD7 (CD7 antígeno (p41), GP40, LEU-9, TP41, Tp40)], anticuerpo monoclonal *Mus musculus*;

cadena pesada gamma2a *Mus musculus* (1-453) [VH (*Mus musculus* IGHV9-3-1*01 (98%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112) (1-123) -*Mus musculus* IGHG2A*01 (100%) (CH1 (124-220), bisagra 1-16 (221-236), CH2 (237-346), CH3 (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (138-214')-disulfuro con la cadena ligera lambda *Mus musculus* (1'-215') [V-LAMBDA (*Mus musculus* IGLV1*01 (98%) - IGLJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [9.3.9] (26-34.52-54.91-99) (1'-109') -*Mus musculus* IGLC1*01 (100%) (110'-215')];
dímero (230-230":233-233":235-235")-trisdifuro, producido en una línea celular de mieloma murino SP2/0, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

```

QIQLVQSGPE LKPPGETVKI SCKASGYTFT NYGMNWKQA PGKGLMWLGW 50
INTYTGPEPT ADDFKGRFAF SLETSASTAY LQINNKNED TATYFCARWA 100
YFYGSSPYFF DYWGQGTTLT VSSAKTTAPS VYPLAPVCGD TTGSSVTLCG 150
LVKGYFFPEPV TLTWNSGSLT SGVHTFPAVL QSDLYTLSSS VTVTSSTWPS 200
QSITCNVAHP ASSTKVDKKI EPRGPTIKPC PCKCPAPNL LGGSPSVFIFP 250
PKIKDVLMS LSPIVTCVVV DVSEDDPDVQ ISWFEVNVVEV HTAQQTQTHRE 300
DYNSTLRVVS ALPIHQDWM SGKEFKCKVN NKDLPAPIER TISKPKGSVR 350
APQVYVLPPP EEEMTKKQVT LTCMVTDFMP EDIYVEWTNN GKTELNYKNT 400
EPVLDSGDSY FMYSKLRVEK KNWVERNSYS CSVVHEGLHN HHTTKSFSRT 450
PGK 453

```

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

```

QAVVTQESAL TTSPGETVTL TCRSSTGAVT TSNYANWQVE KPDHLFTGLI 50
GGTNNRAPGV PARFSGSLIG DKAALTITGA QTEDEAIYFC ALWCSNHLVF 100
GGGKTLTVLG QPKSSPSVTL FPPSSELET NKATLVCTIT DFYPGVVTVTD 150
WKVDGTPVTQ GMETTQFSKQ SNKYMAYSS LTLTARAWER HSSYSCQVTH 200
EGHTEKSLSL RADCS 215

```

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-96 150-205 267-327 373-431
22"-96" 150"-205" 267"-327" 373"-431"

Intra-L (C23-C104) 22"-90" 137"-196"
22"-90" 137"-196"

Inter-H-L (CH1 11-CL 126) 138-214' 138"-214"

Inter-H-H (h 12, h 15, h 18) 230-230" 233-233" 235-235"

N-terminal glutaminyl cyclization to pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl)

H VH Q1:

1, 1"

L VL Q1:

1', 1"

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

H CH2 N84.4:

303, 303"

Fucosylated complex bi-antennary SP2/0-type glycans / glycanes de type SP2/0 bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo SP2/0 biantenarijos complejos fucosilados

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

H CHS K2:

453, 453"

grisnilimabum setaritoxum #
grisnilimab setaritox

immunoglobulin G2A-lambda, anti-[CD7 (CD7 antigen (p41), GP40, LEU-9, TP41, Tp40)], *Mus musculus* monoclonal antibody conjugated to ricin toxin A (RTA); gamma2a heavy chain *Mus musculus* (1-453) [VH (*Mus musculus* IGHV9-3-1*01 (98%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112) (1-123) -*Mus musculus* IGHG2A*01 (100%) (CH1 (124-220), hinge 1-16 (221-236), CH2 (237-346), CH3 (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (138-214')-disulfide

	with lambda light chain <i>Mus musculus</i> (1'-215') [V-LAMBDA (<i>Mus musculus</i> IGLV1*01 (98%) - IGLJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [9.3.9] (26-34.52-54.91-99) (1'-109') -<i>Mus musculus</i> IGLC1*01 (100%) (110'-215')]; dimer (230-230":233-233":235-235")-trisdisulfide, produced in SP2/0-derived mouse myeloma cells, glycoform alfa, substituted at N⁶ of an average of 1.6 lysyl residues with 4-[(1RS)-1-[[L-methionyl-ricin toxin A-chain (Met-RTA, non-glycosylated, produced in <i>Escherichia coli</i>)-S²⁶⁰-yl]sulfanyl]ethyl]benzoyl groups
grisnilimab sétaritox	immunoglobuline G2A-lambda, anti-[CD7 (CD7 antigène (p41), GP40, LEU-9, TP41, Tp40)], anticorps monoclonal <i>Mus musculus</i> conjugué à la toxine A de la ricine (RTA); chaîne lourde gamma2a <i>Mus musculus</i> (1-453) [VH (<i>Mus musculus</i> IGHV9-3-1*01 (98%) - (IGHD) - IGHJ2*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112) (1-123) -<i>Mus musculus</i> IGHG2A*01 (100%) (CH1 (124-220), charnière 1-16 (221-236), CH2 (237-346), CH3 (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (138-214')-disulfure avec la chaîne légère lambda <i>Mus musculus</i> (1'-215') [V-LAMBDA (<i>Mus musculus</i> IGLV1*01 (98%) - IGLJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [9.3.9] (26-34.52-54.91-99) (1'-109') -<i>Mus musculus</i> IGLC1*01 (100%) (110'-215')]; dimère (230-230":233-233":235-235")-trisdisulfure, produit par une lignée cellulaire dérivée de myélome murin SP2/0, glycoforme alfa, substitué en N⁶ sur un moyenne de 1.6 résidus lysyl par des groupes 4-[(1RS)-1-[[L-méthionyl-chaîne A de la toxine de ricine (Met-RTA, non-glycosylée, produite par <i>Escherichia coli</i>)-S²⁶⁰-yl]sulfanyl]éthyl]benzoyle
grisnilimab setaritox	inmunoglobulina G2A-lambda, anti-[CD7 (CD7 antígeno (p41), GP40, LEU-9, TP41, Tp40)], anticuerpo monoclonal <i>Mus musculus</i> conjugado con la toxina A de la ricina (RTA); cadena pesada gamma2a <i>Mus musculus</i> (1-453) [VH (<i>Mus musculus</i> IGHV9-3-1*01 (98%) - (IGHD) - IGHJ2*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112) (1-123) -<i>Mus musculus</i> IGHG2A*01 (100%) (CH1 (124-220), bisagra 1-16 (221-236), CH2 (237-346), CH3 (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (138-214')-disulfuro con la cadena ligera lambda <i>Mus musculus</i> (1'-215') [V-LAMBDA (<i>Mus musculus</i> IGLV1*01 (98%) - IGLJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [9.3.9] (26-34.52-54.91-99) (1'-109') -<i>Mus musculus</i> IGLC1*01 (100%) (110'-215')]; dímero (230-230":233-233":235-235")-trisdisulfuro, producido en una línea celular de mieloma murino SP2/0, forma glicosilada alfa, sustituida en N⁶ de un promedio de 1,6 residuos de lisilo con grupos de 4-[(1RS)-1-[[L-metionil-cadena A de toxina de ricina (Met-RTA, no glicosilada, producida por <i>Escherichia coli</i>)-S²⁶⁰-il]sulfanil]etil]benzoilo

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QIQLVQSGPE	LKKPGETVKI	SKKASGYTFT	NYGMNWWKQA	PGKGLMWLWG	50
INTYTGPEPT	ADDFKGRFAF	SLETSASTAY	LQINNLKNE	TATYFCARMA	100
YFYGSSPYFF	DYWGQGTTLT	VSSAKTTAPS	VYPLAPVCGD	TGSSSVTLGC	150
LVKGYFPEPV	TLTNWSSGLS	SGVHTFFAVL	QSDLYTLSSS	VTVTSSSTWPS	200
QSITCNVAHP	ASSTKVDDKI	EPRGPTIKPC	PPCKCPAPNL	LGGPSVFIFP	250
PKIKDVLMS	LSPIVTCVVV	DVSEDDPDVQ	ISWVFNWVEV	HTAQQTTHRE	300
DYNSTLRVVS	ALPIQHQQDM	SGKEFKCKVN	NKDLPAPIER	TISKPKGSVR	350
APQVYVLPFP	EEEMTKKQVT	LTCMVTDMP	EDIYVEWTNN	GKTELNYKNT	400
EPVLDSGDSY	FMYSKLRLVEK	KNWVERNSYS	CSVVHEGLHN	HHTTKSFSRT	450
PGK					453

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

QAVVTQESAL	TTPSGETVTI	TCRSSTGAVT	TSNYANWVQE	KPDHLFTGLI	50
GGTNNRAPGV	PARFSSGLIG	DKAALTITGA	QTEDEAIYFC	ALWCSNHLVF	100
GGGTLTLVLG	QPKSSPVTI	FPSSSEELT	NKATILVCTIT	DFYPGVVTV	150
WKVDGTFPVQ	GMMETQPSKQ	SNNKYMSSY	LTLTARAWER	HSSYSCQVTH	200
EGHTVEKSL	RADCS				215

Met-Ricin A chain / Met-chaîne A de la Ricine / Met-cadena A de la Ricina

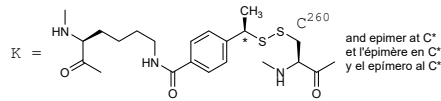
MIFFKQYPPII	NFTTAGATVQ	SYTNFIRAVR	GRLTTGADVR	HDIPVLNPRV	50
GLFINQRFLI	VELSNHAELS	VTALDVTNA	YVVGVRAGNS	AYFFHPDNQE	100
DAEAITHLFT	DVQNRVTFAP	GGNYDRLEQL	AGNLRENIEL	GNGPLEEAI	150
ALYYYSTGGT	QLFTLARSFI	ICIQMISEAA	RFQYIEGEMR	TRIRYNRRSA	200
PDPSVITLEN	SWGRSLTAIQ	ESNGAFASP	IQLQRRNGSK	FSYVDVSILI	250
PIIALMVYRC	APPPSSQF				268

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro				
Intra-H (C23-C104)	22-96	150-205	267-327	373-431
	22"-96"	150"-205"	267"-327"	373"-431"
Intra-L (C23-C104)	22-90'	137-196'		
	22"-90"	137"-196"		
Inter-H-L (CH1 11-CL 126)	138-214'	138"-214"		
Inter-H-H (h 12, h 15, h 18)	230-230"	233-233"	235-235"	
	heterogeneous patterns involving 94' and 94" e.g.:			
	96-94'	138-94'	150-94'	94-137"
	96"-94"	138"-94"	150"-94"	94"-137"
Met-RTA:	C172 = Cys-SH,	C260 = Cys-S-S-CH(CH ₃)-p-C6H4-CO-[N ⁶ -Lys(H,L)]		

Conjugation sites / Sites de conjugaison / Posiciones de coniugación

major:	K87	K228	K72'	K113'
	K87"	K228"	K72"	K113"
minor:	K43	K215	K323	K332
	K43"	K215"	K323"	K332"
	K398	K421	K132'	
	K398"	K421"	K132"	



N-terminal glutaminy cyclization to pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl)
H VH Q1:
1, 1"
L VL Q1:
1', 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84,4:
303, 303"
Fucosylated complex bi-antennary SP2/0-type glycans / glycanes de type SP2/0 bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo SP2/0 biantennarios complejos fucosilados.

C-terminal lysine clipping / Coupeure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2:
453, 453"

hepcidin
hepcidin

hepcidin (human) (hepatic bactericidal protein, hepcidin-25, liver-expressed antimicrobial peptide 1, LEAP-1, hepatic antimicrobial peptide, HAMP, ferroportin regulator protein):
S⁷, S²³, S¹⁰, S¹³, S¹¹, S¹⁹, S¹⁴, S²²-tetracyclo(L-α-aspartyl-L-threonyl-L-histidyl-L-phenylalanyl-L-prolyl-L-isoleucyl-L-cysteinyl-L-isoleucyl-L-phenylalanyl-L-cysteinyl-L-cysteinylglycyl-L-cysteinyl-L-cysteinyl-L-histidyl-L-arginyl-L-seryl-L-lysyl-L-cysteinylglycyl-L-methionyl-L-cysteinyl-L-cysteinyl-L-lysyl-L-threonine)

hepcidine

hepcidine (humaine) (protéine bactéricide hépatique, hepcidine-25, peptide antimicrobien exprimé par le foie 1, LEAP-1, peptide antimicrobien hépatique, HAMP, protéine régulatrice de la ferroportine):

Recommended INN: List 85

WHO Drug Information, Vol. 35, No. 1, 2021

$S^7, S^{23}, S^{10}, S^{13}, S^{11}, S^{19}, S^{14}, S^{22}$ -tétracyclo(L- α -aspartyl-L-thréonyl-L-histidyl-L-phénylalanil-L-prolyl-L-isoleucyl-L-cystéinyl-L-isoleucyl-L-phénylalanil-L-cystéinyl-L-cystéinylglycyl-L-cystéinyl-L-cystéinyl-L-histidyl-L-arginyl-L-séryl-L-lysyl-L-cystéinylglycyl-L-méthionyl-L-cystéinyl-L-cystéinyl-L-lysyl-L-thréonine)

hepcidina

hepcidina (humana) (proteína bactericida hepática, hepcidina-25, péptido antimicrobiano expresado en el hígado 1, LEAP-1, péptido antimicrobiano hepático, HAMP, proteína reguladora de ferroportina): $S^7, S^{23}, S^{10}, S^{13}, S^{11}, S^{19}, S^{14}, S^{22}$ -tetraciclo(L- α -aspartil-L-treonil-L-histidil-L-fenilalanil-L-prolil-L-isoleucil-L-cisteinil-L-isoleucil-L-fenilalanil-L-cisteinil-L-cisteinilglicil-L-cisteinil-L-cisteinil-L-histidil-L-arginil-L-seril-L-lisil-L-cisteinilglicil-L-metionil-L-cisteinil-L-cisteinil-L-lisil-L-treonina)

$C_{113}H_{170}N_{34}O_{31}S_9$

Sequence / Séquence / Secuencia

DTHFFPICIFC CGCHRSKCG MCCKT

25

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

7-23, 10-13, 11-19, 14-22

ibezapolstatum

ibezapolstat

2-[[[(3,4-dichlorophenyl)methyl]amino]-7-[2-(morpholin-4-yl)ethyl]-1,7-dihydro-6H-purin-6-one

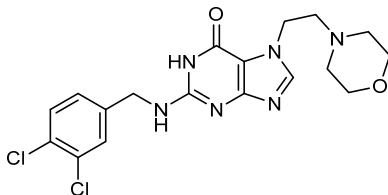
ibézapolstat

2-[[[(3,4-dichlorophényl)méthyl]amino]-7-[2-(morpholin-4-yl)éthyl]-1,7-dihydro-6H-purin-6-one

ibezapolstat

2-[[[(3,4-diclorofenil)metil]amino]-7-[2-(morfolin-4-il)etil]-1,7-dihidro-6H-purin-6-ona

$C_{18}H_{20}Cl_2N_6O_2$



icapamespibum

icapamespib

9-[2-[(2,2-dimethylpropyl)amino]ethyl]-8-[(6-iodo-2H-1,3-benzodioxol-5-yl)sulfanyl]-9H-purin-6-amine

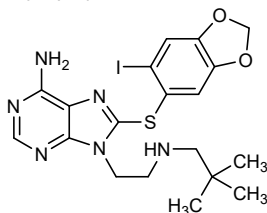
icapamespib

9-[2-[(2,2-diméthylpropyl)amino]éthyl]-8-[(6-iodo-2H-1,3-benzodioxol-5-yl)sulfanyl]-9H-purin-6-amine

icapamespib

9-[2-[(2,2-dimetilpropil)amino]etil]-8-[(6-iodo-2H-1,3-benzodioxol-5-il)sulfanil]-9H-purin-6-amina

$C_{19}H_{23}IN_6O_2S$



idactamabum #

idactamab

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* SLC1A5 (solute carrier family 1 member 5, neutral amino acid transporter, RDRC, M7V1, AAAT, ASCT2)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;
gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-34*01 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) [8.7.15] (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*03 G1m3, nG1m1 (CH1 R120 (218) (122-219), hinge 1-15 (220-234), CH2 3⁴>ins⁴cysteiny (244) (235-345), CH3 E12 (361), M14 (363) (346-450), CHS (451-452)) (122-452)], (224-214')-disulfide with kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-5*03 (94.7%) -IGKJ1*01 (100%)) [6.3.9] (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')];
dimer (230-230":233-233")-bisdisulfide, produced in a Chinese hamster ovary (CHO) cell line derived from CHO-K1, glycoform alfa

idactamab

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* SLC1A5 (famille du porteur soluté 1 membre 5, transporteur d'acide aminé neutre, RDRC, M7V1, AAAT, ASCT2)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;
chaîne lourde gamma1 *Homo sapiens* (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-34*01 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) [8.7.15] (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*03 G1m3, nG1m1 (CH1 R120 (218) (122-219), charnière 1-15 (220-234), CH2 3⁴>ins⁴cysteiny (244) (235-345), CH3 E12 (361), M14 (363) (346-450), CHS (451-452)) (122-452)], (224-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-5*03 (94.7%) -IGKJ1*01 (100%)) [6.3.9] (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')];
dimère (230-230":233-233")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO) dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa

idactamab

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* SLC1A5 (familia del portador de soluto 1 miembro 5, transportador de ácido amino neutral, RDRC, M7V1, AAAT, ASCT2)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*;
cadena pesada gamma1 *Homo sapiens* (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-34*01 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) [8.7.15] (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*03 G1m3, nG1m1 (CH1 R120 (218) (122-219), bisagra 1-15 (220-234), CH2 3⁴>ins⁴cisteinil (244) (235-345), CH3 E12 (361), M14 (363) (346-450), CHS (451-452)) (122-452)], (224-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-5*03 (94.7%) -IGKJ1*01 (100%)) [6.3.9] (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')];
dímero (230-230":233-233")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO) línea celular derivada de CHO-K1, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QVQLQQWGAG LLKPSETLSL TCAYVGGSF S GYYWSWIRQP PGKGLEWIGE 50
IHHSGGANYN PSLKSRVTIS VDTSKNQFSL KLSSVTAADT AVYYCARGQG 100
KNWHYDYFDY WQGGTLTVTS SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV 150
KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS SGLYSLSSVV TWPSSSLGTQ 200
TYICNVNHKP SNTKVDKRVE PKSCDKTHTC PPCPAPELLG GPSCVFLFPP 250
KPKDTLMISR TPEVTCVVVD VSHEDPEVKF NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ 300
YNSTYRVVSV LTVLHQDWLN GKEYCKVSN KALPAPIEKT ISKARGQPRE 350
PQVYTLPPSR EEMTKNQVSL TCLVKGFYPS DIAVEWESNG QPENNYKTTF 400
PVLDSGGSFF LYSKLTVDKS RWQQGNVFSC SVMHEALHNNH YTKQSLSLSP 450
GK 452

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIQMTQSPST LSASVGDRVT ITCRASQSIR SWLAWYQQKP GKAPKLLIYK 50
ASILKIGVPS RFGSGSGSTE FTLTISLQPP DDFATYYCQQ YYYSRTFGQ 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIFFP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTQDQSKD 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"-95" 148"-204" 266"-326" 372"-430"
22"-95" 148"-204" 266"-326" 372"-430"
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"

CysteinyI inserted for conjugation capped by a cysteinyI
HCH2 C3'4):
244, 244"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
HCH2 N84.4:
302, 302"
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:
HCHS K2:
452, 452"

ilacirnonum
ilacirnon

4-chloro-*N*-[5-methyl-2-(7*H*-pyrrolo[2,3-*d*]pyrimidine-4-carbonyl)pyridin-3-yl]-3-(trifluoromethyl)benzene-1-sulfonamide

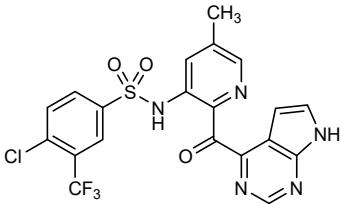
ilacirnon

4-chloro-*N*-[5-méthyl-2-(7*H*-pyrrolo[2,3-*d*]pyrimidine-4-carbonyl)pyridin-3-yl]-3-(trifluorométhyl)benzène-1-sulfonamide

ilacirnón

4-cloro-*N*-[5-metil-2-(7*H*-pirrolo[2,3-*d*]pirimidina-4-carbonil)piridin-3-il]-3-(trifluorometil)benceno-1-sulfonamida

C₂₀H₁₃ClF₃N₅O₃S



insulinum icodecum
insulin icodec

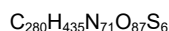
human insulin A-chain (1-21) variant (Y>E¹⁴), human insulin B-chain (1-29) variant (Y>H¹⁶, F>H²⁵) conjugated at K^{29B} at its N⁶ to (2*S*)-22,42-dicarboxy-10,19,24-trioxa-3,6,12,15-tetraoxa-9,18,23-triazadotetracontan-1-oyl; N^{6.29B}-[(2*S*)-22,42-dicarboxy-10,19,24-trioxa-3,6,12,15-tetraoxa-9,18,23-triazadotetracontan-1-oyl]-[Tyr14^A>Glu, Tyr16^B>His, Phe25^B>His]-des-Thr30^B-human insulin

insuline icodec

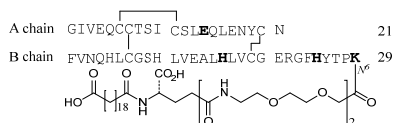
chaîne A de l'insuline humaine (1-21) variant (Y>E¹⁴),
chaîne B de l'insuline humaine (1-29) variant (Y>H¹⁶,
F>H²⁵), conjuguée en K^{29B} par son N⁶ à (22S)-22,42-
dicarboxy-10,19,24-trioxo-3,6,12,15-tétraoxa-9,18,23-
triazadotétracontan-1-oyle;
N^{6,29B}-[(22S)-22,42-dicarboxy-10,19,24-trioxo-3,6,12,15-
tétraoxa-9,18,23-triazadotétracontan-1-oil]-[Tyr14^A>Glu,
Tyr16^B>His, Phé25^B>His]-des-Thr30^B-insuline humaine

insulina icodec

insulina humana cadena-A (1-21) variante (Y>E¹⁴), insulina
humana cadena-B (1-29) variante (Y>H¹⁶, F>H²⁵) conjugada
con K^{29B} con su N⁶ al (22S)-22,42-dicarboxi-10,19,24-trioxo-
3,6,12,15-tetraoxa-9,18,23-triazadotetracontan-1-oilo;
N^{6,29B}-[(22S)-22,42-dicarboxi-10,19,24-trioxo-3,6,12,15-
tetraoxa-9,18,23-triazadotetracontan-1-oil]-[Tir14^A>Glu,
Tir16^B>His, Fen25^B>His]-des-Tre30^B-insulina humana



Sequences / Séquences / Secuencias



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

Intra-chain 6^A-11^AInter-chain 7^A-7^B, 20^A-19^B

Modifications / Modifications / Modificaciones

Lys29^B conjugated at N⁶

inupadenantum

inupadenant

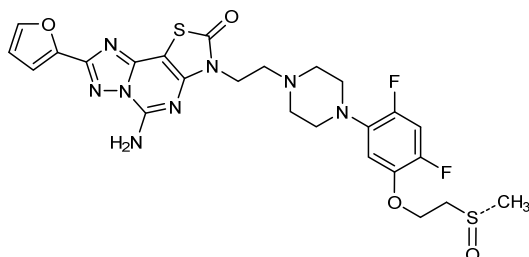
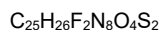
(+)-5-amino-3-{2-[4-(2,4-difluoro-5-{2-[(S)-
methanesulfinyl]ethoxy}phenyl)piperazin-1-yl]ethyl}-8-
(furan-2-yl)[1,3]thiazolo[5,4-e][1,2,4]triazolo[1,5-
c]pyrimidin-2(3H)-one

inupadénant

(+)-5-amino-3-{2-[4-(2,4-difluoro-5-{2-[(S)-
méthanesulfinyl]éthoxy}phényl)pipérazin-1-yl]éthyl}-8-
(furan-2-yl)[1,3]thiazolo[5,4-e][1,2,4]triazolo[1,5-
c]pyrimidin-2(3H)-one

inupadenant

(+)-5-amino-3-{2-[4-(2,4-difluoro-5-{2-[(S)-
metanosulfinil]etoxi}fenil)piperazin-1-il]etil}-8-(furan-2-
il)[1,3]thiazolo[5,4-e][1,2,4]triazolo[1,5-c]pirimidin-2(3H)-ona



invimestrocelum

invimestrocel

Allogeneic human multipotent adult progenitor cells (MAPC) derived from bone marrow and isolated by density gradient centrifugation. The cells are expanded *ex vivo* on fibronectin-coated surfaces under low-oxygen conditions and in the presence of growth media for the creation of a master cell bank (passage 4), a working cell bank (passage 6) and active substance (passage 9). The cells are adherent, secrete proangiogenic factors (including VEGF, IL-8 and CXCL5) and of mesenchymal progenitor lineage (*in vitro* differentiation to endothelial, hepatic and neuronal lineages). The cells express CD49c and CD90 ($\geq 95\%$ of the cells), and lack expression of CD45 and HLA II ($< 5\%$). Additional markers include $>90\%$ CD13, CD44, CD73, CD105 and $<5\%$ CD34. The cells have also been shown to induce T cell suppression.

invimestrocel

Cellules humaines adultes progénitrices multipotentes qui sont allogéniques (MAPC), dérivées de la moelle osseuse et isolées par centrifugation à gradient de densité. Les cellules sont amplifiées *ex vivo* sur des surfaces recouvertes de fibronectine dans des conditions de faible teneur en oxygène et en présence de milieux de croissance pour la création d'une banque de cellules primaires (passage 4) et d'une banque de cellules de travail (passage 6) et d'une substance active produit fini (passage 9). Les cellules sont adhérentes, sécrètent des facteurs pro-angiogéniques (notamment le VEGF, l'IL-8 et la CXCL5) et sont de la lignée progénitrice mésenchymateuse (différenciation *in vitro* en lignées endothéliales, hépatiques et neuronales). Les cellules expriment CD49c et CD90 ($\geq 95\%$ des cellules), et sont négatives pour CD45 et HLA II ($< 5\%$). Les marqueurs supplémentaires comprennent $> 90\%$ de CD13, CD44, CD73, CD105 et $< 5\%$ de CD34. Il a également été démontré que les cellules induisent la suppression des lymphocytes T.

invimestrocel

Células progenitoras adultas multipotentes humanas alogénicas (MAPC) derivadas de médula ósea y aisladas mediante centrifugación en gradiente de densidad. Las células se expanden *ex vivo* en superficies cubiertas de fibronectina en condiciones de oxígeno bajo y en presencia de medio de crecimiento para la creación de un banco de células maestro (pase 4) y un banco de células de trabajo (pase 6) y el principio activo (pase 9). Las células son adherentes, secretan factores proangiogénicos (incluyendo VEGF, IL-8 y CXCL5) y son de la línea progenitora mesenquimal (diferenciación *in vitro* a las líneas endotelial, hepática y neuronal). Las células expresan CD49c ($\geq 95\%$ de las células), y carecen de expresión de CD45 y HLA II ($<5\%$). Otros marcadores adicionales incluyen $>90\%$ de CD13, CD44, CD73, CD105 y $<5\%$ de CD34. Se ha demostrado también que las células inducen supresión de linfocitos T.

ipivivintum

ipivivint

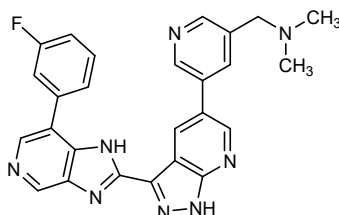
1-(5-{3-[7-(3-fluorophenyl)-1*H*-imidazo[4,5-*c*]pyridin-2-yl]-1*H*-pyrazolo[3,4-*b*]pyridin-5-yl}pyridin-3-yl)-*N,N*-dimethylmethanamine

ipivivint

1-(5-{3-[7-(3-fluorophényl)-1*H*-imidazo[4,5-*c*]pyridin-2-yl]-1*H*-pyrazolo[3,4-*b*]pyridin-5-yl}pyridin-3-yl)-*N,N*-diméthylméthanamine

ipivivint

1-(5-{3-[7-(3-fluorofenil)-1*H*-imidazo[4,5-*c*]piridin-2-il]-1*H*-pirazolo[3,4-*b*]piridin-5-il}piridin-3-il)-*N,N*-dimetilmetanamina

 $C_{26}H_{21}FN_8$
**izuralimabum #**

izuralimab

immunoglobulin half-IG G1-kappa/scFv-h-CH2-CH3, anti-[*Homo sapiens* ICOS (inductible T-cell costimulatory, activation-inducible lymphocyte immunomediatory molecule, AILIM, CD278)] and anti-[*Homo sapiens* PDCD1 (programmed cell death 1, PD-1, PD1, CD279)], monoclonal antibody, bispecific; gamma1 heavy chain anti-ICOS (1-454) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*02 (99%) -(IGHD) -IGHJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [8.8.18] (26-33.51-58.97-114) (1-125) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 (CH1 N114>D (216) R120>K (222) (126-223), hinge 1-15 (224-238), CH2 E1.4.L1.3>P (241), L1.2>V (242), G1.1>A (243), S29>K (274), Q84.2>E (302) (239-347), CH3 E12 (363), M14 (365), L24>D (375), K26>S (377), N44>D (391), Q97>E (425), N100>D (428), M107>L (435), N114>S (441) (348-452), CHS (453-454)) (126-454)], (228-214')-disulfide with kappa light chain anti-ICOS (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (96.8%) -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')]; IG scFv-h-CH2-CH3 single chain, anti-PDCD1 (1"-480") [scFv-V-kappa-VH anti-PDCD1 (1"-249")][V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (80.0%) -IGKJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1"-107") -20-mer tetrakis(glycyl-lysyl-prolyl-glycyl-seryl) linker (108"-127") -VH (*Mus musculus* IGHV6-6*02 (87.0%) -(IGHD) -IGHJ1*03 (86.7%)/*Homo sapiens* IGHV3-15*07 (81.8%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.10.13] (153-160.178-187.226-238) (128"-249")] -*Homo sapiens* IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 (250"-480") [hinge 1-15 C5>S (254) (250-264) -CH2 E1.4.L1.3>P (267), L1.2>V (268), G1.1>A (269), S29>K (300) (265-373), CH3 E12 (389), E13>Q (390), M14 (391), S20>K (397), M107>L (461), N114>S (467) (374-478), CHS (479-480)]]; dimer (234-260":237-263")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO)-S cell line, glycoform alfa

izuralimab immunoglobuline demi-IG G1-kappa/scFv-h-CH2-CH3, anti-[*Homo sapiens* ICOS (costimulateur inducible du lymphocyte T, molécule immunomédiateur lymphocytaire inducible par activation, AILIM, CD278)] et anti-[*Homo sapiens* PDCD1 (protéine 1 de mort cellulaire programmée, PD-1, PD1, CD279)], anticorps monoclonal, bispécifique; chaîne lourde gamma1 anti-ICOS (1-454) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-2*02 (99%) - (IGHD) -IGHJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [8.8.18] (26-33.51-58.97-114) (1-125) -*Homo sapiens*IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 (CH1 N114>D (216) R120>K (222) (126-223), charnière 1-15 (224-238), CH2 E1.4.L1.3>P (241), L1.2>V (242), G1.1>A (243), S29>K (274), Q84.2>E (302) (239-347), CH3 E12 (363), M14 (365), L24>D (375), K26>S (377), N44>D (391), Q97>E (425), N100>D (428), M107>L (435), N114>S (441) (348-452), CHS (453-454)) (126-454)], (228-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa anti-ICOS (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-12*01 (96.8%) -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')]; IG scFv-h-CH2-CH3 chaîne unique, anti-PDCD1 (1"-480") [scFv V-kappa-VH anti-PDCD1 (1"-249") [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3-15*01 (80.0%) -IGKJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1"-107") -20-mer tétrakis(glycyl-lysyl-prolyl-glycyl-séryl) linker (126"-145") -VH (*Mus musculus*IGHV6-6*02 (87.0%) - (IGHD) -IGHJ1*03 (86.7%)/*Homo sapiens*IGHV3-15*07 (81.8%) - (IGHD) -IGHJ2*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.10.13] (153-160.178-187.226-238) (128"-249")]] -*Homo sapiens*IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 (250"-480") [charnière 1-15 C5>S (254) (250-264) -CH2 E1.4.L1.3>P (267), L1.2>V (268), G1.1>A (269), S29>K (300) (265-373), CH3 E12 (389), E13>Q (390), M14 (391), S20>K (397), M107>L (461), N114>S (467) (374-478), CHS (479-480)]]; dimère (234-260":237-263")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO) lignée cellulaire CHO-S, glycoforme alfa

izuralimab inmunoglobulina demi-IG G1-kappa/scFv-h-CH2-CH3, anti-[*Homo sapiens* ICOS (coestimulador inducible del linfocito T, molécula inmunomediadora linfocitaria inducible por activación, AILIM, CD278)] y anti-[*Homo sapiens* PDCD1 (proteína 1 de muerte celular programada, PD-1, PD1, CD279)], anticuerpo monoclonal, biespecífico; cadena pesada gamma1 anti-ICOS (1-454) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-2*02 (99%) - (IGHD) -IGHJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [8.8.18] (26-33.51-58.97-114) (1-125) -*Homo sapiens*IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 (CH1 N114>D (216) R120>K (222) (126-223), bisagra 1-15 (224-238), CH2 E1.4.L1.3>P (241), L1.2>V (242), G1.1>A (243), S29>K (274), Q84.2>E (302) (239-347), CH3 E12 (363), M14 (365), L24>D (375), K26>S (377), N44>D (391), Q97>E (425), N100>D (428), M107>L (435), N114>S (441) (348-452), CHS (453-454)) (126-454)], (228-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa anti-ICOS (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-12*01 (96.8%) -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')]; IG scFv-h-CH2-CH3 cadena única, anti-PDCD1 (1"-480") [scFv V-kappa-VH anti-PDCD1 (1"-249") [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3-15*01 (80.0%) -IGKJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1"-107") -20-mer tétrakis(glicil-lisil-prolil-glicil-seril) linker (126"-145") -VH (*Mus musculus*IGHV6-6*02 (87.0%) - (IGHD) -IGHJ1*03 (86.7%)/*Homo sapiens*IGHV3-15*07 (81.8%) - (IGHD) -IGHJ2*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.10.13] (153-160.178-187.226-238) (128"-249")]] -*Homo sapiens*IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 (250"-480") [bisagra 1-15 C5>S (254) (250-264) -CH2 E1.4.L1.3>P (267), L1.2>V (268), G1.1>A (269), S29>K (300) (265-373), CH3 E12 (389), E13>Q (390), M14 (391), S20>K (397), M107>L (461), N114>S (467) (374-478), CHS (479-480)]]; dímero (234-260":237-263")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO) línea celular CHO-S, forma glicosilada alfa

1. Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (anti-ICOS)	
QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTF GYMHVWRQA PGQGLEWMGW	50
INPHSGGTNY AQKFQGRVTM TRDTSISTAY MELSRLRSD TAVVYCARTY	100
YDSSGGYYHD AFDIMQGQTM VTVSSASTKG PSVFPLAPSS KSTSGGTAAL	150
GCLVKDYFPE PVTVSWNSGA LTSQGVHTFPA VLQSSGLYSL SSVVTVPSSS	200
LGTQTYICNV NHKPSDTKVD KKVEPKSCDK THTCPFCAP PVAGPSVPLF	250
PPKPKDTLMI SRTPEVTCVV VDVKHEDPEV KFNWYVDGVE VHNAKTKPRE	300
EEYNSTRVUV SVLTVLHQDW LAGKEYKCKV SNKALPAIE KTISKAKGQP	350
REPQVYTLPP SREEMTKNQV SLTCDVSGFY PSDIAVEWES DQGPENNYKT	400
TFPVLDSGGS FFLYSKLTVD KSRWEQGVDF SCSVLHEALH SHYTQKSLSL	450
SPGK	454
2. Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (anti-ICOS)	
DIQMTQSFSS VSASVGDRTV ITCRASQGIS RLLAWYQQKP GKAPKLLIYV	50
ASSLQSGVPS RFSGSGSGTD FTLTISSLQP EDFATYYCQQ ANSPFWTFGQ	100
GTRKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNEY BREAKVQMKV	150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYEHK VYACEVTHQG	200
LSSPVTKSFN RGEK	214
3. Chain / Chaîne / Cadena IG scFv-h-CH2-CH3 (anti-PDCD1)	
EIVLTQSPAT LSASPGERV LTICRASQSVG NDVAWYQQKP GQAPRLLINE	50
ASHRYTGVPD RFTGSGYGT FTLTISSVQS EDFGVYYCQQ DFSSPRTFGG	100
GTRKVEIKGPK GSGKPGSGKP GSGKPGSEVQ LVESGGGLVK PGSSRLRSCV	150
ASGFTFSNYW MNWVRQAPGK GLEWVAEIRL YSNNYATHYA ESVKGRFTIS	200
RDDSKSTLYL QMNNLKTEDT GVYCYTRYG NYGGYFDVWG RGTLTVSSE	250
PKSSDKTHTC PPCAPPVAG PSVFLFPPKP KDTLMISRTPEVTCVVVDVK	300
HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN STYRVVSVLT VLHQDWLNGK	350
EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ VYTLPPSREQ MTKNQVKLT	400
LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTPPEV LDSDGSFFLY SKLTVDKSRW	450
QQGNVFCSCV LHEALHSHYT QKSLSLSPGK	480
Post-translational modifications	
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro	
Intra-H (C23-C104)	22-96 152-208 268-328 374-432
Intra-L (C23-C104)	23'-88" 134'-194"
Intra-chain 3	23"-88" 149"-225" 294"-354" 400"-458"
Inter-H-L (h 5-CL 126)	228-214'
Inter-H-chain 3 (h 11, h 14)	234-260" 237-263"
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación	
H CH2 N84.4:	
304, 330"	
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados.	

laduviglusibum
laduviglusib

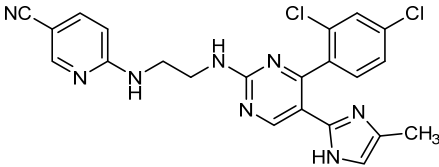
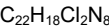
6-[(2-[[4-(2,4-dichlorophenyl)-5-(4-methyl-1*H*-imidazol-2-yl)pyrimidin-2-yl]amino]ethyl)amino]pyridine-3-carbonitrile

laduviglusib

6-[(2-[[4-(2,4-dichlorophényl)-5-(4-méthyl-1*H*-imidazol-2-yl)pyrimidin-2-yl]amino]éthyl)amino]pyridine-3-carbonitrile

laduviglusib

6-[(2-[[4-(2,4-diclorofenil)-5-(4-metil-1*H*-imidazol-2-il)]pirimidin-2-il]amino]etil)amino]piridina-3-carbonitrilo



lazucirnonum
lazucirnon

(4²*R*)-1⁴-chloro-*N,N*,1³,7⁶-tetramethyl-4⁵,5-dioxo-6-aza-7(2)-pyridina-3(1,4)-piperidina-4(1,2)-pyrrolidina-1(1)-benzenaheptaphane-7⁴-carboxamide

Recommended INN: List 85

lazucirmon

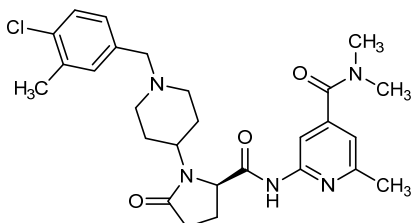
WHO Drug Information, Vol. 35, No. 1, 2021

(4²R)-1⁴-chloro-*N,N*,1³,7⁶-tétraméthyl-4⁵,5-dioxo-6-aza-7(2)-pyridina-3(1,4)-pipéridina-4(1,2)-pyrrolidina-1(1)-benzénaheptaphane-7⁴-carboxamide

lazucirmon

(4²R)-1⁴-cloro-*N,N*,1³,7⁶-tetrametil-4⁵,5-dioxo-6-aza-7(2)-piridina-3(1,4)-piperidina-4(1,2)-pirrolidina-1(1)-bencenaheptafano-7⁴-carboxamida

C₂₇H₃₄ClN₅O₃



Ierodalcibepum

Ierodalcibep

engineered binding protein (1-96) anti-(human proprotein convertase subtilisin/kexin type 9), derived from human tenth fibronectin type III domain, fused via peptidyl linker (⁹⁷GSGSGS¹⁰²) to human serum albumin (103-687), variant (C³⁴>A¹³⁶), produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells; human fibronectin tenth type III domain variant anti-[human PCSK9 (pro-protein convertase subtilisin/kexin type 9, neural apoptosis-regulated convertase 1, NARC-1, proprotein convertase 9, PC9)] (1-96) fused via a (GS)₃ peptide linker (97-102) with [Cys³⁴>Ala (136)]-human serum albumin (HSA) (103-687), produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, non-glycosylated

Iérodalcibep

protéine de liaison mise au point (1-96) anti-(proprotéine convertase subtilisine/kexine type 9), dérivée du dixième domaine de la fibronectine humaine de type III, fusionnée via un peptide de liaison (⁹⁷GSGSGS¹⁰²) à l'albumine sérique humaine (103-687), variant (C³⁴>A¹³⁶), produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO); peptide variant du dixième domaine de la fibronectine humaine de type III anti-[PCSK9 humain (proprotéine convertase subtilisine/kexine type 9, convertase 1 régulée par l'apoptose neuronale, NARC-1, proprotéine convertase 9, PC9)] (1-96) fusionné via un peptide (GS)₃ (97-102) à la [Cys³⁴>Ala (136)]-albumine sérique humaine (ASH) (103-687), produit dans des cellules ovariennes de hamsters chinois (CHO), non-glycosylé

Ierodalcibep

proteína de unión diseñada (1-96) anti-(proproteína convertasa humana subtilisina/kexina tipo 9), derivada del décimo dominio de la fibronectina humana del tipo III, fusionada a través de un conector peptidil (⁹⁷GSGSGS¹⁰²) a la albúmina sérica humana (103-687), variante (C³⁴>A¹³⁶), producido en células ováricas de hámster Chino (CHO);

variante del décimo dominio de la fibronectina humana del tipo III anti-[PCSK9 humano (proproteína convertasa subtilisina/kexina tipo 9, convertasa 1 regulada por la apoptosa neuronal, NARC-1, proproteína convertasa 9, PC9)] fusionada mediante un péptido (GS)₃ (97-102) a la [Cis³⁴>Ala (136)]-albúmina sérica humana (ASH) (103-687), producido en células ováricas de hámster Chino (CHO), no glicosilado

Sequence / Séquence / Secuencia			
VSDVPRDLEV	VAATPTSLLI	SWDAPAEGYG	YYRITYGETG
GNSPVQEF	TV	YAVEFDFP	GAGYH
IN	YRTE	SSGS	
100			
GS	DAHKSEVA	HRFKDLGEEN	FKALVLI
150			
FAKTCVADES	AENCDKSLHT	LFGDKLCTVA	TLRETYGEMA
200			
NECFLQHKDD	NPNLPRLVRP	EVDVMCTAFH	DNEETFLKKY
250			
FYAPELLFFA	KRYKAAFTFC	CQAADKAACL	LPKLDEL
300			
KCASLQKFGE	RAFKAWAVAR	LSQRFPKAEF	AEVSKLV
350			
DLLECADDR	DLAKYICENQ	DSISSKLKEC	CEKPLLEKSH
400			
PADLPSLAAD	FVESKDVCNK	YAEAKDVFLG	MFLYEYARRH
450			
LAKTYETTL	KCCAAADPHE	CYAKVFDEFK	PLVEEPQ
500			
GEYKFQNAL	VRVTKKVPQV	STPTLVEVSR	NLGKVGSKCC
550			
AEDYLSVVLN	QLCVLHEKTP	VSDRVTKCCT	ESLVNRRPCF
600			
PKEFNAETFT	FHADICTLSE	KERQIKKQTA	LVELVKHKPK
650			
DDFAAFVEKC	CKADDKETCF	AEEGKKLVAA	SQAALGL
687			

Mutation / Mutation / Mutación
C¹³⁶>A

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
155-164, 177-192, 193-203, 226-270, 271-279, 302-347, 348-355, 367-380, 381-391, 418-462, 463-471, 494-539, 540-550, 563-578, 579-589, 616-660, 661-669

Glycosylation sites / Sites de glycosylation / Posiciones de glicosilación
none / aucune / ninguna

letaplimabum #
letaplimab

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD47 integrin associated protein, IAP, MER6, OA3]], *Homo sapiens* monoclonal antibody; gamma4 heavy chain *Homo sapiens* (1-441) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-59*01 (100%) - (IGHD) - IGHJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [8.7.9] (26-33.51-57.96-104) (1-115)-*Homo sapiens* IGHG4*01, G4v4 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 (116-213), hinge 1-12 S10>P (223) (214-225), CH2 F1.3>A (229), L1.2>A (230) (226-335), CH3 (336-440), CHS K>del (441) (116-441)], (129-214')-disulfide with kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (96.8%) -IGKJ4*01 (91.7%)) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimer (221-221":224-224")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO)-S cell line, glycoform alfa

létaplimab

immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD47 (protéine associée à l'intégrine, IAP, MER6, OA3)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;

letaplimab

chaîne lourde gamma4 *Homo sapiens*(1-441) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-59*01 (100%) -(IGHD) - IGHJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [8.7.9] (26-33.51-57.96-104) (1-115) -*Homo sapiens* IGHG4*01, G4v4 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 (116-213), charnière 1-12 S10>P (223) (214-225), CH2 F1.3>A (229), L1.2>A (230) (226-335), CH3 (336-440), CHS K>del (441) (116-441)], (129-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa *Homo sapiens*(1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (96.8%) -IGKJ4*01 (91.7%)) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimère (221-221":224-224")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO) lignée cellulaire CHO-S, glycoforme alfa

immunoglobulina G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD47 (proteína asociada a la integrina, IAP, MER6, OA3)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*; cadena pesada gamma4 *Homo sapiens*(1-441) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-59*01 (100%) -(IGHD) - IGHJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [8.7.9] (26-33.51-57.96-104) (1-115) -*Homo sapiens* IGHG4*01, G4v4 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 (116-213), bisagra 1-12 S10>P (223) (214-225), CH2 F1.3>A (229), L1.2>A (230) (226-335), CH3 (336-440), CHS K>del (441) (116-441)], (129-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa *Homo sapiens*(1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (96.8%) -IGKJ4*01 (91.7%)) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dímero (221-221":224-224")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO) línea celular CHO-S, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada				
QVQLQESGPG	LVKPSSETLSL	TCTVSGGIS	SYWWSWIRQP	PGKGLEWIGY 50
IYYSGSTNYN	PSLKSRTVIS	VDTSKNQFSL	KLSSVTAADT	AVYYCARGKT 100
GSAAWGQGLT	VTVSSASTKG	PSVFPLAPCS	RSTSESTAAL	GCLVKDYFPE 150
PVTVSWNSGA	LTSGVHTFPA	VLQSSGLYSL	SSVVTVPSSS	LGRTKTYTCNV 200
DHKPSNTKVD	KRVESKYGFP	CPPCPAPEAA	GGPSVFLFPP	KPKDTLMISR 250
TFEVTCTVVD	VSQEDPEVQF	NWYVDGVEVH	NAKTKPREEQ	FNSTYRVVSV 300
LTVLHQDWLN	GKEYRCKVSN	KGLPSSIEKT	ISKAKGQPRE	PQVYTLPPSQ 350
EEMTKNQVSL	TCLVKGFYPS	DIAVEWESNG	QPENNYKTFP	PVLDSGDSFF 400
LYSRLTVDKS	RWQEGNVFSC	SVMHEALHNN	YTKSLSLSLG	G 441
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera				
DIQMTQSPSS	VSASVGDRTV	ITCRASQGIS	RWLAWYQKQP	GKAPKLLIYA 50
ASSLQSGVPS	RFGSGSGSTD	FTLTISSLQP	EDFATYYCQQ	TVSFPITFGG 100
GTKVEIKRTV	AAPSVFIFFP	SDEQLKSGTA	SVVCLLNIFY	PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD	STYLSSTLT	LSKADYEHKK	VYACEVTHQG 200
LSSFVTKSFN	RGEC			214
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"-88"	134"-194"		
	23"-88"	134"-194"		
Inter-H-L (CH1 10-CL 126)	129-214'	129"-214"		
Inter-H-H (h 8, h 11)	221-221"	224-224"		
N-terminal glutaminyl cyclization to pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl)				
L VH Q1:				
I, I*				
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 biantenariós complejos fucosilados.				

lirametostat

lirametostat

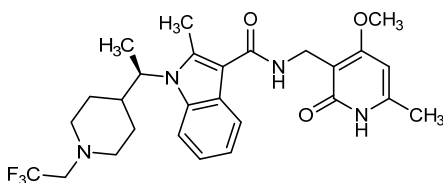
N-[(4-methoxy-6-methyl-2-oxo-1,2-dihydropyridin-3-yl)methyl]-2-methyl-1-[(1*R*)-1-[1-(2,2,2-trifluoroethyl)piperidin-4-yl]ethyl]-1*H*-indole-3-carboxamide

liramétostat

N-[(4-méthoxy-6-méthyl-2-oxo-1,2-dihydropyridin-3-yl)méthyl]-2-méthyl-1-[(1*R*)-1-[1-(2,2,2-trifluoroéthyl)pipéridin-4-yl]éthyl]-1*H*-indole-3-carboxamide

lirametostat

2-metil-*N*-[(6-metil-4-metoxi-2-oxo-1,2-dihidropiridin-3-il)metil]-1-[(1*R*)-1-[1-(2,2,2-trifluoroetil)piperidin-4-il]etil]-1*H*-indol-3-carboxamida

C₂₇H₃₃F₃N₄O₃**ludateronum**

ludaterone

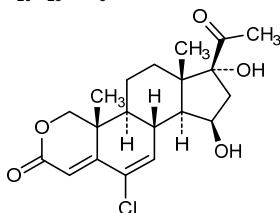
6-chloro-15β,17-dihydroxy-2-oxapregna-4,6-diene-3,20-dione

ludatérone

6-chloro-15β,17-dihydroxy-2-oxapréгна-4,6-diène-3,20-dione

ludaterona

6-cloro-15β,17-dihidroxi-2-oxapregna-4,6-dieno-3,20-diona

C₂₀H₂₅ClO₅**lutetium (¹⁷⁷Lu) vipivotidum tetraxetanum**lutetium (¹⁷⁷Lu) vipivotide tetraxetan

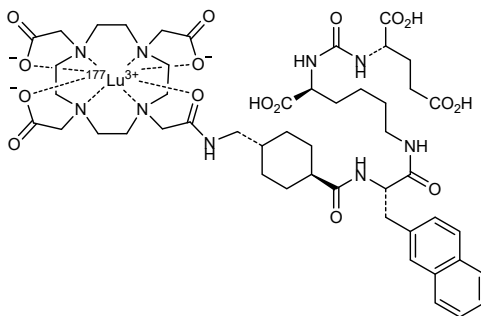
{*N*-[(*N*⁶-{3-(naphthalen-2-yl)-*N*-[*trans*-4-({2-[4,7,10-tris(carboxy-κ³O⁴, O⁷, O¹⁰-methyl)-1,4,7,10-tetraazacyclododecan-1-yl-κ⁴N¹, N⁴, N⁷, N¹⁰]acetamido-κO)methyl)cyclohexane-1-carbonyl]-L-alanyl]-L-lysine-N²-yl)carbonyl]-L-glutamato(3-)](¹⁷⁷Lu)lutetium

lutécium (^{177}Lu) vipivotide tétraxetan

{N-[(N⁶-{3-(naphtalén-2-yl)-N-[trans-4-{(2-[4,7,10-tris(carboxy- $\kappa^3\text{O}^4$, O⁷, O¹⁰-méthyl)-1,4,7,10-tétrazacyclododécan-1-yl- $\kappa^4\text{N}^1$, N⁴, N⁷, N¹⁰]acétamido- κO)}méthyl)cyclohexane-1-carbonyl]-L-alanyl]-L-lysine-N²-yl)carbonyl]-L-glutamato(3-)}(^{177}Lu)lutecium

lutecio (^{177}Lu) vipivotida tetraxetán

{N-[(N⁶-{3-(naftalen-2-il)-N-[trans-4-{(2-[4,7,10-tris(carboxy- $\kappa^3\text{O}^4$, O⁷, O¹⁰-metil)-1,4,7,10-tetraazacyclododecan-1-il- $\kappa^4\text{N}^1$, N⁴, N⁷, N¹⁰]acetamido- κO)}metil)ciclohexano-1-carbonil]-L-alanil]-L-lisin-N²-il)carbonil]-L-glutamato(3-)}(^{177}Lu)lutecio

$$\text{C}_{49}\text{H}_{68}^{177}\text{LuN}_9\text{O}_{16}$$
**melrilimabum #**

melrilimab

immunoglobulin G2-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL1RL1 (interleukin 1 receptor like 1, DER4, FIT-1, growth stimulation expressed 2 gene, ST2, IL33R)], *Homo sapiens* monoclonal antibody; gamma2 heavy chain *Homo sapiens* (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (91.8%) -(IGHD) - IGHJ4*01(92.9%)) CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112) (1-123) -*Homo sapiens* IGHG2*02v G2m23>G2m..., G2v3 CH2 A1.2, A1, S2, A30, L92, S115, S116 (CH1 T92 (195) (124-221), hinge 1-12 (222-233), CH2 V1.2>A (237), G1>A (239), P2>S (240), H30>A (270), M45.1>V (284), V92>L (311), A115>S (332), P116>S (333) (234-342), CH3 (343-447), CHS (448-449)) (124-449)], (137-214')-disulfide with kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3D-11*02 (95.6%) - IGKJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimer (225-225'':226-226'':229-229'':232-232'')-tetrakisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO)-K1SV cell line lacking the Glutamine Synthetase (GS) gene, glycoform alfa

melrilimab

immunoglobuline G2-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL1RL1 (récepteur like 1 de l'interleukine 1, DER4, FIT1, gène 2 exprimé lors de la stimulation de la croissance, ST2, IL33R)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;

chaîne lourde gamma2 *Homo sapiens* (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%)) CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112) (1-123) -*Homo sapiens* IGHG2*02v G2m23>G2m..., G2v3 CH2 A1.2, A1, S2, A30, L92, S115, S116 (CH1 T92 (195) (124-221), charnière 1-12 (222-233), CH2 V1.2>A (237), G1>A (239), P2>S (240), H30>A (270), M45.1>V (284), V92>L (311), A115>S (332), P116>S (333) (234-342), CH3 (343-447), CHS (448-449)) (124-449)], (137-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3D-11*02 (95.6%) -IGKJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimère (225-225":226-226":229-229":232-232")-tétrakisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO) lignée cellulaire CHO-K1SV ne présentant pas le gène de la glutamine synthétase, glycoforme alfa

melrilimab

immunoglobulina G2-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL1RL1 (receptor like 1 de la interleukina 1, DER4, FIT1, gen 2 expresado durante la estimulación del crecimiento, ST2, IL33R)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*; cadena pesada gamma2 *Homo sapiens* (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%)) CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112) (1-123) -*Homo sapiens* IGHG2*02v G2m23>G2m..., G2v3 CH2 A1.2, A1, S2, A30, L92, S115, S116 (CH1 T92 (195) (124-221), bisagra 1-12 (222-233), CH2 V1.2>A (237), G1>A (239), P2>S (240), H30>A (270), M45.1>V (284), V92>L (311), A115>S (332), P116>S (333) (234-342), CH3 (343-447), CHS (448-449)) (124-449)], (137-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3D-11*02 (95.6%) -IGKJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dímero (225-225":226-226":229-229":232-232")-tetraakisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámsters chinos (CHO) línea celular CHO-K1SV en ausencia del gen Glutamina Sintetasa (GS)forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

```
EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS IYDNIWVRQA PGRGLEWVSS 50
IRGEGGGTTY ADSVGRFTI SRDNRNTLY LQMNLSRAED TAVTYCARDP 100
WTEGSGFFVL DWGQGLVT VSSASTKGPS VFLLAPCSRS TSESTAALGC 150
LVKDYFEPV TVWSNGSALT SGVHTFPAVL QSSGLYSLSG VVTYTSNMG 200
TQTVTCNVDH KESNTKVDRT VERKCCVECP PCFAPPAAS SVLEFPFPPK 250
DTLMSIRTP ETCVVVDVSA EDPEVQFNWY VDGVEVHNK TKPREEQPNS 300
TFRVSVLTV LHQDGLANGK YKCKSVNKG LPSIEKTISK TKGQPREPQV 350
YTLPLPREEM TNQVSLTCL YKGFYPSDIA VEMESNGQPE NNYKTTPFML 400
DSDGSGFFLY KLTVDKSRWQ QGNVFCSCVM HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 449
```

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

```
EIVLTQSPAT LSLSPGERAT LSCRASQVSD DDLAWYQQKP QAPRLLIYD 50
ASNRAIGIPA RFGSGSGSTD FTLTISLEP EDFAVYYCQ YITAPLTFGQ 100
GTVKVEIKRT AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWVK 150
DNALQSGNSQ ESVEEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYERKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTRKFN RGE 214
```

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-96 150-206 263-323 369-427

22"-96" 150"-206" 263"-323" 369"-427"

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

23"-88" 134"-194"

Inter-H-L (CH1 10-CL 126)* 137'-214' 137"-214"

Inter-H-H (h 4, h 5, h 8, h 11)* 225-225" 226-226" 229-229" 232-232"

*In addition to the isoform A, isoform A/B characterized by an inter-H-H (h 4 - CH1 10)

225-137" and an inter-H-L (h 4 - CL 126) 225"-214", instead of the inter-H-H (h 4 - h 4)

225-225" and of one of the two inter-H-L (CH1 10-CL 126) 137"-214";

isoform B characterized by an inter-H-H (h 5 - CH1 10) 226-137" and an inter-H-L (h 5 - CL 126)

226"-214", instead of the inter-H-H (h 5 - h 5) 226-226" and of the inter-H-L (CH1 10-CL 126) 137-214";

* En plus de l'isoforme A, isoforme A/B caractérisée par un inter-H-H (h 4 - CH1 10) 225-137"

et un inter-H-L (h 4 - CL 126) 225"-214", au lieu de l'inter-H-H (h 4 - h 4) 225-225" et de

l'un des deux inter-H-L (CH1 10-CL 126) 137"-214";

isoforme B caractérisée par un inter-H-H (h 5 - CH1 10) 226-137" et un inter-H-L (h 5 - CL 126)

226"-214", au lieu de l'inter-H-H (h 5 - h 5) 226-226" et de l'inter-H-L (CH1 10-CL 126) 137-214";

* Además de la isoforma A, isoforma A/B caracterizada por un inter-H-H (h 4 - CH1 10) 225-137"

y un inter-H-L (h 4 - CL 126) 225"-214", en lugar del inter-H-H (h 4 - h 4) 225-225" y uno de los

dos inter-H-L (CH1 10-CL 126) 137"-214";

isoforma B caracterizada por un inter-H-H (h 5 - CH1 10) 226-137" y un inter-H-L (h 5 - CL 126)

226"-214", en lugar del inter-H-H (h 5 - h 5) 226-226" y del inter-H-L (CH1 10-CL 126) 137-214";

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 / Coupe de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2:

449, 449"

milvexianum

milvexian

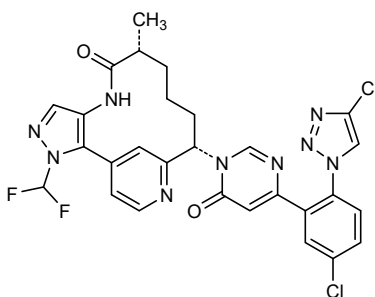
(5*R*,9*S*)-9-{4-[5-chloro-2-(4-chloro-1*H*-1,2,3-triazol-1-yl)phényl]-6-oxypyrimidin-1(6*H*)-yl}-2²-(difluorométhyl)-5-méthyl-2²*H*-3-aza-1(4,2)-pyridina-2(3,4)-pyrazolacyclononaphan-4-one

milvexian

(5*R*,9*S*)-9-{4-[5-chloro-2-(4-chloro-1*H*-1,2,3-triazol-1-yl)phényl]-6-oxypyrimidin-1(6*H*)-yl}-2²-(difluorométhyl)-5-méthyl-2²*H*-3-aza-1(4,2)-pyridina-2(3,4)-pyrazolacyclononaphan-4-one

milvexián

(5*R*,9*S*)-9-{4-[5-cloro-2-(4-cloro-1*H*-1,2,3-triazol-1-il)fenil]-6-oxopirimidin-1(6*H*)-il}-2²-(difluorometil)-5-metil-2²*H*-3-aza-1(4,2)-piridina-2(3,4)-pirazolaciclónonafan-4-ona

C₂₈H₂₃Cl₂F₂N₉O₂**mipasetaamabum #**

mipasetaamab

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* AXL (AXL receptor tyrosine kinase, tyrosine-protein kinase receptor UFO)], humanized monoclonal antibody; gamma1 heavy chain humanized (1-451) [VH humanized (*Homo sapiens* IGHV3-30*03 (92.9%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%)) CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111) (1-122) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3>G1m17, nG1m1 (CH1 R>K 120 (219) (123-220), hinge 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 E12 (361), M14 (363) (346-450), CHS K>del (451)) (123-451)], (225-215')-disulfide with kappa light chain humanized (1'-215') [V-KAPPA humanized (*Homo sapiens* IGKV3-11*01 (84.4%) -IGKJ4*01 (90.9%)) CDR-IMGT [7.3.9] (27-33.51-53.90-98) (1'-108') - *Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (154), V101 (192) (109'-215')]; dimer (231-231":234-234")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa

mipasétamab

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* AXL (récepteur tyrosine kinase AXL, récepteur tyrosine-protéine kinase UFO)], anticorps monoclonal humanisé;

chaîne lourde gamma1 humanisée (1-451) [VH humanisé (*Homo sapiens* IGHV3-30*03 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%)) CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111) (1-122) - *Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3>G1m17, nG1m1 (CH1 R>K 120 (219) (123-220), charnière 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 E12 (361), M14 (363) (346-450), CHS K>del (451)) (123-451)], (225-215')-disulfure avec la chaîne légère kappa humanisée (1'-215') [V-KAPPA humanisé (*Homo sapiens* IGKV3-11*01 (84.4%) -IGKJ4*01 (90.9%)) CDR-IMGT [7.3.9] (27-33.51-53.90-98) (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (154), V101 (192) (109'-215')]; dimère (231-231":234-234")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

mipasetamab

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* AXL (receptor tirosina kinasa AXL, receptor tirosina-proteína kinasa UFO)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada gamma1 humanizada (1-451) [VH humanizado (*Homo sapiens* IGHV3-30*03 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%)) CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111) (1-122) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3>G1m17, nG1m1 (CH1 R>K 120 (219) (123-220), bisagra 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 E12 (361), M14 (363) (346-450), CHS K>del (451)) (123-451)], (225-215')-disulfuro con la cadena ligera kappa humanizada (1'-215') [V-KAPPA humanizado (*Homo sapiens* IGKV3-11*01 (84.4%) -IGKJ4*01 (90.9%)) CDR-IMGT [7.3.9] (27-33.51-53.90-98) (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (154), V101 (192) (109'-215')]; dímero (231-231":234-234")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

```

QVQLVESGGG VVQPGRLRL SCAASGFTFS SYGMSWVRQA PGKGLEWVAT 50
ISSGGSYTY PDSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARHP 100
IYYTYDDTMD YWGQGTITVTV SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL 150
VKDYFPEPVV VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ SSGLYSLSSV VTPVSSSLGT 200
QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSCDKTHT CPFCPAPELL GGPSVFLFPP 250
KPKDTLMISR TPEVTCVVVD VSHEDPEVKF NNYVDGVEVH NAKTKPREEQ 300
YNSTYRVVSV LTVLHQDWLN GKEYRKCVSN KALPAPIEK ISKAKGQPRE 350
PQVYTLPPSR EEMTRNQVSL TCLVKGFPYS DIAVEWESNG QPENNYKTPP 400
FVLDSGDSFF LYSKLTVDKS RWQQGNVFSC SVMHEALHNN YTQKSLSLSP 450
G

```

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

```

EIVLTQSPGT LSLSPGERAT LSCSASSSVS SGNFHWYQQK PGLAPRLLIY 50
RTSNLASGIP ARFSGSGSGT DFTLTISSE PEDFAVYYCQ QWSGYPWTFG 100
GGTKLEIKRT VAAPSVFIFP PSDEQLKSGT ASVVCLNNF YPBREAKVQWK 150
VDNALQSGNS QESVTEQDSK DSTYLSSTLT TSKADYKEH KVIACEVTHQ 200
GLSSPVTKSF NRGEK

```

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"-89" 135"-195"

23"-89" 135"-195"

Inter-H-L (h 5-CL 126) 225-215' 225"-215'"

Inter-H-H (h 11, h 14) 231-231" 234-234"

N-terminal glutaminyl cyclization to pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl)

H VH Q1:

I, I"

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

H CH2 N84.4 [glycoengineered GalNAcN3 (N-azidoacetyl-D-galactosamine)]:
302, 302"-bis[N-(O-2-(acetylamino)-6-azido-2,6-dideoxy- β-D-galactopyranosyl-(1→4)-
O-[6-deoxy-α-L-galactopyranosyl-(1→6)]-2-(acetylamino)-2-deoxy- β-D-glucopyranosyl]-
L-asparagine]

mipasetamabum uzoptirinum

mipasetamab uzoptirine

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* AXL (AXL receptor tyrosine kinase, tyrosine-protein kinase receptor UFO)], humanized monoclonal antibody conjugated to the pyrrolobenzodiazepine (PBD) dimer, SG3199; gamma1 heavy chain humanized (1-451) [VH humanized (*Homo sapiens* IGHV3-30*03 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%)) CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111) (1-122) - *Homo sapiens* IGHG1*03 nG1m1 (CH1 R120>K (219) (123-220), hinge 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 E12 (361), M14 (363) (346-450), CHS K>del (451)) (123-451)], (225-215')-disulfide with kappa light chain humanized (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*01 (84.4%) -IGKJ4*01 (90.9%)) CDR-IMGT [7.3.9] (27-33.51-53.90-98) (1'-108') - *Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (154), V101 (192) (109'-215')]; dimer (231-231":234-234")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa; conjugated on the two glycoengineered N84.4, via a spacer and a cleavable valine-alanine linker, to the cytotoxic pyrrolobenzodiazepine (PBD) dimer, SG3199

mipasetamab uzoptirine

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* AXL (récepteur tyrosine kinase AXL, récepteur tyrosine-protéine kinase UFO)], anticorps monoclonal humanisé conjugué au dimère de pyrrolobenzodiazépine (PDB), SG3199; chaîne lourde gamma1 humanisée (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*03 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%)) CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111) (1-122) -*Homo sapiens* IGHG1*03 nG1m1 (CH1 R120>K (219) (123-220), charnière 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 E12 (361), M14 (363) (346-450), CHS K>del (451)) (123-451)], (225-215')-disulfure avec la chaîne légère kappa humanisée (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*01 (84.4%) -IGKJ4*01 (90.9%)) CDR-IMGT [7.3.9] (27-33.51-53.90-98) (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (154), V101 (192) (109'-215')]; dimère (231-231":234-234")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa; conjugué sur les deux N84.4 glycomodifiés, via un espaceur et un linker clivable valine-alanine, au dimère pyrrolobenzodiazépine (PBD) cytotoxique, SG3199

mipasetamab uzoptirina

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* AXL (receptor tirosina kinasa AXL, receptor tirosina-proteína kinasa UFO)], anticuerpo monoclonal humanizado conjugado con el dímero de pirrolobenzodiazepina (PDB), SG3199; cadena pesada gamma1 humanizada (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*03 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%)) CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111) (1-122) -*Homo sapiens* IGHG1*03 nG1m1 (CH1 R120>K (219) (123-220), bisagra 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 E12 (361), M14 (363) (346-450), CHS K>del (451)) (123-451)], (225-215')-disulfuro con la cadena ligera kappa humanizada (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*01 (84.4%) -IGKJ4*01 (90.9%)) CDR-IMGT [7.3.9] (27-33.51-53.90-98) (1'-108') - *Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (154), V101 (192) (109'-215')];

dímero (231-231":234-234")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa; conjugado sobre los dos N84.4 glicomodificados, mediante un espaciador y un conector escindible valina-alanina, al dímero pirrolobenzodiazepina (PBD) citotóxico, SG3199

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QVQLVESGGG VVQPGRLRL SCAASGFTFS SYGMSWVRQA PGKLEWVAT 50
 ISSGGSYYT PDSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARHP 100
 IYYTYDDTMD VWGQGTITTVV SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL 150
 VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ SSGLYSLSSV VTFPSSSLGT 200
 QTYICNVNHHK PSNTKVDKRV EPKSCDKTHT CPCCPAPELL GGPSVFLFPP 250
 KPKDTLMISR TPEVTCVVVD VSHEDPEVKF NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ 300
 YNSTYRVVSV LTVLHQDWLN GKEYKCKVSN KALPAPIEKT ISKAKGQPRE 350
 PQVYTLPPSR EEMTKNQVSL TCLVKLGFPYS DIAVEWESNG QPENNYKTTP 400
 PVLDSGSGFF LYSKLTVDKS RWQQGNVFSC SVMHEALHNN YTQKSLSLSP 450
 G 451

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

EIVLTQSPGT LSLSPGERAT LSCASSSVS SGNFHWYQK PGLAPRLLIY 50
 RTSNLASGIP ARFSGSGSGT DFTLTISSE PEDFAVYYCQ QWSGYPTWFG 100
 GGTKEIKRT VAAPSVFIFP PSDEQLKSGT ASVVCLLNNF YPREAKVQWK 150
 VDNALQSGNS QESVTEQDSK DSTYLSSTL TSKADYEKH KUYACEVTHQ 200
 GLSPVTKSF NRGEQ 215

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"-89' 135"-195'
 23"-89'" 135"-195"

Inter-H-L (h 5-CL 126) 225-215' 225"-215"

Inter-H-H (h 11, h 14) 231-231" 234-234"

N-terminal glutaminy cyclization to pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl)

H VH Q1:

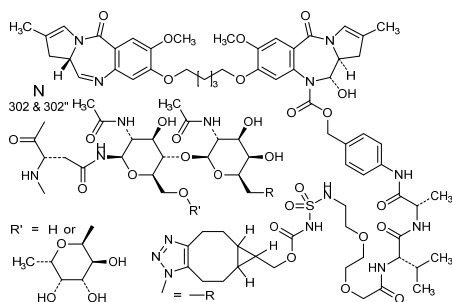
1, 1"

Chemically modified N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation chimiquement modifiés /

Posiciones de N-glicosilación modificadas químicamente

H CH2 N84.4:

302, 302"



modoflanerum

modoflaner

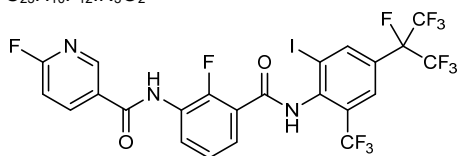
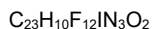
6-fluoro-*N*-(2-fluoro-3-[[4-(heptafluoropropan-2-yl)-2-iodo-6-(trifluoromethyl)phenyl]carbamoil]phenyl)pyridine-3-carboxamide

modoflaner

6-fluoro-*N*-(2-fluoro-3-[[4-(heptafluoropropan-2-yl)-2-iodo-6-(trifluorométhyl)phényl]carbamoil]phényl)pyridine-3-carboxamide

modoflaner

6-fluoro-*N*-(2-fluoro-3-[[4-(heptafluoropropan-2-il)-2-iodo-6-(trifluorometil)fenil]carbamoil]fenil)piridina-3-carboxamida

**mosliciguatum**

mosliciguat

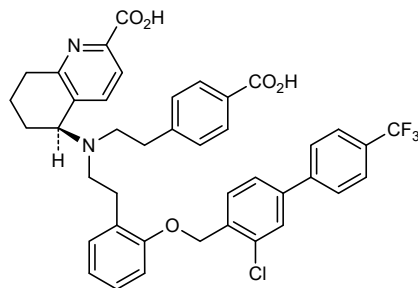
(9^S)-8-[2-(4-carboxyphenyl)ethyl]-2³-chloro-1⁴-(trifluoromethyl)-9^{5,6,7,8}-tetrahydro-4-oxa-8-aza-9(5)-quinolína-1(1),2(1,4),5(1,2)-tribenzenanonaphane-9²-carboxylic acid

mosliciguat

acide (9^S)-8-[2-(4-carboxyphényl)éthyl]-2³-chloro-1⁴-(trifluorométhyl)-9^{5,6,7,8}-tétrahydro-4-oxa-8-aza-9(5)-quinoléína-1(1),2(1,4),5(1,2)-tribenzénanonaphane-9²-carboxylique

mosliciguat

ácido (9^S)-8-[2-(4-carboxifenil)etil]-2³-cloro-1⁴-(trifluorometil)-9^{5,6,7,8}-tetrahidro-4-oxa-8-aza-9(5)-quinoleína-1(1),2(1,4),5(1,2)-tribencenanonafano-9²-carboxílico

**naporafenibum**

naporafenib

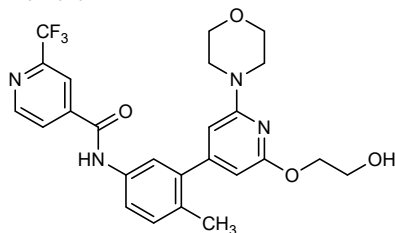
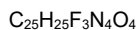
N-{3-[2-(2-hydroxyethoxy)-6-(morpholin-4-yl)pyridin-4-yl]-4-methylphenyl}-2-(trifluoromethyl)pyridine-4-carboxamide

naporafénib

N-{3-[2-(2-hydroxyéthoxy)-6-(morpholin-4-yl)pyridin-4-yl]-4-méthylphényl}-2-(trifluorométhyl)pyridine-4-carboxamide

naporafenib

N-{3-[2-(2-hidroxietoxi)-6-(morfolin-4-il)piridin-4-il]-4-metilfenil}-2-(trifluorometil)piridina-4-carboxamida



nedosiranum

nedosiran

*all-P-ambo-2'-O-methyl-P-thioadenylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroguanlyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorouridylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorocytidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorouridylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorouridylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(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'-deoxy-2'-fluorocytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-[[2-(2-{5-[(2-acetamido-2-deoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]pentanamido}ethoxy)ethoxy]methyl]guanylyl-(3'→5')-2'-O-[[2-(2-{5-[(2-acetamido-2-deoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]pentanamido}ethoxy)ethoxy]methyl]adenylyl-(3'→5')-2'-O-[[2-(2-{5-[(2-acetamido-2-deoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]pentanamido}ethoxy)ethoxy]methyl]adenylyl-(3'→5')-2'-O-[[2-(2-{5-[(2-acetamido-2-deoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]pentanamido}ethoxy)ethoxy]methyl]adenylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidine duplex with *all-P-ambo-2'-O-methyl-P-thioguanlyl-(5'→3')-2'-O-methyluridylyl-(5'→3')-2'-O-methyladenylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluorocytidylyl-(5'→3')-2'-O-methyladenylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(5'→3')-2'-O-methylcytidylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(5'→3')-2'-O-methylguanylyl-(5'→3')-2'-O-methylguanylyl-(5'→3')-2'-O-methyladenylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(5'→3')-2'-O-methyluridylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoro-*P*-thioadenylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoro-*P*-thiocytidylyl-(5'→3')-methyl hydrogen 2'-O-methyl-5'-oxa-O-5'-carba-5'-uridylate**

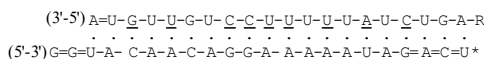
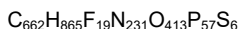
nédosiran

tout-P-ambo-2'-O-méthyl-P-thioadénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroguanlyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluorouridylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluorocytidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluorouridylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluorouridylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(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'-désoxy-2'-fluorocytidylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-[[2-(2-{5-[(2-acétamido-2-désoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]pentanamido}éthoxy)éthoxy]méthyl]guanylyl-(3'→5')-2'-O-[[2-(2-{5-[(2-acétamido-2-désoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]pentanamido}éthoxy)éthoxy]méthyl]adénylyl-(3'→5')-2'-O-[[2-(2-{5-[(2-acétamido-2-désoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]pentanamido}éthoxy)éthoxy]méthyl]adénylyl-(3'→5')-2'-O-[[2-(2-{5-[(2-acétamido-2-désoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]pentanamido}éthoxy)éthoxy]méthyl]adénylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidine

duplex avec acide *tout-P-ambo-2'-O-méthyl-P-thioguanilyl-(5'→3')-2'-O-méthyl-P-thioguanilyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridylyl-(5'→3')-2'-O-méthyl-adénylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluorocytidylyl-(5'→3')-2'-O-méthyladénylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoroadénylyl-(5'→3')-2'-O-méthylcytidilyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoroadénylyl-(5'→3')-2'-O-méthylguanylyl-(5'→3')-2'-O-méthylguanylyl-(5'→3')-2'-O-méthyladénylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoroadénylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoroadénylyl-(5'→3')-2'-O-méthyladénylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoroadénylyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoroadénylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoro-*P*-thioguanilyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoro-*P*-thioadénylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoro-*P*-thiocytidylyl-(5'→3')-hydrogène-2'-O-méthyl-5'-oxa-O-5'-carba-5'-uridylyl de méthyle*

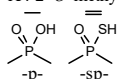
nedosirán

todo-P-ambo-2'-O-metil-P-tiadenilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroguanilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorouridilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorocitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorocitidilil-(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'-desoxi-2'-fluoro-citidilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-[[2-(2-{5-[(2-acetamido-2-desoxi-β-D-galactopiranosil)oxi]-pentanamido}etoxi)etoxi]metil]guanilil-(3'→5')-2'-O-[[2-(2-{5-[(2-acetamido-2-desoxi-β-D-galactopiranosil)oxi]pentanamido}etoxi)etoxi]metil]adenilil-(3'→5')-2'-O-[[2-(2-{5-[(2-acetamido-2-desoxi-β-D-galactopiranosil)oxi]pentanamido}etoxi)etoxi]metil]adenilil-(3'→5')-2'-O-[[2-(2-{5-[(2-acetamido-2-desoxi-β-D-galactopiranosil)oxi]pentanamido}etoxi)etoxi]metil]adenilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidina
*dúplex con todo-P-ambo-2'-O-metil-P-tioguanilil-(5'→3')-2'-O-metil-P-tioguanilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-2'-O-metiladenilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluorocitidilil-(5'→3')-2'-O-metiladenilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluoroadenilil-(5'→3')-2'-O-metilcitidilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluoroadenilil-(5'→3')-2'-O-metilguanilil-(5'→3')-2'-O-metilguanilil-(5'→3')-2'-O-metiladenilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluoroadenilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluoroadenilil-(5'→3')-2'-O-metiladenilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluoroadenilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluoro-*P*-tioguanilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluoro-*P*-tiadenilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluoro-*P*-tiocitidilil-(5'→3')-hidrógeno-2'-O-metil-5'-oxa-O-5'-carba-5'-uridilato de metilo*

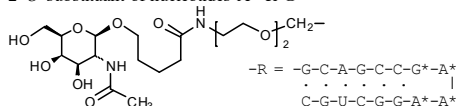
**Legend**

X: 2'-deoxy-2'-fluoronucleotide

X: 2'-O-methylnucleotide



2'-O-substituent of nucleotides A* & G*



nemvaleukinum alfa #**nemvaleukin alfa**

human interleukin 2 fragment (1-59), variant (Cys¹²⁵>Ser⁵¹), fused via peptidyl linker (⁶⁰GG⁶¹) to human interleukin 2 fragment (62-132), fused via peptidyl linker (¹³³GSGGGS¹³⁸) to human interleukin 2 receptor α-chain fragment (139-303), produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycosylated; human interleukin 2 (IL-2) (75-133)-peptide [Cys¹²⁵⁽⁵¹⁾>Ser]-mutant (1-59), fused via a G₂ peptide linker (60-61) to human interleukin 2 (IL-2) (4-74)-peptide (62-132) and via a GSG₃S peptide linker (133-138) to human interleukin 2 receptor α-chain (IL2R subunit alpha, IL2Rα, IL2RA) (1-165)-peptide (139-303), produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa

nemvaleukine alfa

fragment de l'interleukine 2 humaine (1-59), variant (Cys¹²⁵>Ser⁵¹), fusionné via un peptide liant (⁶⁰GG⁶¹) à un fragment de l'interleukine 2 humaine (62-132), fusionné via un peptide liant (¹³³GSGGGS¹³⁸) au fragment de la chaîne α du récepteur de l'interleukine 2 (139-303), produit dans des cellules ovariennes de hamsters chinois (CHO), glycosylé; peptide 75-133 d'interleukine 2 humaine (IL-2) mutante [Cys¹²⁵⁽⁵¹⁾>Ser] (1-59), fusionnée via un peptide G₂ (60-61) au peptide 4-74 d'inter-leukine humaine 2 (IL-2) (62-132) et via un peptide GSG₃S (133-138) au peptide 1-165 de la chaîne α du récepteur de l'interleukine 2 humaine (sous-unité alpha de IL2R, IL2Rα, IL2RA) (139-303), produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

nemvaleukina alfa

fragmento de interleukina 2 humana (1-59), variante (Cis¹²⁵>Ser⁵¹), fusionado a través de un conector peptidil (⁶⁰GG⁶¹) al fragmento de interleukina 2 humana (62-132), fusionado a través de un conector peptidil (¹³³GSGGGS¹³⁸) al fragmento humano de la cadena α del receptor de interleukina 2 (139-303), producido en células ováricas de hámster Chino (CHO), glicosilado; péptido 75-133 de la interleukina 2 humana (IL-2) mutante [Cis¹²⁵⁽⁵¹⁾>Ser] (1-59), fusionado a través de un péptido G₂ (60-61) al péptido 4-74 de la interleukina 2 humana (IL-2) (62-132) y a través de un péptido GSG₃S (133-138) al péptido 1-165 de la cadena α del receptor de interleukina 2 humano (subunidad alfa de IL2R, IL2Rα, IL2RA) (139-303), producido en células ováricas de hámster Chino (CHO), glicosilada alfa

Sequence / Séquence / Secuencia

```
SKNFHLRPRD LISNINVIVL ELKGSETTFM CEYADETATI VEFLNRWITF 50
GQSIISTLTG GSSSTKKTQL QLEHLLLDLQ MILNGINNYK NPKLTRMLTF 100
KFYMPKKATE LKHLQCLEEE LKPLEEVNLN AQSGGGGSEL CDDDPPEIPH 150
ATFKAMAYKE GTMLNCECKR GFRRIKSSSL YMLCTGNSSH SSWDNQCQCQ 200
SSATRNITKQ VTPQPEEQKE RKTTEMQSPM QPVDQASLPG HCREPPPEWEN 250
EATERIYHFV VGQMVYYQCV QGYRALHRGP AESVCKMTHG KTRWTQFQLI 300
CTG 303
```

Mutation / Mutation / Mutación

C⁵¹>S

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
31-116, 141-285, 184-242, 269-301, 166-197 or 166-199, 168-199 or 168-197

Glycosylation sites / Sites de glycosylation / Posiciones de glicosilación

N187, N206, T212

obecabtagenum autoleucelum #

obecabtagene autoleucel

Autologous CD4+ and CD8+ T cells transduced *ex vivo* with a self-inactivating lentiviral vector encoding an anti-CD19 chimeric antigen receptor. Autologous CD4+ and CD8+ T cells, enriched from peripheral blood mononuclear cells (PBMCs) obtained by apheresis transduced *ex vivo* with a non-replicating, self-inactivating (SIN) lentiviral vector, encoding a chimeric antigen receptor (CAR) consisting of an anti-CD19 specific scFv, a CD8 α stalk, transmembrane domain and anchor, a 41BB endodomain and a CD3 zeta endodomain, under the control of a human PGK1 promoter and a modified Woodchuck post transcriptional response element. The vector genome also contains a 5' terminal CMV enhancer/promoter, a Ψ packaging signal, a Rev response element (RRE) and a central polypurine tract (cPPT).

obécabtagène autoleucel

Cellules T CD4+ et CD8+ autologues transduites *ex vivo* avec un vecteur lentiviral auto-inactivable codant pour un récepteur chimérique contre l'antigène CD19. Cellules T CD4+ et CD8+ autologues, enrichies de cellules mononuclées de sang périphérique (PBMC) et obtenues par aphérèse, transduites *ex vivo* avec un vecteur lentiviral non répliatif et auto-inactivable (SIN), codant pour un récepteur chimérique d'antigène (CAR) consistant en un scFv spécifique de CD19, un fragment extracellulaire, un domaine transmembranaire et la partie d'ancrage de CD8 α , un endo-domaine de 41BB et un endo-domaine de CD3 zêta, sous le contrôle d'un promoteur PGK1 humain et d'un élément de réponse post-transcriptionnel Woodchuck modifié. Le génome du vecteur contient également un promoteur/amplificateur CMV placé en position terminale 5', un signal d'empaquetage Ψ , un élément de réponse Rev (RRE) et un segment central de polypurine (cPPT).

obecabtagén autoleucel

Células T CD4+ y CD8+ autólogas transducidas *ex vivo* con un vector lentiviral auto-inactivante que codifica para un receptor de antígenos quimérico anti-CD19. Células T CD4+ y CD8+ autólogas, enriquecidas a partir de células mononucleares de sangre periférica (PBMCs) obtenidas por aféresis, transducidas *ex vivo* con un vector lentiviral no replicativo, auto-inactivante (SIN), que codifica para un receptor de antígenos quimérico (CAR) que consta de scFv específico anti-CD19, un tallo CD8 α , un dominio transmembranal y de anclaje, un endodominio 41BB y un endodominio CD3 zeta, bajo el control de un promotor PGK1 humano y un elemento de respuesta post transcripcional de marmota modificado. El genoma del vector también contiene un potenciador (enhancer)/promotor de CMV en 5', una señal de empaquetamiento Ψ , un elemento de respuesta Rev (RRE) y un tramo central de polipurinas (cPPT).

obrindatamabum

obrindatamab

immunoglobulin G1 scFv-h-CH2-CH3(scFv) h-CH2-CH3, anti-[*Homo sapiens* CD276 (B7H3, B7-H3, B7RP-2)] and anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon)], monoclonal antibody, bispecific; IG scFv-h-CH2-CH3 single chain, anti-CD276 and anti-CD3E (1-504) [scFv-V-kappa-VH anti-CD276 and anti-CD3E (1-240) [V-KAPPA anti-CD276 (*Homo sapiens* IGKV1D-13*01 (85.1%) -IGHJ2*02 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1-107) -8-mer triglycyl-seryl-tetraglycyl linker (108-115) -VH anti-CD3E (*Mus musculus* IGHV10-1*02 (89.9%) -(IGHD) -GHJ3*01 (93.3%)/*Homo sapiens* IGHV3-72*01 (87.0%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%)) CDR-IMGT [8.10.16] (141-148.166-175.214-229) (116-240)] -linker-E-coil (241-277) [6-mer diglycyl-cysteinyl-triglycyl linker (241-246) -28-mer tetrakis(glutamyl-valyl-dialanyl-leucyl-glutamyl-lysyl) E-coil motif (247-274) -3-mer triglycyl linker (275-277)] -*Homo sapiens* IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1, G1v14 CH2 A1.3, A1.2, G1v32 CH3 W22 (knob) (278-504) [hinge 6-15 (278-287), CH2 L1.3>A (291), L1.2>A (292) (288-397), CH3 E12 (413), M14 (415), T22>W (423) (398-502), CHS (503-504)]; (243-243')-disulfide with the IG scFv single chain, anti-CD3E and anti-CD276 (1'-274') [scFv V-lambda-VH anti-CD3E and anti-CD276 (1'-240') [V-LAMBDA anti-CD3 (*Mus musculus* IGLV1*01 (81.2%) -IGLJ1*01 (100%)/*Homo sapiens* IGLV7-46*01 (77.9%) -IGLJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [9.3.9] (26-34.52-54.91-99) (1'-109') -9-mer tetraglycyl-seryl-tetraglycyl linker (110'-118') -VH anti-CD276 (*Homo sapiens* IGHV3-48*02 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%)) CDR-IMGT [8.8.15] (144-151.169-176.215-229) (119'-240')] -6-mer diglycyl-cysteinyl-triglycyl linker (241'-246') -28-mer tetrakis(lysyl-valyl-dialanyl-leucyl-lysyl-glutamyl) K-coil motif (247'-274')]; (283-6"-286-9")-bisdisulfide with the IG h-CH2-CH3 chain, IGHG1*03 nG1m1, G1v14 CH2 A1.3, A1.2, IGHG1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) (1"-227") [hinge 6-15 (1"-10"), CH2 L1.3>A (14), L1.2>A (15) (11"-120"), CH3 E12 (136), M14 (138), T22>S (146), L24>A (148), Y86>V (187), H115>R (215) (121"-225"), CHS (226"-227")], produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa

obrindatamab

immunoglobuline G1 scFv-h-CH2-CH3(scFv) h-CH2-CH3, anti-[*Homo sapiens* CD276 (B7H3, B7-H3, B7RP-2)] et anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon)], anticorps monoclonal, bispécifique; IG scFv-h-CH2-CH3 chaîne unique, anti-CD276 et anti-CD3E (1-504) [scFv-V-kappa-VH anti-CD276 et anti-CD3E (1-240) [V-KAPPA anti-CD276 (*Homo sapiens* IGKV1D-13*01 (85.1%) -IGHJ2*02 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1-107) -8-mer triglycyl-séryl-tétraglycyl linker (108-115) -VH anti-CD3E (*Mus musculus* IGHV10-1*02 (89.9%) -(IGHD) -GHJ3*01 (93.3%)/*Homo sapiens* IGHV3-72*01 (87.0%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%)) CDR-IMGT [8.10.16] (141-148.166-175.214-229) (116-240)] -linker-E-coil (241-277) [6-mer diglycyl-cystéinyl-triglycyl linker (241-246) -28-mer tétrakis(glutamyl-valyl-dialanyl-leucyl-glutamyl-lysyl) E-coil motif (247-274) -3-mer triglycyl linker (275-277)] -*Homo sapiens* IGHG1*03 h-CH2-CH3 nG1m1, G1v14 CH2 A1.3, A1.2, G1v32 CH3 W22 (knob) (278-504) [charnière 6-15 (278-287), CH2 L1.3>A (291), L1.2>A (292) (288-397), CH3 E12 (413), M14 (415), T22>W (423) (398-502), CHS (503-504)]; (243-243')-disulfure avec la chaîne unique IG scFv, anti-CD3E et

obrindatamab

anti-CD276 (1'-274') [scFv V-lambda-VH anti-CD3E et anti-CD276 (1'-240') [V-LAMBDA anti-CD3 (*Mus musculus* IGLV1*01 (81.2%) -IGLJ1*01 (100%)/*Homo sapiens* IGLV7-46*01 (77.9%) -IGLJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [9.3.9] (26-34.52-54.91-99) (1'-109') -9-mer tétraglycyl-séryl-tétraglycyl linker (110'-118') -VH anti-CD276 (*Homo sapiens* IGHV3-48*02 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%)) CDR-IMGT [8.8.15] (144-151.169-176.215-229) (119'-240') -6-mer diglycyl-cystéinyl-triglycyl linker (241'-246') -28-mer tétrakis(lysyl-valyl-dialanil-leucyl-lysyl-glutamyl) K-coil motif (247'-274')]; (283-6":286-9")-bisdisulfure avec la chaîne IG h-CH2-CH3, IGHG1*03 nG1m1, G1v14 CH2 A1.3, A1.2, IGHG1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) (1"-227") [charnière 6-15 (1"-10"), CH2 L1.3>A (14), L1.2>A (15) (11"-120"), CH3 E12 (136), M14 (138), T22>S (146), L24>A (148), Y86>V (187), H115>R (215) (121"-225"), CHS (226"-227")], produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

inmunoglobulina G1 scFv-h-CH2-CH3(scFv)_h-CH2-CH3, anti-[*Homo sapiens* CD276 (B7H3, B7-H3, B7RP-2)] y anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 épsilon)], anticuerpo monoclonal, biespecífico;
IG scFv-h-CH2-CH3 cadena única, anti-CD276 y anti-CD3E (1-504) [scFv-V-kappa-VH anti-CD276 y anti-CD3E (1-240) [V-KAPPA anti-CD276 (*Homo sapiens* IGKV1D-13*01 (85.1%) -IGHJ2*02 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1-107) -8-mer triglicil-seril-tetraglicil linker (108-115) -VH anti-CD3E (*Mus musculus* IGHV10-1*02 (89.9%) -(IGHD) -GHJ3*01 (93.3%)/*Homo sapiens* IGHV3-72*01 (87.0%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%)) CDR-IMGT [8.10.16] (141-148.166-175.214-229) (116-240)] -linker-E-coil (241-277) [-6-mer diglicil-cisteinil-triglicil linker (241-246) -28-mer tetrakis(glutamyl-valil-dialanil-leucil-glutamyl-lisil) E-coli motif (247-274) -3-mer triglicil linker (275-277)] -*Homo sapiens* IGHG1*03 h-CH2-CH3 nG1m1, G1v14 CH2 A1.3, A1.2, G1v32 CH3 W22 (knob) (278-504) [bisagra 6-15 (278-287), CH2 L1.3>A (291), L1.2>A (292) (288-397), CH3 E12 (413), M14 (415), T22>W (423) (398-502), CHS (503-504)]; (243-243')-disulfuro con la cadena única IG scFv, anti-CD3E y anti-CD276 (1'-274') [scFv V-lambda-VH anti-CD3E y anti-CD276 (1'-240') [V-LAMBDA anti-CD3 (*Mus musculus* IGLV1*01 (81.2%) -IGLJ1*01 (100%)/*Homo sapiens* IGLV7-46*01 (77.9%) -IGLJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [9.3.9] (26-34.52-54.91-99) (1'-109') -9-mer tetraglicil-seril-tetraglicil linker (110'-118') -VH anti-CD276 (*Homo sapiens* IGHV3-48*02 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%)) CDR-IMGT [8.8.15] (144-151.169-176.215-229) (119'-240') -6-mer diglicil-cisteinil-triglicil linker (241'-246') -28-mer tetrakis(lisil-valil-dialanil-leucil-lisil-glutamyl) K-coli motif (247'-274')]; (283-6":286-9")-bisdisulfuro con la cadena IG h-CH2-CH3, IGHG1*03 nG1m1, G1v14 CH2 A1.3, A1.2, IGHG1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) (1"-227") [bisagra 6-15 (1"-10"), CH2 L1.3>A (14), L1.2>A (15) (11"-120"), CH3 E12 (136), M14 (138), T22>S (146), L24>A (148), Y86>V (187), H115>R (215) (121"-225"), CHS (226"-227")], producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa

1. Chain / Chaîne / Cadena: IG scFv h-CH2-CH3 (V-kappa anti-CD276, VH anti-CD3E)	
DIQLTQSPSPF	LSASVGDRTV ITCKASQNVDTNVAWYQQKPKAPKALIYS50
ASYRYSGVSPS	RFSGSGSGTDFTLTISLQPEDFATYYCQQYNNYPFTFGQ100
GTKLEIKGGG	SGGGGEVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTSTYAMN150
WVRQAPKGKL	EWVGRIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDSKNSLYLQM200
NSLKTEDTAV	YYCVRHGNFGNSYVSWFAYWGQDTLVTVSSGGCGGGEVAA250
LEKEVAALEK	EVAALEKEVAALEKGGGDKTHTCPPCPAPEAAGGSVFLF300
PPKPKDTLMI	SRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNATKTPRE350
EQYNSTYRVV	SVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIETKISKAKGQP400
REPQVYTLPP	SREEMTKNQVSLWCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKT450
TFPVLDSGGS	FFLYSKLTVDKSRWQQGNVSCSVMHEALHNYTKQSLSL500
SPGK	
2. Chain / Chaîne / Cadena: IG scFv (V-lambda anti-CD3E, VH anti-CD276)	
QAVVTQEPFSL	TVSPGGTDTLTCRSSTGAVTTSNYANWVQQKPGQAPRGLI50
GGTNKRAPWT	PARFSGSLLGKAALITGAQAEDAEADYYCALWYNSLWVF100
GGGTKLTVLG	GGSGGGGGEVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTSTSS150
GMHWVRQAPG	KGLEWVAYISDSSAIYADTVKGRFTISRDNAKNSLYLQ200
MNSLRDEDTA	VYYCGRGRENIIYGSRLDYWGQGTITVTVSSGGCGGGEVAA250
LKEKVAALKE	KVAALKEKVAALKE
3. Chain / Chaîne / Cadena: IG h-CH2-CH3	
DKTHTCPCPC	APEAAGGSPVFLFPKPKDLMISRTPEVTCVVVDVSHED50
PEVKFNWYVD	GVEVHNATKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYK100
CKVSNKALPA	PIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLSCAVK150
GFYFSDIAVE	WESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLVSKLTVDKSRWQQG200
NVFSQCSVMHE	ALHNRYTQKSLSLSPGK
Post-translational modifications	
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro	
Intra-chain 1 (C23-C104)	23-88 137-213 318-378 424-482
Intra-chain 2 (C23-C104)	22'-90' 140'-214'
Intra-chain 3 (C23-C104)	41"-101" 147"-205"
Inter-chains 1 - 2	243-243'
Inter-chains 1 - 3 (h 11 -h 11)	283-6"
Inter-chains 1 - 3 (h 14 -h 14)	286-9"
N-terminal glutamine cyclization to pyroglutamate (pE, 5-oxoproline)	
V-lambda Q1:	
I'	
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados.	
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación	
CH2 N84.4:	
354, 77"	
C-terminal lysine clipping / Coupeure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal	
CHS K2:	
504, 227"	

ociperlimabum #
ociperlimab

immunoglobulin G1-kappa, 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; gamma1 heavy chain humanized (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*01 nG1m1, G1m17 (CH1 K120 (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 kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (87.4%) -IGKJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimer (228-228":231-231")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa

ociperlimab

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TIGIT (immunorécepteur des lymphocytes T avec domaine Ig et ITIM, membre 9 de l'Ig V-set, VSIG9, membre 3 de l'Ig V-set et région transmembrane, VSTM3)], anticorps monoclonal humanisé;

ociperlimab

chaîne lourde gamma1 humanisée (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*01 nG1m1, G1m17 (CH1 K120 (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 kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (87.4%) -IGKJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')];
dimère (228-228":231-231")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TIGIT (immunoreceptor de los linfocitos T con dominio Ig y ITIM, miembro 9 de la Ig V-set, VSIG9, miembro 3 de la Ig V-set y región transmembrana, VSTM3)], anticuerpo monoclonal humanizado;
cadena pesada gamma1 humanizada (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*01 nG1m1, G1m17 (CH1 K120 (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 kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (87.4%) -IGKJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')];
dímero (228-228":231-231")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
EVQLVESGGG LVQPFGSLRL SCAASGFTFS DYYMYVVRQA PGKGLEWVAY 50
ITKGGGSTYY PDSVKGRFTI SRDNAKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARQT 100
NYDFTMDYWG OGTLVTVSSA STKGPSVFPL APSKSTSGG TAALGCLVKD 150
YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFFAVLQSSG LYSLSSTVTV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHKPSN TKVDKKVEPK SCDKTHCTPP CPAPELLGGP SVFLFPPKPK 250
DTLMISRTPE VTCVVDVDSH EDPEVKFNYY VDGVEVHNAK TKPREPQYNS 300
TYRVSVSLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
YTLFPSREEM TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTFPVL 400
DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFCSVM HEALHHNYTQ KSLSLSPGK 449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
EIVMTQSPAT LSVSPGERAT LSCKASQDVG TSVAWYQQKQ GPAPRLLIYW 50
ASARHTGIPA RFSGSGSGSTE FTLTISLSLQS EDFAVYYCQQ YSSYPLTFGG 100
GTKVELKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNEY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYERHK VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 146-202 263-323 369-427
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:
H CHS K2:
449,449"

omodenbamabum

omodenbamab

immunoglobulin G3-kappa, anti-[*Staphylococcus aureus* SpA (Staphylococcal protein A)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;
 gamma3 heavy chain *Homo sapiens* (1-502) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (90.8%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.8.18] (26-33.51-58.97-114) (1-125) -*Homo sapiens* IGHG3*01, G3m5* (G3m5,10,11,13,14,26,27) (CH1 (126-223), hinge 1-42 (224-285), CH2 (286-395), CH3 S44 (439), M84 (452), Q98 (474), I101 (477), R115 (490), F116 (491) (396-500), CHS (501-502)) (126-502)], (139-214')-disulfide with kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (90.5%) -IGKJ5*01 (91.7%)) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')];
 dimer (236-236":239-239":245-245":251-251":254-254":260-260":266-266":269-269":275-275":281-281":284-284")-undecakisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO)-K1SV cells, glycoform alfa

omodenbamab

immunoglobuline G3-kappa, anti-[*Staphylococcus aureus* SpA (protéine A de Staphylocoque)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;
 chaîne lourde gamma3 *Homo sapiens* (1-502) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (90.8%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.8.18] (26-33.51-58.97-114) (1-125) -*Homo sapiens* IGHG3*01, G3m5* (G3m5,10,11,13,14,26,27) (CH1 (126-223), charnière 1-42 (224-285), CH2 (286-395), CH3 S44 (439), M84 (452), Q98 (474), I101 (477), R115 (490), F116 (491) (396-500), CHS (501-502)) (126-502)], (139-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (90.5%) -IGKJ5*01 (91.7%)) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')];
 dimère (236-236":239-239":245-245":251-251":254-254":260-260":266-266":269-269":275-275":281-281":284-284")-undecakisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO)-K1SV, glycoforme alfa

omodenbamab

inmunoglobulina G3-kappa, anti-[*Staphylococcus aureus* SpA (proteína A de Estafilococo)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*;
 cadena pesada gamma3 *Homo sapiens* (1-502) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (90.8%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.8.18] (26-33.51-58.97-114) (1-125) -*Homo sapiens* IGHG3*01, G3m5* (G3m5,10,11,13,14,26,27) (CH1 (126-223), bisagra 1-42 (224-285), CH2 (286-395), CH3 S44 (439), M84 (452), Q98 (474), I101 (477), R115 (490), F116 (491) (396-500), CHS (501-502)) (126-502)], (139-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (90.5%) -IGKJ5*01 (91.7%)) 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 (236-236":239-239":245-245":251-251":254-254":260-260":266-266":269-269":275-275":281-281":284-284")-undecakisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO)-K1SV, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada			
EVQLVESGGG	LVQPGGSLRL	SCAASGFTFS	TYGMSWVRQA PGKGLEWVSS 50
ITGSGRSTFY	ADSVKGRFTI	SRDNTNTLS	LQMNSLRAED TAVYYCARSP 100
ADIVTGYYPW	WFDLWGQGLT	VTVSSASTKG	PSVFPLAPCS RSTSGGTAAL 150
GCLVKDYFPE	PVTVSWNSGA	LTSGVHTFPA	VLQSSGLYSL SSVVTVPSSS 200
LGTQTYTCNV	NHKPSNTKVD	KRVELKTPLG	DTHTCPRCP EPKSCDTPPP 250
CPRCPPEKSC	DTPPPCPRCP	EPKSCDTPPP	CPRCPAPELL GGPSVFLFPP 300
KPKDTLMISR	TPEVTCVVVD	VSHEDPEVQF	KWYVDGVEVH NAKTKPREEQ 350
YNSTFRVSVV	LTVLHQDWLN	GKEYKCKVSN	KALPAPIEKT ISKTKGPPE 400
PQVYTLPPSR	EEMTKNQVSL	TCLVKGFYPS	DAVEWESSG QPENNYNTTP 450
PMLSDSGSFF	LYSKLTVDKS	RWQQGNIFSC	SVMHEALHNR FTQKSLSLSP 500
GK			502
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera			
DIQMTQSPSS	LSASIGDRVT	ITCRASQSLN	TYLNWYQQKP GKAPRLLIAG 50
ASSLQSGVPS	RFSGSGSGTD	FTLTISSLQP	EDFATYYCQQ ANSFPLTFGQ 100
GTRLEIKRTV	AAPSVFIFPP	SDEQLKSGTA	SVVCLLNIFY 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	152-208	316-376 422-480
	22"-96"	152"-208"	316"-376" 422"-480"
Intra-L (C23-C104)	23"-88"	134"-194"	
	23'''-88'''	134'''-194'''	
Inter-H-L (CH1 10-CL 126)		139-214'	139"-214"
Inter-H-H (h1 13, h1 16,		236-236"	239-239"
h2 5, h2 11, h2 14		245-245"	251-251" 254-254"
h3 5, h3 11, h3 14,		260-260"	266-266" 269-269"
h4 5, h4 11, h4 14)		275-275"	281-281" 284-284"
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación			
H CH2 N84.4:			
352, 352"			
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados.			
O-glycosylation sites / Sites de O-glycosylation / Posiciones de O-glicosilación			
h2 S7 h3 S7 h4 S7			
247, 247" 262, 262" 277, 277"			
Sialylated glycans regularly present / glycanes sialylés régulièrement présents / glicanos sialilados regularmente presentes			
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal			
H CHS K2:			
502, 502"			

onametostatium

onametostat

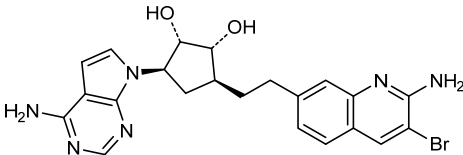
(1*S*,2*R*,3*S*,5*R*)-3-[2-(2-amino-3-bromoquinolin-7-yl)ethyl]-5-(4-amino-7*H*-pyrrolo[2,3-*d*]pyrimidin-7-yl)cyclopentane-1,2-diol

onamétostat

(1*S*,2*R*,3*S*,5*R*)-3-[2-(2-amino-3-bromoquinoléin-7-yl)éthyl]-5-(4-amino-7*H*-pyrrolo[2,3-*d*]pyrimidin-7-yl)cyclopentane-1,2-diol

onametostat

(1*S*,2*R*,3*S*,5*R*)-3-[2-(2-amino-3-bromoquinolein-7-il)etil]-5-(4-amino-7*H*-pirrolo[2,3-*d*]pirimidin-7-il)ciclopentano-1,2-diol



ontasameranum #

ontasameran

Messenger RNA encoding transmembrane phosphatase with tensin homology (TPTE).

	Messenger RNA (mRNA), 5'-capped, encoding codon-optimised transmembrane phosphatase with tensin homology (TPTE; cancer/testis antigen 44) expressed as a fusion protein comprising a secretory signal peptide, TPTE, P2P16 tetanus toxoid-derived helper epitopes and a major histocompatibility complex (MHC) class I transmembrane and cytoplasmic domain (MITD), connected by three glycine/serine-rich (GS) linker peptides, flanked by 5' and 3' untranslated regions and a 3' poly(A) tail.
ontasamérán	ARN messenger codant pour la phosphatase transmembranaire homologue à la tensine (TPTE). Un ARN messenger (ARNm), protégé en 5', codant pour la phosphatase transmembranaire homologue à la tensine (TPTE ; antigène 44 du cancer testiculaire), avec des codons optimisés, exprimé sous la forme d'une protéine de fusion comprenant un peptide signal de sécrétion, TPTE, les épitopes auxiliaires P2P16 dérivés de l'anatoxine tétanique et un domaine transmembranaire et cytoplasmique (MITD) du complexe majeur d'histocompatibilité (CMH) de classe I, reliés par trois peptides de liaison riches en glycine/sérine (GS), flanqués de régions non traduites en 5' et 3' et d'une queue poly(A) en 3'.
ontasamerán	ARN mensajero que codifica para la fosfatasa transmembranal con homología con la tensina (TPTE). ARN mensajero (ARNm), protegido en 5', que codifica para la fosfatasa transmembranal con homología con la tensina (TPTE; antígeno de cáncer/testículo 44), con codones optimizados, expresada como una proteína de fusión que consta de un péptido señal de secreción, TPTE, los epítomos auxiliares P2P16 derivados del toxoide tetánico y un dominio citoplásmico y transmembrana del complejo principal de histocompatibilidad (MHC) de clase I, conectados mediante tres péptidos de enlace ricos en glicina/serina (GS), flanqueado por las regiones 5' y 3' no traducidas y una cola poly(A) en 3'.
oplunofuspum # oplunofusp	<i>Actinomyces viscosus</i> L-methionyl sialidase (exo-α-sialidase) catalytic domain fragment (239-631, 2-394 in the current sequence), fused to human amphiregulin heparin binding domain fragment (25-45, 395-415 in the current sequence) anti-(binding to human heparin and cell surface glycosaminoglycans), produced in <i>Escherichia coli</i>; L-methionyl (1)-sialidase (exo-α-sialidase, EC:3.2.1.18) (<i>Actinomyces viscosus</i>) (239-631)-peptide (containing the sialidase domain) (2-394), fused to human amphiregulin (25-45)-peptide (binding to human heparin and glycosaminoglycans) (395-415), produced in <i>Escherichia coli</i>
oplunofusp	L-méthionyl, fragment du domaine catalytique (239-631, 2-394 dans la séquence actuelle) de la sialidase d'<i>Actinomyces viscosus</i> (exo-α-sialidase), fusionné à un fragment du domaine liant l'héparine de l'amphiréguline humaine (25-45, 395-415 dans la séquence actuelle) anti-(liant aux glycosaminoglycans de surface cellulaire et à l'héparine, humains), produit dans <i>Escherichia coli</i>;

oplonofusp

L-méthionyl (1)-peptide 239-631 de sialidase (exo- α -sialidase, EC:3.2.1.18) (*Actinomyces viscosus*) (contenant le domaine sialidase) (2-394), fusionné au peptide 25-45 de l'amphiréguline humaine (se liant aux glycosaminoglycanes et à l'héparine) (395-415), produit dans *Escherichia coli*

L-metionil sialidasa(exo- α -sialidasa) *Actinomyces viscosus* fragmento con dominio catalítico (239-631, 2-394 en la secuencia actual), fusionado al fragmento del dominio de unión a la heparina de la anfiregulina humana (25-45, 395-415 en la secuencia actual) anti-(unión a la heparina humana y a los glicosaminoglicanos de superficie celular, humanos), producido in *Escherichia coli*;
L-metionil (1)-péptido 239-631 de sialidasa (exo- α -sialidasa, EC:3.2.1.18) (*Actinomyces viscosus*) (que contiene el dominio de sialidasa) (2-394), fusionado al péptido 25-45 de anfiregulina humana (se une a glicosaminoglicanos y heparina) (395-415), producido en *Escherichia coli*

Sequence / Séquence / Secuencia	
MGDHPQATPA PAPDASTELP ASMSQAQHLA ANTATDNYRI PAITTPANGD	50
LLISYDERPK DNGNGGSDAP NPNHIVQRRS TDGGKTSAP TYIHQGTETG	100
KKVGYSDPSY VVDHQTGTIF NFHVKSVDQG WGGSRGGTDP ENRGIIQAEV	150
STSTDNGWTW THRTITADIT KDKPWTARFA ASGGQIQIQH GPAGRLVQQ	200
YTIRTAGGAV QAVSVYSDDH GKTWQAGTFI GTGMDEKVV ELSDGSMLN	250
SRASDGSGRF KVAHSTDGGQ TWSEFVSDKN LPDSVDNAQI IRAFPNAAFDP	300
DPRAKVLLLS HSPNPREWSR DRGTISMSCD DGASWTTSKV FHEPFVGYTT	350
IADVQDGSIG LLESDAHNGA DYGGIWRNF TMNWLGEQCG QKPAKKKKKK	400
GKNGKRRNRN KKKNP	415

Post-translational modifications
Disulfide bridge location / Position du pont disulfure / Posición del puente disulfuro
329-389

Glycosylation sites / Sites de glycosylation / Posiciones de glicosilación
none / aucune / ninguna

pacanalotamabum #
pacanalotamab

immunoglobulin scFv-scFv, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF17 (TNF receptor superfamily member 17, tumor necrosis factor receptor superfamily, member 17, B cell maturation antigen, BCMA, BCM, TNFRSF13A, CD269)] and anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon)], monoclonal antibody single chain, bispecific;
IG scFv-scFv single chain, anti-TNFRSF17 and anti-CD3E (1-504) [scFv-VH-V-kappa anti-TNFRSF17 (1-243) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%)) CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110) (1-121) - 15-mer tris(tetraglycyl-seryl) linker (122-136) -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (91.6%) -IGKJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (163-168.186-188.225-233) (137-243)] - 6-mer seryl-tetraglycyl-seryl linker (244-249) -scFv-VH-V-lambda anti-CD3E (250-498) [VH (*Mus musculus* IGHV10-1*02 (91.9%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (86.7%)/*Homo sapiens* IGHV3-73*01 (87%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (100%)) CDR-IMGT [8.10.16] (275-282.300-309.348-363) (250-374) - 15-mer tris(tetraglycyl-seryl) linker (375-389) -V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV7-43*01 (85.1%) -IGLJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [9.3.9 (415-423.441-443.480-488) (390-498)] - hexahistidine (499-504)], non-glycosylated, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells

pacanalotamab

immunoglobuline scFv-scFv, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF17 (membre 17 de la superfamille des récepteurs du TNF, membre 17 de la superfamille des récepteurs du facteur de nécrose tumorale, antigène de maturation de cellule B, BCMA, BCM, TNFRSF13A, CD269)] et anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon)], anticorps monoclonal à chaîne unique, bispécifique; IG scFv-scFv chaîne unique, anti-TNFRSF17 et anti-CD3E (1-504) [scFv-VH-V-kappa anti-TNFRSF17 (1-243) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%)) CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110) (1-121)-15-mer tris(tétraglycyl-séryl) linker (122-136) -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (91.6%) -IGKJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (163-168.186-188.225-233) (137-243)] -6-mer séryl-tétraglycyl-séryl linker (244-249) -scFv-V-lambda anti-CD3E (250-498) [VH (*Mus musculus* IGHV10-1*02 (91.9%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (86.7%)/*Homo sapiens* IGHV3-73*01 (87%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (100%)) CDR-IMGT [8.10.16] (275-282.300-309.348-363) (250-374) -15-mer tris(tétraglycyl-séryl) linker (375-389) -V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV7-43*01 (85.1%) -IGLJ3*02 (100%) CDR-IMGT [9.3.9] (415-423.441-443.480-488) (390-498)] -hexahistidine (499-504)], non-glycosylé, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO)

pacanalotamab

inmunoglobulina scFv-scFv, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF17 (miembro 17 de la superfamilia de los receptores del TNF, miembro 17 de la superfamilia de los receptores del factor de necrosis tumoral, antígeno de maduración de célula B, BCMA, BCM, TNFRSF13A, CD269)] y anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 épsilon)], anticuerpo monoclonal con cadena única, biespecífico; IG scFv-scFv cadena única, anti-TNFRSF17 y anti-CD3E (1-504) [scFv-VH-V-kappa anti-TNFRSF17 (1-243) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%)) CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110) (1-121)-15-mer tris(tetraglicil-seril) linker (122-136) -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (91.6%) -IGKJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (163-168.186-188.225-233) (137-243)] -6-mer seril-tetraglicil-seril linker (244-249) -scFv-V-lambda anti-CD3E (250-498) [VH (*Mus musculus* IGHV10-1*02 (91.9%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (86.7%)/*Homo sapiens* IGHV3-73*01 (87%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (100%)) CDR-IMGT [8.10.16] (275-282.300-309.348-363) (250-374) -15-mer tris(tetraglicil-seril) linker (375-389) -V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV7-43*01 (85.1%) -IGLJ3*02 (100%) CDR-IMGT [9.3.9] (415-423.441-443.480-488) (390-498)] -hexahistidina (499-504)], no glicosilado, producido en las células ováricas de hamster chino (CHO)

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

```
QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT NHIIHWVRQA PGQGLEWMGY 50
INPYPGYHAY NEKFGQGRATM TSDTSTSTVY MELSSLSRSD TAVYYCARDG 100
YYRDTVDLDY WGQGTILVTVS SGGGGSGGGG SGGGGSDIQM TQSPSSLAS 150
VGRDVTITCQ ASQDISNYLN WYQQKPKGAK KLLIYYTSRL HTGVPSPRFSG 200
SGSGTDFTFI ISSLEPDIA TYCQQQNTL PWTFGQGTKV EIKSGGGGSE 250
VQLVESGGGL VQPGGSLKLS CAASGFTFNK YAMNWRQAP GKGLEWVARH 300
RSKYNNTATY YADSVKDRFT ISRDDSKNTA YLQMNKLTE DTAVYYCVRI 350
GNFGNSYISY WAYWGQQTIV TVSSGGGGSG GGGSGGGGSO TVVTQEPSTL 400
VSPGGTVTLT CGSSTGAVTS GNYPNVQOK PGQAPRGLIG GTKFLAPGTP 450
ARFSGSLLGG KAALTLSGVQ PEDAEYYCV LWYSNRWVFG GGTKLTPLVHH 500
HHHH 504
```

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-V (C23 C104) 22-96 159-224 271-347 411-479

N-terminal glutamyl cyclization to pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl)
VH Q1: I

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

pariglasgenum breccaparvovecum #

pariglasgene breccaparvovec

A non-replicating adeno-associated viral vector encoding codon-optimized human glucose-6-phosphatase (G6PC). A recombinant non-replicating adeno-associated viral vector serotype 8 (rAAV8), encoding codon-optimized human glucose-6-phosphatase (G6PC) under the control of the native human G6PC promoter/enhancer and an SV40 polyadenylation sequence, containing a chimeric intron in the 5' UTR between the promoter/enhancer and the transgene, flanked by AAV2 inverted terminal repeats (ITR).

pariglasgène bréccaparvovec

Un vecteur adéno-viral non-répliatif codant pour la glucose-6-phosphatase (G6PC) humaine avec des codons optimisés. Un vecteur recombinant adéno-viral non-répliatif de sérotype 8 (rAAV8), codant pour la glucose-6-phosphatase (G6PC) humaine avec des codons optimisés, sous le contrôle du promoteur/activateur de la G6PC humaine native et d'une séquence de polyadénylation du SV40, contenant un intron chimérique dans l'UTR 5' entre le promoteur/activateur et le transgène, flanqué de répétitions terminales inversées (ITR) AAV2.

pariglasgén breccaparvovec

Un vector viral adeno-asociado, no replicativo, que codifica para la glucosa-6-fosfatasa (G6PC) humana, con codones optimizados. Un vector viral adeno-asociado recombinante de serotipo 8 (rAAV8) no replicativo, que codifica para la glucosa-6-fosfatasa (G6PC) humana, con codones optimizados, bajo el control del promotor/potenciador (enhancer) nativo de la G6PC humana y una secuencia de poliadenilación del SV40, conteniendo un intron quimérico en la región 5' UTR entre el promotor/potenciador y el transgén, flanqueado por repeticiones invertidas terminales (ITR) del AAV2.

pavurutamabum #

pavurutamab

immunoglobulin scFv-scFv-scFc, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF17 (TNF receptor superfamily member 17, tumor necrosis factor receptor superfamily, member 17, B cell maturation antigen, BCMA, BCM, TNFRSF13A, CD269)] and anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], monoclonal antibody single chain (scFv)2-scFc, bispecific; IG single chain scFv-scFv-scFc, anti-TNFRSF17 and anti-CD3E (1-986) [scFv-VH-V-kappa anti-TNFRSF17 (1-243) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 G49>C (44) (84.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%)) CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110) (1-121) -15-mer tris(tetraglycyl-seryl) linker (122-136)-V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (91.6%) -IGKJ1*01 Q120>C (236) (91.7%)) CDR-IMGT [6.3.9] (163-168.186-188.225-233) (137-243)] -6 mer seryl-tetraglycyl-seryl linker (244-249) -scFv-VH-V-lambda anti-CD3E (250-498) [VH (*Mus musculus* IGHV10-1*02 (91.9%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (86.7%)/*Homo sapiens* IGHV3-73*01 (87%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (100%)) CDR-IMGT [8.10.16] (275-282.300-309.348-363) (250-374) -15-mer tris(tetraglycyl-seryl) linker (375-389) -V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV7-43*01 (85.1%) -IGLJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [9.3.9] (415-423.441-443.480-488) (390-498)] -4-mer tetraglycyl linker

	(499-502) -scFc (h-CH2-CH3)-(h-CH2-CH3) (503-986) [<i>Homo sapiens</i> IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 (hinge 6-15 (503-512), CH2 R83>C (574), N84.4>G (579), V85>C (584) (513-622), CH3 E12 (638), M14 (640) (623-727), CHS (728-729)) (503-729) -30-mer hexakis(tétraglycyl-séryl) linker (730-759) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 (hinge 6-15 (760-769), CH2 R83>C (831), N84.4>G (836), V85>C (841) (770-879), CH3 E12 (895), M14 (897) (880-984), CHS (985-986)) (760-986)], non-glycosylated, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells
pavurutamab	immunoglobuline scFv-scFv-scFc, anti-[<i>Homo sapiens</i> TNFRSF17 (membre 17 de la superfamille des récepteurs du TNF, membre 17 de la superfamille des récepteurs du facteur de nécrose tumorale, antigène de maturation de cellule B, BCMA, BCM, TNFRSF13A, CD269)] et anti-[<i>Homo sapiens</i> CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], anticorps monoclonal à chaîne unique (scFv)2-scFc, bispécifique; IG à chaîne unique scFv-scFv-scFc, anti-TNFRSF17 et anti-CD3E (1-986) [scFv-VH-V-kappa anti-TNFRSF17 (1-243) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-46*01 G49>C (44) (84.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%)) CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110) (1-121) -15-mer tris(tétraglycyl-séryl) linker (122-136)-V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-33*01 (91.6%) -IGKJ1*01 Q120>C (236) (91.7%)) CDR-IMGT [6.3.9] (163-168.186-188.225-233) (137-243)] -6-mer séryl-tétraglycyl-séryl linker (244-249) -scFv-VH-V-lambda anti-CD3E (250-498) [VH (<i>Mus musculus</i> IGHV10-1*02 (91.9%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (86.7%))/<i>Homo sapiens</i> IGHV3-73*01 (87%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (100%)) CDR-IMGT [8.10.16] (275-282.300-309.348-363) (250-374) -15-mer tris(tétraglycyl-séryl) linker (375-389) -V-LAMBDA (<i>Homo sapiens</i> IGLV7-43*01 (85.1%) -IGLJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [9.3.9] (415-423.441-443.480-488) (390-498)] -4-mer tétraglycyl linker (499-502) -scFc (h-CH2-CH3)-(h-CH2-CH3) (503-986) [<i>Homo sapiens</i> IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 (503-729) (charnière 6-15 (503-512), CH2 R83>C (574), N84.4>G (579), V85>C (584) (513-622), CH3 E12 (638), M14 (640) (623-727), CHS (728-729)) -30-mer hexakis(tétraglycyl-séryl) linker (730-759) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 (charnière 6-15 (760-769), CH2 R83>C (831), N84.4>G (836), V85>C (841) (770-879), CH3 E12 (895), M14 (897) (880-984), CHS (985-986)) (760-986)], non-glycosylé, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO)
pavurutamab	immunoglobulina scFv-scFv-scFc, anti-[<i>Homo sapiens</i> TNFRSF17 (miembro 17 de la superfamilia de los receptores del TNF, miembro 17 de la superfamilia de los receptores del factor de necrosis tumoral, antígeno de maduración de célula B, BCMA, BCM, TNFRSF13A, CD269)] y anti-[<i>Homo sapiens</i> CD3E (CD3 épsilon, Leu-4)], anticuerpo monoclonal con cadena única (scFv)2-scFc, biespecifico;

IG con cadena única scFv-scFv-scFc, anti-TNFRSF17 y anti-CD3E (1-986) [scFv-VH-V-kappa anti-TNFRSF17 (1-243) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 G49>C (44) (84.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%)) CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110) (1-121) -15-mer tris(tetraglicil-seril) linker (122-136)-V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (91.6%) -IGKJ1*01 Q120>C (236) (91.7%)) CDR-IMGT [6.3.9] (163-168.186-188.225-233) (137-243)] -6-mer seril-tetraglicil-seril linker (244-249) -scFv-VH-V-lambda anti-CD3E (250-498) [VH (*Mus musculus* IGHV10-1*02 (91.9%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (86.7%)/*Homo sapiens* IGHV3-73*01 (87%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (100%)) CDR-IMGT [8.10.16] (275-282.300-309.348-363) (250-374) -15-mer tris(tetraglicil-seril) linker (375-389) -V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV7-43*01 (85.1%) -IGLJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [9.3.9] (415-423.441-443.480-488) (390-498)] -4-mer tetraglicil linker (499-502) -scFc (h-CH2-CH3)-(h-CH2-CH3) (503-986) [*Homo sapiens* IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 (503-729) (bisagra 6-15 (503-512), CH2 R83>C (574), N84.4>G (579), V85>C (584) (513-622), CH3 E12 (638), M14 (640) (623-727), CHS (728-729)) -30-mer hexakis(tetraglicil-seril) linker (730-759) -*Homo sapiens* IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 (bisagra 6-15 (760-769), CH2 R83>C (831), N84.4>G (836), V85>C (841) (770-879), CH3 E12 (895), M14 (897) (880-984), CHS (985-986)) (760-986)], no glicosilado, producido en las células ováricas de hamster chino (CHO)

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada	
QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGITFT NHHHWVRQA PGQCLEWMGY	50
INFPFGYHAI NEKFGQGRAT TSDTSTSTVY MELSSLSRSD TAVYYCARDG	100
YYRDTDLVDY WGGQTLVTVS SGGGSGGGGG SGGGSGDIQM TQSPSSLAS	150
VGDRVITITCQ ASQDISNYLN WYQKPGKAP KLLIYYTSRL HTGVPSRFSG	200
SGSGTDFTFT ISSLEPEDIA TYYCQQNTL FWTFGGQTKV EIKSGGGGSE	250
VQLVESGGGL VQPGGSLKLS CAASGFTFNK YAMNWVRQAP GKGLEWVARI	300
RSKYNMYATY YADSVKDRFT ISRDDSKNTA YLQMNLKTE DTAVYYCVRH	350
GNFGNSYISY WAYWQGGLTV TVSSGGGGSG GGGSGGGGSG TVVTQEPSTL	400
VSPGGTVILT CGSSTGAVTS GNYPNWVQK PGQAFLRLIG GTKFLAPGTF	450
ARFSGSLGGL KAALTLSGVQ PEDEAEIYCV LWYSNRWVFG GGTKLTVLGG	500
GGDKTHTCP CPAPPELLGGP SVFLFPKPKF DTLMISRTPE VTCVVDVDSH	550
EDPEVKFNWY VDGVEVHNK TKPCEEQYGS TYRCVSVLTV LHQDWLNGKE	600
YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV YTLPPSREEM TKNQVSLTCL	650
VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL DSDGSGFLYS KLTVDKSRWQ	700
QGNVFSCSVM HEALHNYHQ KSLSLSPGKG GGGSGGGGSG GGGSGGGGSG	750
GGSGGGGGSG KTHTCPPCPA PELLGGPSVF LFPKPKDTL MISRTPEVTC	800
VVVDVSHEDP EVKFNWVDG VEVHNAKTKP CEEQYGSTYR CVSVLTVLHQ	850
DWLNGKEYKC KVSFNKALPAP IEKTISKAKG QPREPQVYTL PPSREEMTKN	900
QVSLTCLVKG FYPSDIAVEW ESNQGPENNY KTFPPVLDSD GSFFLYSKLT	950
VDKSRWQQGN VFSCSVMHEA LHNHYTQKSL SLSPGK	986

Post-translational modifications	
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro	
Intra-V (C23-C104)	22-96 159-224 271-347 411-479
Intra-C (C23-C104)	543-603 649-707 800-860 906-964
Intra-CH2 (C83-C85)	574-584 831-841
Inter VH-VL (C49-C120)	44-236
Inter h11 (h 11-h 11)	508-765
Inter h14 (h 14-h 14)	511-768

N-terminal glutaminy cyclization to pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl)
VH Q1: 1

No N-glycosylation sites / pas de sites de N-glycosylation / ningún posición de N-glicosilación
H CH2 N84.4>G:
579, 836
Aglycosylated

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
CHS K2:
986

pegtibatinasum #**pegtibatinase**

human cystathionine β -synthase fragment (2-413, M¹ cleaved) mutant (C¹⁵>S), homodimer, produced in *Escherichia coli*, pegylated at N⁶ of lysine residues with an average of five 5-[α -methylpoly(oxyethylene)- ω -oxy]-5-oxopentanoyl groups per protein monomer; des-Met¹-[Cys¹⁵>Ser] human cystathionine β -synthase (CBS, beta-thionase, serine sulfhydrase, EC:4.2.1.22) (2-413)-peptide, non-covalent dimer, produced in *Escherichia coli*, substituted with approximately five 5-[α -methylpoly(oxyethylene)- ω -oxy]-5-oxopentanoyl groups (20 kDa each) per protein monomer at N⁶ of lysine residues

pegtibatinase

fragment de la cystathionine β -synthase humaine (2-413, M¹ supprimée) mutant (C¹⁵>S), homodimère, produit dans *Escherichia coli*, pégylé en N⁶ des résidus lysine avec une moyenne de cinq groupes 5-[α -méthylpoly(oxyéthylène)- ω -oxy]-5-oxopentanoyle par monomère de protéine; peptide 2-413 de des-Mét¹-[Cys¹⁵>Sér] cystathionine β -synthase humaine (CBS, bêta-thionase, sérine sulfhydrase, EC: 4.2.1.22), dimère non covalent, produit dans *Escherichia coli*, substitué par environ cinq groupes 5-[α -méthylpoly(oxyéthylène)- ω -oxy]-5-oxopentanoyle (~20 kDa chacun) par monomère de protéine au N⁶ des résidus de lysine

pegtibatinasa

fragmento de la cistationina β -sintasa humana (2-413, M¹ escindido) mutante (C¹⁵>S), homodímero, producido en *Escherichia coli*, pegilada en N⁶ residuos de lisina con una medida de cinco grupos 5-[α -metilpoli(oxietileno)- ω -oxi]-5-oxopentanoilo por monómero de proteína; péptido 2-413 de des-Met¹-[Cis¹⁵>Ser] cistationina β -sintasa humana (CBS, beta-tionasa, serina sulfhidrasa, EC: 4.2.1.22), dímero no covalente, producido en *Escherichia coli*, sustituido con aproximadamente cinco grupos 5-[α -metilpoli(oxietileno)- ω -oxi]-5-oxopentanoilo (~20 kDa cada uno) por proteína monomérica en N⁶ de residuos de lisina

Sequence / Séquence / Secuencia

```
-PSETPQAEV GPTCSPHRSG PHSAGGSLEK GSPEDKEAKE FLWIRPDAPS 50
RCTWQLGRPA SESPHHRTAP AKSPKILPDI LKKIGDTFMV RINKIGKKFG 100
LKCELLAKCE FFNAGGSVKD RISLRMIEDA ERDGLKPGD TIIETSGNT 150
GIGLALAAAV RGYRCIIVMP EKMSSEKVDV LRALGAEIVR TPTNARFDS 200
ESHVGVAWRL KNEIPNSHIL DQYRNASNPL AHYDTTAEI LQQCDGKLM 250
LVASVGTGTT ITGIARKLKE KCPGCRIGV DPEGSILAEF EELNQTEQTT 300
YEVEGIGYDF IPTVLDRTVV DKWFKSNDEE AFTFARMLIA QEGLLCGGS 350
GSTVAVAVKA AQELQEGQRC VVILPDSVRN YMTKFLSDRW MLQKGFLEE 400
DLTEKKPWWW HLR 415
```

Mutation / Mutation / Mutación

C¹⁵>~~S~~

Post-translational modifications

Removal of Met¹ / Suppression de Met¹ / Eliminación de Met¹

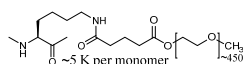
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posición del puentes disulfuro
272-275, 272'-275' (and further variable potential bridges)

Glycosylation sites / Sites de glycosylation / Posiciones de glicosilación
none / aucune / ninguna

Cofactor binding sites / Sites de liaison des cofacteurs / Sitios de unión de cofactores

N⁶-pyridoxilidene 5'-phosphate / 5'-phosphate de N⁶-pyridoxilidène / 5'-fosfato de N⁶-piridoxilideno
K119, K119'
heme B (protohème IX) / hème b (protohème IX) / hemo B (protohemo IX)
Cys52-S -Fe(II)- N¹-His65, Cys52'-S -Fe(II)- N¹-His65'

Chemical modification / Modification chimique / Modificación química



pegulicianinum

pegulicianine

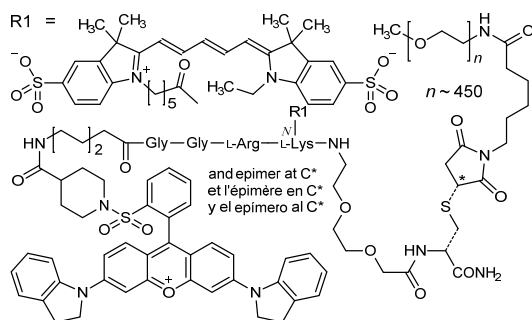
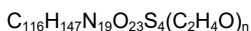
N-[6-(1-{2-[3,6-bis(2,3-dihydro-1*H*-indol-1-yl)xanthylium-9-yl]benzene-1-sulfonyl}piperidine-4-carboxamido)hexanoyl]glycylglycyl-L-arginyl-N⁶-(6-{2-[(1*E*,3*E*,5*Z*)-5-(1-ethyl-3,3-dimethyl-5-sulfonato-1,3-dihydro-2*H*-indol-2-ylidene)pent-1,3-dien-1-yl]-3,3-dimethyl-5-sulfonato-3*H*-indol-1-ium-1-yl])hexanoyl)-L-lysyl-[2-(2-aminoethoxy)ethoxy]acetyl-S-[(3*R*S)-1-{6-[α-methylpolpy(oxyethylene)-ω-amino]-6-oxohexyl}-2,5-dioxoprolidindiol-3-yl]-L-cysteinamide

pégulicianine

N-[6-(1-{2-[3,6-bis(2,3-dihydro-1*H*-indol-1-yl)xanthyliden-9-yl]benzène-1-sulfonyl}pipéridine-4-carboxamido)hexanoyl]glycylglycyl-L-arginyl-N⁶-(6-{2-[(1*E*,3*E*,5*Z*)-5-(1-éthyl-3,3-diméthyl-5-sulfonato-1,3-dihydro-2*H*-indol-2-ylidène)pent-1,3-diène-1-yl]-3,3-diméthyl-5-sulfonato-3*H*-indol-1-ium-1-yl})hexanoyl)-L-lysyl-[2-(2-aminoéthoxy)éthoxy]acétyl-S-[(3*RS*)-1-[6-[α-méthylpolpy(oxyéthylène)-ω-amino]-6-oxohexyl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl]-L-cystéinamide

pegulicianina

N-[6-(1-{2-[3,6-bis(2,3-dihidro-1*H*-indol-1-il)xantilio-9-il]benceno-1-sulfonil}piperidina-4-carboxamido)hexanoil]glicilglicil-L-arginil-*N*⁶-(6-{2-[(1*E*,3*E*,5*Z*)-5-(1-etil-3,3-dimetil-5-sulfonato-1,3-dihidro-2*H*-indol-2-ilideno)penta-1,3-dien-1-il]-3,3-dimetil-5-sulfonato-3*H*-indol-1-ilo-1-il]hexanoil)-L-lisil-[2-(2-aminoetoxi)etoxil]acetil-S-[(3*RS*)-1-{6-[α-metilpoli(oxi)etileno)-ω-amino]-6-oxohexil}-2,5-dioxopirrolidin-3-il]-L-cisteinamida



pelabresibum

pelabresib

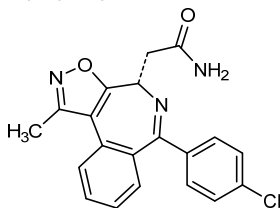
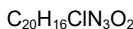
2-[(4*S*)-6-(4-chlorophenyl)-1-methyl-4*H*-
[1,2]oxazolo[5,4-*d*][2]benzazepin-4-yl]acetamide

pélabrésib

2-[(4*S*)-6-(4-chlorophényl)-1-méthyl-4*H*-
[1,2]oxazolo[5,4-*d*][2]benzazépin-4-yl]acetamide

pelabresib

2-[(4S)-6-(4-clorofenil)-1-metil-4*H*-[1,2]oxazolo[5,4-*d*][2]benzazepin-4-il]acetamida

**pemrametostat**

pemrametostat

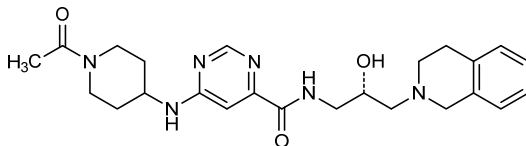
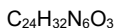
6-[(1-acetylpiperidin-4-yl)amino]-N-[(2S)-3-(3,4-dihydroisoquinolin-2(1H)-yl)-2-hydroxypropyl]pyrimidine-4-carboxamide

pemramétostat

6-[(1-acétylpipéridin-4-yl)amino]-N-[(2S)-3-(3,4-dihydroisoquinoléin-2(1H)-yl)-2-hydroxypropyl]pyrimidine-4-carboxamide

pemrametostat

6-[(1-acetilpiperidin-4-il)amino]-N-[(2S)-3-(3,4-dihidroisoquinolein-2(1H)-il)-2-hidroxipropil]pirimidina-4-carboxamida

**penpulimabum #**

penpulimab

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* PDCD1 (programmed cell death 1, PD-1, PD1, CD279)], monoclonal antibody; gamma1 heavy chain (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (88.7%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%)) CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107) (1-118) - *Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17,1, G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 K120 (215) (119-216), hinge 1-15 (217-231), CH2 L1.3>A (235), L1.2>A (236), G1>A (238) (232-341), CH3 D12 (357), L14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-214')-disulfide with kappa light chain (1'-214') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV14-111*01 (86.3%) -IGKJ5*01 (100%)/*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (80%) -IGKJ2*01 (81.8%) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimer (227-227":230-230")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa

penpulimab

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* PDCD1 (protéine 1 de mort cellulaire programmée, PD-1, PD1, CD279)], anticorps monoclonal;

penpulimab

chaîne lourde gamma1 (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (88.7%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%)) CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17,1, G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 K120 (215) (119-216), charnière 1-15 (217-231), CH2 L1.3>A (235), L1.2>A (236), G1>A (238) (232-341), CH3 D12 (357), L14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa (1'-214') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV14-111*01 (86.3%) -IGKJ5*01 (100%)/*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (80%) -IGKJ2*01 (81.8%) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimère (227-227":230-230")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* PDCD1 (proteína 1 de muerte celular programada, PD-1, PD1, CD279)], anticuerpo monoclonal; cadena pesada gamma1 (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (88.7%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%)) CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17,1, G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 K120 (215) (119-216), bisagra 1-15 (217-231), CH2 L1.3>A (235), L1.2>A (236), G1>A (238) (232-341), CH3 D12 (357), L14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa (1'-214') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV14-111*01 (86.3%) -IGKJ5*01 (100%)/*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (80%) -IGKJ2*01 (81.8%) 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 (227-227":230-230")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

```

EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFAFS SYDMSWVRQA PGKGLDWVAT 050
ISGGGRITYY PDSVKGRFTI SRDNSKNNLY LQMNSLRAED TALYICANRY 100
GEAWFAYWQG GTLVTVSSAS TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY 150
FPFEPVTSWN SGALTSVGVHT FPAVLQSSGL YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI 200
CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGAPS VFLEPPKPKD 250
TLMISRTPEV TCVVVDVSHS DPEVKFNWYV DGEVHNNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTIVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY 350
TLPPSRDELIT KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTPEPVL 400
SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ GNVFSCSVMH EALNHYTQK SLSLSPGK 448

```

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

```

DIQMTQSPSS MSASVGDRTV FTRCASQDIN TYLSWFQQKP GKSPKTLIYR 050
ANRLVSGVPS RFGSGSGQD YTLTISSLQP EDMATYYCLQ YDEFPLTFGA 100
GTKLELRKRTV AAPSVFIFFP SDEQLKSGTA SVVCLLNNEY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYERKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEC 214

```

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-96 145-201 262-322 368-426
 22"-96" 145"-201" 262"-322" 368"-426"

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

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

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

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

H CH2 N84.4:

298, 298"

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

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

H CHS K2:

448, 448"

pidnarulexum

pidnarulex

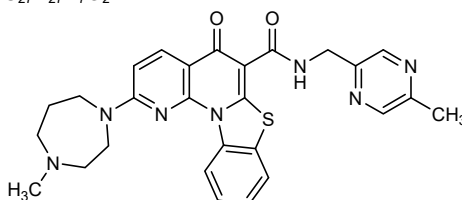
2-(4-methyl-1,4-diazepan-1-yl)-*N*-[(5-methylpyrazin-2-yl)méthyl]-5-oxo-5*H*-[1,3]benzothiazolo[3,2-*a*][1,8]naphthyridine-6-carboxamide

pidnarulex

2-(4-méthyl-1,4-diazépan-1-yl)-*N*-[(5-méthylpyrazin-2-yl)méthyl]-5-oxo-5*H*-[1,3]benzothiazolo[3,2-*a*][1,8]naphthyridine-6-carboxamide

pidnarulex

2-(4-metil-1,4-diazepan-1-il)-*N*-[(5-metilpirazin-2-il)méthyl]-5-oxo-5*H*-[1,3]benzotiazolo[3,2-*a*][1,8]naftiridina-6-carboxamida

C₂₇H₂₇N₇O₂S**pimivalimabum #**

pimivalimab

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* PDCD1 (programmed cell death 1, PD-1, PD1, CD279)], *Homo sapiens* monoclonal antibody; gamma4 heavy chain *Homo sapiens* (1-445) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-46*01 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%)) CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107) (1-118) -*Homo sapiens*IGHG4*01 (CH1 (119-216), hinge 1-12 S10>P (226) (217-228), CH2 (229-338), CH3 (339-443), CHS (444-445)) (119-445)], (132-214')-disulfide with kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-5*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 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimer (224-224":227-227")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa

pimivalimab

immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* PDCD1 (protéine 1 de mort cellulaire programmée, PD-1, PD1, CD279)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*; chaîne lourde gamma4 *Homo sapiens* (1-445) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-46*01 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%)) CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107) (1-118) -*Homo sapiens*IGHG4*01 (CH1 (119-216), charnière 1-12 S10>P (226) (217-228), CH2 (229-338), CH3 (339-443), CHS (444-445)) (119-445)], (132-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-5*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 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimère (224-224":227-227")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

pimivalimab

inmunoglobulina G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* PDCD1 (proteína 1 de muerte celular programada, PD-1, PD1, CD279)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*; cadena pesada gamma4 *Homo sapiens* (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%)) CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG4*01 (CH1 (119-216), bisagra 1-12 S10>P (226) (217-228), CH2 (229-338), CH3 (339-443), CHS (444-445)) (119-445)], (132-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-5*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 (153), V101 (191) (108'-214'')]; dímero (224-224'':227-227'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SKKASGYTFP SYMHVVRQA PGQGLEWMGI 50
INPEGGSTAY AQRFGGRVTM TRDTSSTSTVY MELSSLRSED TAVVYCARGG 100
TYYDYTYWGQ GTLTVTSSAS TKGPSVFPLA PCSRSTSEST AALGCLVKDY 150
PFPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL YSLSSVVTVP SSSLGKTTYT 200
CIVDHPKPSNT KVDKRVESKY GPCCPPCPAP EFLGGPSVFL FPPKPKDTIM 250
ISRTPEVTCV VVDVSQEDPE VQFNWYVDGV EVHNAKTKPR EEQFNSTYRV 300
VSVTLVLHQD WLNGKEYKCK VSNKGLPSSI EKTISKAKGQ PREFPQYITLP 350
PSQEEMTKNQ VSLTCLVKGF YPSDIAVEWE SNGQFENNYK TTPFVLDSGD 400
SFFLYSRLTV DKSRWQEGNV FSCSVMEAL HNHYTQKSL SLSLGG 445

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIQMTQSPST LSASVGRVT ITCRASQSI SWLAWYQQKPA GKAPKLLIYE 50
ASSLESGVPS RFGSGSGSGTE FTLTISLQPF DDFATYYCQQ YNSFPPTFGG 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESIVTEQDSKD STYLSLSTLT 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) 22-96 145-201 259-319 365-423
22"-96" 145"-201" 259"-319" 365"-423"
Intra-L (C23-C104) 23"-88" 134"-194"
23'''-88''' 134'''-194'''
Inter-H-L (h 10-CL 126) 132-214' 132"-214"
Inter-H-H (h 8, h 11) 224-224" 227-227"

N-terminal glutaminyl cyclization to pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl)
H VH Q1:
I, I"

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 biantenaricos complejos fucosilados.

C-terminal lysine clipping:
H CHS K2:
445, 445"

pirepematum

pirepemat

pirépémat

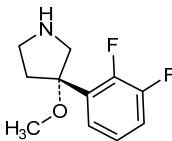
pirepemat

(3S)-3-(2,3-difluorophenyl)-3-methoxypyrrolidine

(3S)-3-(2,3-difluorophényl)-3-méthoxypyrrolidine

(3S)-3-(2,3-difluorofenil)-3-metoxipirrolidina

C₁₁H₁₃F₂NO



pomulmeranum #

pomulmeran

Messenger RNA encoding cystic fibrosis transmembrane conductance regulator (CFTR).
 Messenger RNA (mRNA), 5' capped, encoding codon-optimised human cystic fibrosis transmembrane conductance regulator (CFTR; channel conductance-controlling ATPase, cAMP-dependent chloride channel, ATP-binding cassette sub-family C member 7, ABCC7), flanked by 5' and 3' untranslated regions and a 3' poly(A) tail (200-1000 A).

pomulméran

ARN messager codant pour le régulateur de conductance transmembranaire de la mucoviscidose (CFTR).
 ARN messager (ARNm), protégé en 5', codant pour le régulateur de conductance transmembranaire de la mucoviscidose humaine avec des codons optimisés (CFTR ; canal ATPase contrôlant la conductance, canal chlorure dépendant de l'AMPc, sous-famille C membre 7, ABCC7), flanqué de régions 5' et 3' non traduites et d'une queue 3' poly(A) (200-1000 A).

pomulmerán

RNA mensajero que codifica para el regulador de la conductancia transmembrana de la fibrosis quística (CFTR).
 RNA mensajero (RNAm), protegido en 5', que codifica para el regulador de la conductancia transmembrana de la fibrosis quística (CFTR; canal ATPasa controlador de la conductancia, canal de cloro dependiente de AMPc, subfamilia C miembro 7 del casete de unión a ATP, ABCC7) con los codones optimizados, flanqueado por regiones 5' y 3' no traducidas y una cola poly(A) (200-1000 A) en 3'.

posoleucelum

posoleucel

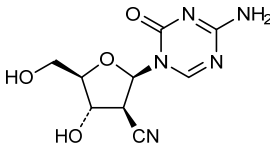
Allogeneic human leukocyte antigen (HLA)-matched virus-specific T cells reactive to cytomegalovirus (CMV), EBV, BK virus, adenovirus and human herpesvirus-6 (HHV-6). The cells are derived from peripheral blood mononuclear cells (PBMCs) from donors seropositive for all five of these viruses.

The cells are expanded and co-cultured with 15-mer peptides overlapping by 11 amino acids spanning antigenic proteins from polyomaviruses BK and JC (VP1 and large T), from adenovirus (hexon and penton), from cytomegalovirus (IE1 and pp65), from Epstein-Barr virus (LMP2, EBNA1, BZLF1), and from human herpesvirus-6 (U90, U11 and U14). The cells have specific anti-virus reactivity for each virus above a pre-specified potency threshold, and predominantly express CD3 (generally >95%) with a mixture of CD4+ (average 60%) and CD8+ (average 34%) subsets, including both central (CD45RA-/62L+/CCR7+) and effector (CD45RA-/62L-/CCR7-) memory markers.

posoleucel

Lymphocytes T allogéniques, compatibles pour les antigènes leucocytaires humains (HLA) et spécifiques pour le cytomégalovirus (CMV), l'EBV, le virus BK, l'adénovirus et le virus herpès humain 6 (HHV-6). Les cellules sont dérivées de cellules mononucléaires du sang périphérique (PBMC) provenant de donneurs séropositifs pour ces cinq virus.

Les cellules sont amplifiées et cultivées avec des peptides de 15 résidus se chevauchant par 11 acides aminés couvrant les protéines antigéniques du polyomavirus BK et JC (VP1 et grand T), de l'adénovirus (hexon et penton), du cytomégalovirus (IE1 et pp65), du virus d'Epstein-Barr (LMP2, EBNA1, BZLF1), et du virus herpès humain 6 (U90, U11 et U14).

	Les cellules ont une réactivité antivirus spécifique pour chacun des virus au-delà d'un seuil prédéfini, et expriment principalement CD3 (généralement >95%) avec un mélange de sous-populations de CD4+ (60% en moyenne) et de CD8+ (34% en moyenne), comprenant des marqueurs des mémoires centrale (CD45RA-/62L+/CCR7+) et effectrice (CD45RA-/62L-/CCR7-).
posoleucel	Células T alogénicas específicas de virus con compatibilidad para el antígeno leucocitario humano (HLA) reactivas frente a citomegalovirus (CMV), EBV, virus BK, adenovirus y herpesvirus humano 6 (HHV-6). Las células se obtienen a partir de células mononucleares de sangre periférica (PBMCs) de donantes seropositivos para estos cinco virus. Las células tienen una reactividad antivirus específica para cada de estos virus por encima de un umbral de potencia preestablecido, y se expanden y co-cultivan con péptidos de 15 residuos que solapan en 11 amino ácidos cubriendo proteínas antigénicas de poliomavirus BK y JC (VP1 y T grande), de adenovirus (hexón y pentón), de citomegalovirus (IE1 y pp65), de virus de Epstein-Barr (LMP2, EBNA1, BZLF1), y de herpesvirus humano 6 (U90, U11 and U14). Las células expresan predominantemente CD3 (generalmente >95%) con una mezcla de subtipos CD4+ (60% como media) y CD8+ (34% como media), incluyendo marcadores de memoria central (CD45RA-/62L+/CCR7+) y efectora (CD45RA-/62L-/CCR7-).
radgocitabinum radgocitabine	4-amino-1-(2-cyano-2-deoxy-β-D-arabinofuranosyl)pyrimidin-2(1<i>H</i>)-one; 2'-cyano-2'-deoxy-D-<i>arabino</i>-cytidine
radgocitabine	4-amino-1-(2-cyano-2-désoxy-β-D-arabinofuranosyl)pyrimidin-2(1<i>H</i>)-one; 2'-cyano-2'-désoxy-D-<i>arabino</i>-cytidine
radgocitabina	4-amino-1-(2-ciano-2-desoxi-β-D-arabinofuranosil)pirimidin-2(1<i>H</i>)-ona; 2'-ciano-2'-desoxi-D-<i>arabino</i>-citidina
	$C_{10}H_{12}N_4O_4$ 
rebonuputemcelum rebonuputemcel	Allogenic human adult nucleus pulposus cells. The cells are derived from the central region of intervertebral discs and isolated from the tissue using mechanical and enzymatic (collagenase) procedures. Isolated cells are expanded in culture involving

	adherent and non- adherent conditions until clusters of cells, 100-200 µm in diameter, are generated. Cells comprising the cell substance are dissociated out of these clusters and stored frozen. Cells (on average >95%) express the surface markers CD73, CD90, CD44 and HLA-ABC, and release proteoglycan, collagen and anti-inflammatory cytokines. Cells (on average <3%) lack expression of CD24 (classically associated with native nucleus pulposus cells), CD34, CD45, CD271, Stro-1 or HLA-DR/DP/DQ.
rébonuputemcel	Cellules allogènes du noyau pulpeux humain adulte. Les cellules sont dérivées de la région centrale des disques intervertébraux et isolées du tissu à l'aide de procédures mécaniques et enzymatiques (collagénase). Les cellules isolées sont multipliées en culture dans des conditions adhérentes et non adhérentes jusqu'à ce que des groupes de cellules, de 100 à 200 µm de diamètre, soient générés. Les cellules composant la substance cellulaire sont dissociées de ces amas et conservées congelées. Les cellules (en moyenne > 95%) expriment les marqueurs de surface CD73, CD90, CD44 et HLA-ABC, et libèrent du protéoglycane, du collagène et des cytokines anti-inflammatoires. Les cellules (en moyenne <3%) manquent d'expression de CD24 (classiquement associé aux cellules pulpeuses du noyau natif), CD34, CD45, CD271, Stro-1 ou HLA-DR/DP/DQ.
rebonuputemcel	Células alogénicas del núcleo pulposo adulto humano. Las células son derivadas de la región central de los discos intervertebrales y se aíslan del tejido usando procedimientos mecánicos y enzimáticos (colagenasa). Las células aisladas se expanden en cultivo en condiciones adherentes y no adherentes hasta que se generan grumos de células de 100-200 mm de diámetro. Las células que componen el principio activo se disocian de estos grumos y se almacenan congeladas. >95% de las células expresan los marcadores de superficie CD73, CD90, CD44 y HLA-ABC, y liberan proteoglicano, colágeno y citoquinas anti-inflamatorias. <3% de las células expresan CD24 (asociado clásicamente con células del núcleo pulposo nativo), CD34, CD45, CD271, Stro-1 o HLA-DR/DP/DQ.
recaticimabum # recaticimab	immunoglobulin G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> PCSK9 (proprotein convertase subtilisin/kexin type 9, neural apoptosis-regulated convertase 1, NARC1, NARC-1, proprotein convertase 9, PC9)], monoclonal antibody;

	gamma1 heavy chain (1-451) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-2*02 (89.8%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (100%)) CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110) (1-121) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01, G1m17,1, G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 K120 (218) (122-219), hinge 1-15 (220-234), CH2 M15.1>Y (256), S16>T (258), T18>E (260) (235-344), CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-219')-disulfide with kappa light chain (1'-219') [V-KAPPA (<i>Mus musculus</i> IGKV8-21*01 (85%) -IGKJ4*01 (91.7%)/<i>Homo sapiens</i> IGKV4-1*01 (76.8%) -IGKJ2*02 (100%)) CDR-IMGT [12.3.8] (27-38.56-58.95-102) (1'-112') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (158), V101 (196) (113-219')]; dimer (230-230":233-233")-bisdisulfide, produced in a Chinese hamster ovary (CHO) cell line (CHOK1SV GS-KO), glycoform alfa
récatcimab	immunoglobuline G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> PCSK9 (proprotéine convertase subtilisine/kexine type 9, convertase 1 régulée par l'apoptose neuronale, NARC1, NARC-1, proprotéine convertase 9, PC9)], anticorps monoclonal; chaîne lourde gamma1 (1-451) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-2*02 (89.8%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (100%)) CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110) (1-121) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01, G1m17,1, G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 K120 (218) (122-219), charnière 1-15 (220-234), CH2 M15.1>Y (256), S16>T (258), T18>E (260) (235-344), CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-219')-disulfure avec la chaîne légère kappa (1'-219') [V-KAPPA (<i>Mus musculus</i> IGKV8-21*01 (85%) -IGKJ4*01 (91.7%)/<i>Homo sapiens</i> IGKV4-1*01 (76.8%) -IGKJ2*02 (100%)) CDR-IMGT [12.3.8] (27-38.56-58.95-102) (1'-112') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (158), V101 (196) (113-219')]; dimère (230-230":233-233")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO) lignée cellulaire CHOK1SV GS-KO, glycoforme alfa
recaticimab	inmunoglobulina G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> PCSK9 (proproteína convertasa subtilisina/kexina tipo 9, convertasa 1 regulada por la apoptosis neuronal, NARC1, NARC-1, proproteína convertasa 9, PC9)], anticuerpo monoclonal; cadena pesada gamma1 (1-451) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-2*02 (89.8%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (100%)) CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110) (1-121) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01, G1m17,1, G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 K120 (218) (122-219), bisagra 1-15 (220-234), CH2 M15.1>Y (256), S16>T (258), T18>E (260) (235-344), CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-219')-disulfuro con la cadena ligera kappa (1'-219') [V-KAPPA (<i>Mus musculus</i> IGKV8-21*01 (85%) -IGKJ4*01 (91.7%)/<i>Homo sapiens</i> IGKV4-1*01 (76.8%) -IGKJ2*02 (100%)) CDR-IMGT [12.3.8] (27-38.56-58.95-102) (1'-112') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (158), V101 (196) (113-219')]; dímero (230-230":233-233")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO) línea celular CHOK1SV GS-KO, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada	
QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT DYWMHWVRQA PGQGLEWMGY	50
INPSSSGFTKY HQNFKDRVTM TRDTSISTAY MELSLRLSDD TAVYCARQY	100
DYDEWDYFDV WQGQTTVTVS SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV	150
KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFFAVLQS SGLYLSLSSV TFPSSSLGTQ	200
TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSCDKTHTC PPCPAPELLG GPSVFLFPFK	250
PKDTLYITRE PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY	300
NSTYRVVSVL TVLHQDMLNG KEYKCKVSNK ALPAIEKTI SKAKGQPREP	350
QVYTLPPSRD ELTKNQVSLT CLVKGFPYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTTTP	400
VLDSDGSFFL YSKLTVDKSR WQQGNVFSCS VMHEALHNHY TQKSLSLSPG	450
K	451
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera	
DIVMSQSPSS LSASVGDRVY ITCSSQSLN NSRTRKNFLA WYQKPGKSP	50
KLLIYWASTR ESGVPDRFSG SSGSDFTLT ISSLPEDFA TTYCKQSFNL	100
FTFGQGTKLE IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVCL LNNFYPREAK	150
VQWKVDNALQ SGNSQESVTE QDSKDSYSL SSTLTLSKAD YEKHKVIYACE	200
VTHQGLSSPV TKSFNRGEC	219
Post-translational modifications	
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro	
Intra-H (C23-C104)	22-96 148-204 265-325 371-429
	22"-96" 148"-204" 265"-325" 371"-429"
Intra-L (C23-C104)	23"-94" 139"-199"
	23"-94" 139"-199"
Inter-H-L (h 5-CL 126)	224-219" 224"-219"
Inter-H-H (h 11, h 14)	230-230" 233-233"
N-terminal glutaminyl cyclization to pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl)	
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 biantennarios complejos fucosilados.	
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal	
H CHS K2:	
451, 451"	

relmacabtagenum autoleu celum #
relmacabtagene autoleu cel

Autologous CD4+ and CD8+ enriched T cells transduced *ex vivo* with a self-inactivating lentivirus vector encoding an anti-CD19 chimeric antigen receptor.

Autologous CD4+ and CD8+ T cells, enriched from peripheral blood mononuclear cells (PBMCs) transduced with a non-replicative self-inactivating (SIN) lentiviral vector encoding a chimeric antigen receptor (CAR) consisting of the human CD19-specific scFv, an IgG4 hinge region, CD28 transmembrane domain, CD137 (4-1BB) co-stimulatory domain and CD3 zeta signalling domain, under the control of a hybrid Elongation Factor 1 alpha (EF1α) and Human T cell Leukemia Virus type 1 (HTLV-1) regulatory element promoter and woodchuck hepatitis virus post-transcriptional regulatory element (WPRe). The vector genome also encodes a truncated human epidermal growth factor receptor (EGFRt) that is co-expressed with the CAR and cleaved from it by the T2A self-cleaving peptide. The vector genome also contains a splice donor, a fragment of *gag*, a Rev response element (RRE), a mutated central polypurine tract (cPPT), and a splice acceptor.

relmacabtagène autoleu cel

Cellules T autologues enrichies en CD4+ et CD8+ transduites *ex vivo* avec un vecteur lentiviral auto-inactifant codant pour un récepteur chimérique dirigé contre l'antigène CD19.

Cellules T CD4+ et CD8+ autologues, enrichies de cellules mononucléaires du sang périphérique (PBMC), transduites avec un vecteur lentiviral auto-inactivable et non répliquatif (SIN) codant pour un récepteur chimérique (CAR) constitué du scFv spécifique de l'antigène CD19 humain, d'une région charnière IgG4, d'un domaine transmembranaire CD28, du domaine co-stimulateur de CD137 (4-1BB) et du domaine de signalisation CD3 zeta, sous le contrôle d'un hybride du facteur d'allongement 1 alpha (EF1α) et du promoteur de l'élément régulateur du virus de la leucémie humaine à cellules T de type 1 (HTLV-1), ainsi que de l'élément régulateur post-transcriptionnel du virus de l'hépatite de la marmotte (WPRE). Le génome du vecteur code également pour un récepteur tronqué du facteur de croissance épidermique humain (EGFRt) qui est co-exprimé avec le CAR et en est relâché par le peptide T2A auto-coupant. Le génome du vecteur contient également un donneur d'épissage, un fragment de gag, un élément de réponse Rev (RRE), un segment central polypurine muté (cPPT) et un accepteur d'épissage.

relmacabtagén autoleucel

Células T autólogas enriquecidas en CD4+ y CD8+ transducidas *ex vivo* con un lentivirus auto-inactivante que codifica un receptor de antígenos quiméricos anti-CD19.

Las células T autólogas CD4+ y CD8+, enriquecidas a partir de células mononucleares de sangre periférica (PBMCs), transducidas con un vector lentiviral no replicativo y auto-inactivante (SIN) que codifica para un receptor de antígenos quimérico (CAR) consistente en un scFv específico de CD19 humano, una región bisagra IgG4, un dominio transmembrana CD28, un dominio co-estimulador CD137 (4-1BB) y un dominio de señalización CD3 zeta, bajo el control de un promotor híbrido del factor de elongación 1 alfa (EF1α) y el elemento regulador del virus de la leucemia de células T de tipo 1 humano (HTLV-1), y elemento regulador post-transcripcional del virus de la hepatitis de la marmota (WPRE). El genoma del vector también codifica para un receptor del factor de crecimiento epidérmico humano truncado (EGFRt) que se coexpresa con el CAR y luego se escinde de él por el péptido de auto escisión T2A. El genoma del vector también contiene un sitio donante de procesamiento (splicing), un fragmento de *gag*, un elemento de respuesta Rev (RRE), un segmento central de polipurinas (cPPT) y un sitio aceptor de procesamiento (splicing).

resiniferatoxinum
resiniferatoxin

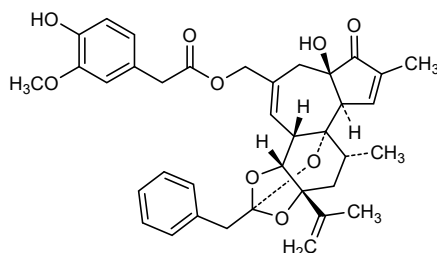
[(2*S*,3*aR*,3*bS*,6*aR*,9*aR*,9*bR*,10*R*,11*aR*)-2-benzyl-6*a*-hydroxy-8,10-dimethyl-7-oxo-11*a*-(prop-1-en-2-yl)-3*a*,3*b*,6,6*a*,9*a*,10,11,11*a*-octahydro-2*H*,7*H*-2,9*b*-epoxyazuleno[5,4-*e*][1,3]benzodioxol-5-yl)methyl (4-hydroxy-3-methoxyphenyl)acetate

résinifératoxine

(4-hydroxy-3-méthoxyphényl)acétate de
[(2*S*,3*aR*,3*bS*,6*aR*,9*aR*,9*bR*,10*R*,11*aR*)-2-benzyl-6*a*-hydroxy-8,10-
diméthyl-7-oxo-11*a*-(prop-1-én-2-yl)-3*a*,3*b*,6,6*a*,9*a*,10,11,11*a*-
octahydro-2*H*,7*H*-2,9*b*-époxyazuléno[5,4-*e*][1,3]benzodioxol-5-
yl]méthyle

resiniferatoxina

(4-hidroxi-3-metoxifenil)acetato de
[(2*S*,3*aR*,3*bS*,6*aR*,9*aR*,9*bR*,10*R*,11*aR*)-2-bencil-6*a*-hidroxi-8,10-
dimetil-7-oxo-11*a*-(prop-1-en-2-il)-3*a*,3*b*,6,6*a*,9*a*,10,11,11*a*-
octahidro-2*H*,7*H*-2,9*b*-epoxiazuleno[5,4-*e*][1,3]benzodioxol-5-il]metilo

C₃₇H₄₀O₉**revakinagenum taroretcelum #**

revakinagene taroretcel

Allogeneic human adult retinal pigment epithelial (RPE) cell line stably transfected with a plasmid encoding human ciliary neurotrophic factor (CNTF).

An allogeneic human adult retinal pigment epithelial (RPE) cell line stably transfected with a plasmid encoding human ciliary neurotrophic factor (CNTF) fused in frame to the murine immunoglobulin mu-factor VDJ4C1 signal peptide, under the control of a mouse metallothionein promoter and a human growth hormone polyadenylation signal. The plasmid also contains three eukaryotic expression cassettes for the selectable markers neomycin resistance, mouse DHFR (dihydrofolate reductase) and HSV-TK (thymidine kinase), plus the bacterial components of the pUC18 backbone, including the ampicillin resistance gene (AmpR), origin of replication (ORI) and LacZ gene (alpha fragment of β-galactosidase).

révakinagène taroretcel

Lignée cellulaire épithéliale allogénique du pigment rétinien humain adulte (EPR) transfectée de façon stable avec un plasmide codant pour le facteur neurotrophique ciliaire humain (CNTF).

Une lignée cellulaire épithéliale allogénique du pigment rétinien humain adulte (RPE) transfectée de manière stable avec un plasmide codant pour le facteur neurotrophique ciliaire humain (CNTF) fusionné dans le cadre de lecture du peptide signal VDJ4C1 du facteur mu d'immunoglobuline murine, sous le contrôle d'un promoteur de la métallothionéine de souris et d'un signal de polyadénylation de l'hormone de croissance humaine. Le plasmide contient également des cassettes d'expression eucaryotes pour trois marqueurs de sélection, à savoir la résistance à la néomycine, la DHFR (réductase du dihydrofolate) et la HSV-TK (kinase de la thymidine) de souris, ainsi que les composants bactériens du plasmide pUC18, dont le gène de résistance à l'ampicilline (AmpR), l'origine de réplication (ORI) et le gène du LacZ (fragment alpha de la β-galactosidase).

revakinagén taroretcel

Línea celular epitelial alogénica de pigmento retiniano adulto (RPE) humano transfectada de forma estable con un plásmido que codifica para el factor neurotrófico ciliar (CNTF) humano.

Una línea celular epitelial alogénica de pigmento retiniano adulto (RPE) humano transfectada de forma estable con un plásmido que codifica para el factor neurotrófico ciliar (CNTF) humano fusionado en marco de lectura al péptido señal VDJ4AC1 del factor mu de la inmunoglobulina murina, bajo el control de un promotor de la metalotionina de ratón y una señal de poliadenilación de la hormona de crecimiento humana. El plásmido contiene también tres casetes de expresión eucariotas para los marcadores de selección de resistencia a neomicina, DHFR (dihidrofolato reductasa) de ratón y HSV-TK (timidín quinasa), más los componentes bacterianos del esqueleto de pUC18, incluyendo el gen de resistencia a ampicilina (AmpR), el origen de replicación (ORI) y el gen LacZ (fragmento alfa de la β -galactosidasa).

rezvilutamidum

rezvilutamide

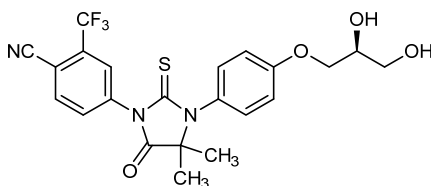
4-(3-{4-[(2S)-2,3-dihydroxypropoxy]phenyl}-4,4-dimethyl-5-oxo-2-sulfanylideneimidazolidin-1-yl)-2-(trifluoromethyl)benzonitrile

rezvilutamide

4-(3-{4-[(2S)-2,3-dihydroxypropoxy]phényl}-4,4-diméthyl-5-oxo-2-sulfanylidèneimidazolidin-1-yl)-2-(trifluorométhyl)benzonitrile

rezvilutamida

4-(3-{4-[(2S)-2,3-dihidroxiopropoxi]fenil}-4,4-dimetil-5-oxo-2-sulfanilidenoimidazolidin-1-il)-2-(trifluorometil)benzonitrilo

$$\text{C}_{22}\text{H}_{20}\text{F}_3\text{N}_3\text{O}_4\text{S}$$


rineterkibum

rineterkib

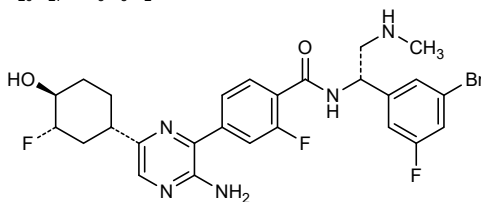
4-{3-amino-6-[(1S,3S,4S)-3-fluoro-4-hydroxycyclohexyl]pyrazin-2-yl}-N-[(1S)-1-(3-bromo-5-fluorophenyl)-2-(methylamino)ethyl]-2-fluorobenzamide

rinéterkib

4-{3-amino-6-[(1S,3S,4S)-3-fluoro-4-hydroxycyclohexyl]pyrazin-2-yl}-N-[(1S)-1-(3-bromo-5-fluorophényl)-2-(méthylamino)éthyl]-2-fluorobenzamide

rineterkib

4-{3-amino-6-[(1S,3S,4S)-3-fluoro-4-hidroxiciclohexil]pirazin-2-il}-N-[(1S)-1-(3-bromo-5-fluorofenil)-2-(metilamino)etil]-2-fluorobenzamida

$C_{26}H_{27}BrF_3N_5O_2$ **rintodestrantum**

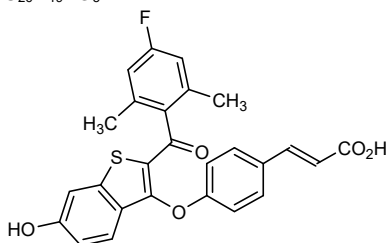
rintodestrant

(2*E*)-3-(4-([2-(4-fluoro-2,6-diméthylbenzoyl)-6-hydroxy-1-benzothiophen-3-yl]oxy)phényl)prop-2-énoïque

rintodestrant

acide (2*E*)-3-(4-([2-(4-fluoro-2,6-diméthylbenzoyl)-6-hydroxy-1-benzothiophén-3-yl]oxy)phényl)prop-2-énoïque

rintodestrant

ácido (2*E*)-3-(4-([2-(4-fluoro-2,6-dimetilbenzoi)-6-hidroxi-1-benzotiofen-3-il]oxi)fenil)prop-2-énoico $C_{26}H_{19}FO_5S$ **roducitabinum**

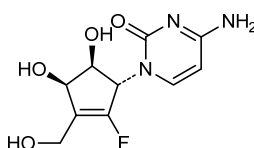
roducitabine

4-amino-1-[(1*S*,4*R*,5*S*)-2-fluoro-4,5-dihydroxy-3-(hydroxyméthyl)cyclopent-2-en-1-yl]pyrimidin-2(1*H*)-one;
4'-a-fluoro-4',4'-a-didehydro-4'-O-carbacytidine

roducitabine

4-amino-1-[(1*S*,4*R*,5*S*)-2-fluoro-4,5-dihydroxy-3-(hydroxyméthyl)cyclopent-2-én-1-yl]pyrimidin-2(1*H*)-one;
4'-a-fluoro-4',4'-a-didéhydro-4'-O-carbacytidine

roducitabina

4-amino-1-[(1*S*,4*R*,5*S*)-2-fluoro-4,5-dihidroxi-3-(hidroximetil)ciclopent-2-en-1-il]pirimidin-2(1*H*)-ona;
4'-a-fluoro-4',4'-a-didehidro-4'-O-carbacitidina $C_{10}H_{12}FN_3O_4$ 

senaparibum

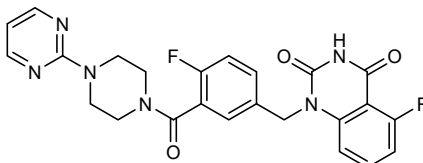
senaparib

5-fluoro-1-({4-fluoro-3-[4-(pyrimidin-2-yl)piperazine-1-carbonyl]phenyl}methyl)quinazoline-2,4(1*H*,3*H*)-dione

sénaparib

5-fluoro-1-({4-fluoro-3-[4-(pyrimidin-2-yl)pipérazine-1-carbonyl]phényl}méthyl)quinazoline-2,4(1*H*,3*H*)-dione

senaparib

5-fluoro-1-({4-fluoro-3-[4-(pirimidin-2-il)piperazina-1-carbonil]fenil}metil)quinazolina-2,4(1*H*,3*H*)-diona $C_{24}H_{20}F_2N_6O_3$ **sivopixantum**

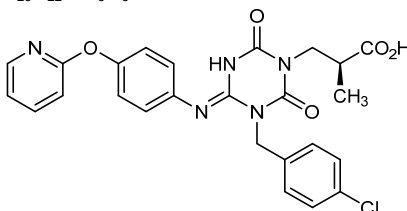
sivopixant

(2*S*)-3-[(4*E*)-3-[(4-chlorophenyl)methyl]-2,6-dioxo-4-({4-[(pyridin-2-yl)oxy]phenyl}imino)-1,3,5-triazinan-1-yl]-2-methylpropanoic acid

sivopixant

acide (2*S*)-3-[(4*E*)-3-[(4-chlorophényl)méthyl]-2,6-dioxo-4-({4-[(pyridin-2-yl)oxy]phényl}imino)-1,3,5-triazinan-1-yl]-2-méthylpropanoïque

sivopixant

ácido (2*S*)-3-[(4*E*)-3-[(4-clorofenil)metil]-2,6-dioxo-4-({4-[(piridin-2-il)oxil]fenil}imino)-1,3,5-triazinan-1-il]-2-metilpropanoico $C_{25}H_{22}ClN_5O_5$ **sizavaleucelum**

sizavaleucel

Allogeneic, HLA-matched CD3+ T-cells, derived from G-CSF mobilized peripheral blood stem cells (PBSC) collected by apheresis. Cells are transplant organ donor-derived, non-cultured and cryopreserved with CD34+ hematopoietic stem cells (HSC) (*firzotemcel* (121)(83)) obtained from the same HLA-matched donor. Intended for delivery to a single HLA-matched recipient.

sizavaleucel

Des cellules T CD3+ allogéniques, exprimant des antigènes HLA compatibles, dérivées de cellules souches du sang périphérique (PBSC) mobilisées par le G-CSF et collectées par aphérèse. Les cellules sont dérivées de donneurs d'organes de transplantation, ne sont pas cultivées et sont cryoconservées avec des cellules souches hématopoïétiques (HSC) CD34+ (*firzotemcel* (121)(83)) qui proviennent du même donneur compatible pour les antigènes HLA. Destinées à être données à un seul receveur compatible pour les antigènes HLA.

sizavaleucel

Células T CD3+ alogénicas, con HLA compatible, derivadas de células madre de sangre periférica (PBSC) movilizadas con G-CSF y recogidas por aféresis. Las células proceden de donantes de órganos para trasplante, no se cultivan y se criopreservan con células madre hematopoyéticas (HSC) CD34+ (*firzotemcel* (121)(83)) obtenidas del mismo donante HLA compatible. Destinadas para administrarse a un sólo receptor HLA compatible.

sotigalimabum #

sotigalimab

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD40 (tumor necrosis factor receptor superfamily member 5, TNFRSF5)], humanized monoclonal antibody; gamma1 heavy chain humanized (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*01 (79.8%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (90.9%)) CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17,1 (CH1 K120 (217) (121-218), hinge 1-15 (219-233), CH2 S29>E (270) (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-215')-disulfide with kappa light chain humanized (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-27*01 (91%) -IGKJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.13] (27-32.50-52.89-101) (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (154), V101 (192) (109'-215')]; dimer (229-229":232-232")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO)-derived cell line, glycoform alfa

sotigalimab

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD40 (membre 5 de la superfamille des récepteurs du TNF, TNFRSF5)], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde gamma1 humanisée (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*01 (79.8%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (90.9%)) CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17,1 (CH1 K120 (217) (121-218), charnière 1-15 (219-233), CH2 S29>E (270) (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-215')-disulfure avec la chaîne légère kappa humanisée (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-27*01 (91%) -IGKJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.13] (27-32.50-52.89-101) (1'-108') (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (154), V101 (192) (109'-215')]; dimère (229-229":232-232")-bisdisulfure, produite dans une lignée cellulaire dérivée des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

Recommended INN: List 85
sotigalimab

WHO Drug Information, Vol. 35, No. 1, 2021

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD40 (miembro 5 de la superfamilia de los receptores del TNF, TNFRSF5)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada gamma1 humanizada (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*01 (79.8%) -(IGHD) - IGHJ1*01 (90.9%)) CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17,1 (CH1 K120 (217) (121-218), bisagra 1-15 (219-233), CH2 S29>E (270) (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-215')-disulfuro con la cadena ligera kappa humanizada (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-27*01 (91%) -IGKJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.13] (27-32.50-52.89-101) (1'-108') (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (154), V101 (192) (109'-215')]; dímero (229-229":232-232")-bisdisulfuro, producido en una línea celular derivada de las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada	
QVQLVESGGG VVQPGRSRLR SCAASGFSFS STYVCWVRQA PGKGLEWIAIC	50
IYTGDTNYS ASWAKGRFTI SKDSSKNTVY LQMNSLRAED TAVYFCARPD	100
ITYGFAINFW GPGTLTVTSS ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK	150
DYFPEPTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT	200
YICNVNHKPS NTKVDKKVEP KSCDKTHTCP PCPAPELLGG PSVFLFPPKP	250
KDTLMISRTPEVTCVVVDVE HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN	300
STYRVVSVLT VLNQDNLNGK EYCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGPREEPQ	350
VYTLPPSRDE LTKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV	400
LDSDGSFFLY SKLTVDKSRW QQGNVFSFCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPGK	450
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera	
DIQMTQSPSS LSASVGRVIT IKCAQSQIS SRLAWYQQKP GKPKLLIYR	50
ASTLASGVPS RFGSGSGSDT FTLTISLQFP EDVATYYCQC TGYGISWPIG	100
GGTKVEIKRT VAAPSFVIFP PSDEQLKSGT ASVVCLLNPF YPREAKVQWK	150
VDNALQSGNS QESVTEQDSK DSTYLSSTL TLSKADYEKH KVYACEVTHQ	200
GLSSPVTKSF NRGECL	215
Post-translational modifications	
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro	
Intra-H (C23-C104)	22-96 35-50 147-203 264-324 370-428
	22"-96" 35"-50" 147"-203" 264"-324" 370"-428"
Intra-L (C23-C104)	23"-88" 135"-195"
	23"-88"" 135"-195""
Inter-H-L (h 5-CL 126)	223-215" 223"-215"
Inter-H-H (h 11, h 14)	229-229" 232-232"
N-terminal glutaminyl cyclization to pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl)	
H VH Q1:	
1, 1"	
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación	
H VH N65:	
58, 58"	
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"	

sotorasibum
sotorasib

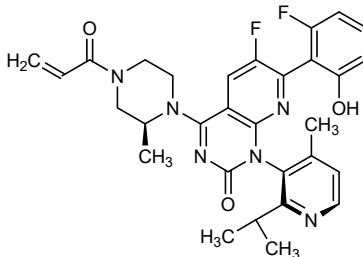
(1*M*)-6-fluoro-7-(2-fluoro-6-hydroxyphenyl)-1-[4-methyl-2-(propan-2-yl)pyridin-3-yl]-4-[(2*S*)-2-methyl-4-(prop-2-enoyl)piperazin-1-yl]pyrido[2,3-*d*]pyrimidin-2(1*H*)-one

sotorasib

(1*M*)-6-fluoro-7-(2-fluoro-6-hydroxyphényl)-1-[4-méthyl-2-(propan-2-yl)pyridin-3-yl]-4-[(2*S*)-2-méthyl-4-(prop-2-énoyl)pipérazin-1-yl]pyrido[2,3-*d*]pyrimidin-2(1*H*)-one

sotorasib

(1*M*)-6-fluoro-7-(2-fluoro-6-hydroxifenil)-1-[4-metil-2-(propan-2-il)piridin-3-il]-4-[(2*S*)-2-metil-4-(prop-2-enoil)piperazin-1-il]pirido[2,3-*d*]pirimidin-2(1*H*)-ona

C₃₀H₃₀F₂N₆O₃

sulanemadlinum

sulanemadlin

C^{2.11}, C^{2.4}-[(4*E*)-undec-4-ene-1,11-diyl](*N*-acetyl-L-leucyl-L-threonyl-L-phenylalanyl-L-alanyl-L-α-glutamyl-L-tyrosyl-L-tryptophyl-L-alanyl-L-glutamyl-L-leucyl-D-alanyl-L-alanyl-L-alanyl-L-alanyl-L-alanyl-L-alanyl-D-alaninamide)

sulanémadline

C^{2.11}, C^{2.4}-[(4*E*)-undéc-4-ène-1,11-diyl](*N*-acétyl-L-leucyl-L-thréonyl-L-phénylalanyl-L-alanyl-L-α-glutamyl-L-tyrosyl-L-tryptophyl-L-alanyl-L-glutamyl-L-leucyl-D-alanyl-L-alanyl-L-alanyl-L-alanyl-L-alanyl-L-alanyl-D-alaninamide)

sulanemadlina

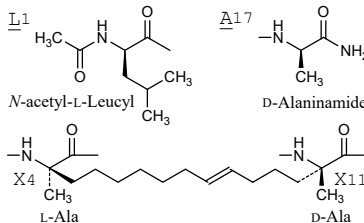
C^{2.11}, C^{2.4}-[(4*E*)-undec-4-eno-1,11-diil](*N*-acetyl-L-leucyl-L-threonyl-L-phenylalanyl-L-alanyl-L-α-glutamyl-L-tyrosyl-L-tryptophyl-L-alanyl-L-glutamyl-L-leucyl-D-alanyl-L-alanyl-L-alanyl-L-alanyl-L-alanyl-L-alanyl-D-alaninamide)

C₉₅H₁₄₀N₂₀O₂₃

Sequence / Séquence / Secuencia

LTFXEYWAQL XAAAAAA

Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados



suntinorextonum

suntinorexton

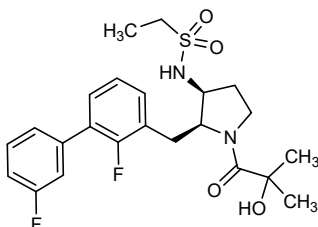
N-[(2*S*,3*S*)-2-[(2,3'-difluoro[1,1'-biphenyl]-3-yl)methyl]-1-(2-hydroxy-2-methylpropanoyl)pyrrolidin-3-yl]ethanesulfonamide

suntinorexton

N-[(2*S*,3*S*)-2-[(2,3'-difluoro[1,1'-biphényl]-3-yl)méthyl]-1-(2-hydroxy-2-méthylpropanoyl)pyrrolidin-3-yl]éthanesulfonamide

suntinorextón

N-[[(2*S*,3*S*)-2-[(2,3'-difluoro[1,1'-bifenil]-3-il)metil]-1-(2-hidroxi-2-metilpropanoil)pirrolidin-3-il]etanosulfonamida

$$\text{C}_{23}\text{H}_{28}\text{F}_2\text{N}_2\text{O}_4\text{S}$$


suratadenoturevum #
suratadenoturev

A replication-competent adenovirus type 5 in which the E1A and E1B genes are under the control of a human telomerase reverse transcriptase (hTERT) and IRES, respectively.

A recombinant replication-competent adenovirus type 5 (Ad-5) in which the E1 gene, including its normal transcriptional regulatory element, has been deleted and replaced by an expression cassette containing an hTERT (human telomerase reverse transcriptase) promoter, the Ad E1A gene, an IRES (internal ribosome entry site) and the Ad E1B gene. E1A expression is controlled by the hTERT promoter; E1B translation is effected by the IRES.

suratadénoturev

Un adénovirus de type 5 réplcatif dans lequel les gènes E1A et E1B sont, respectivement, sous le contrôle de la transcriptase inverse de la télomérase humaine (hTERT) et d'IRES.

Un adénovirus recombinant réplcatif de type 5 (Ad-5) dans lequel le gène E1, y compris son élément normal de régulation de la transcription, a été supprimé et remplacé par une cassette d'expression contenant un promoteur hTERT (transcriptase inverse de la télomérase humaine), le gène Ad E1A, un IRES (site d'entrée interne du ribosome) et le gène Ad E1B. L'expression de E1A est contrôlée par le promoteur hTERT; la traduction de E1B est effectuée par l'IRES.

suratadenoturev

Un adenovirus tipo 5 competente de replicación en el que los genes E1A y E1B están bajo el control de la telomerasa transcriptasa inversa humana (hTERT) e IRES, respectivamente.

Un adenovirus tipo 5 (Ad-5) recombinante competente de replicación en el que el gen E1, incluyendo su elemento de regulación transcripcional normal, ha sido deleccionado y reemplazado por un casete de expresión que contiene un promotor de hTERT (telomerasa transcriptasa inversa humana), el gen Ad E1A, un IRES (sitio interno de entrada al ribosoma) y el gen Ad E1B. La expresión de E1A esta controlada por el promotor hTERT; La traducción de E1B se efectúa por el IRES.

taletrectinibum

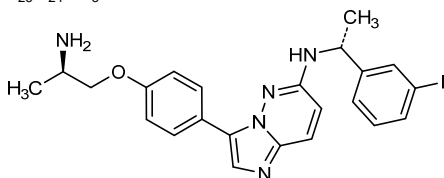
taletrectinib

3-{4-[(2*R*)-2-aminopropoxy]phenyl}-*N*-[(1*R*)-1-(3-fluorophenyl)ethyl]imidazo[1,2-*b*]pyridazin-6-amine

talétrectinib

3-{4-[(2*R*)-2-aminopropoxy]phényl}-*N*-[(1*R*)-1-(3-fluorophényl)éthyl]imidazo[1,2-*b*]pyridazin-6-amine

taletrectinib

3-{4-[(2*R*)-2-aminopropoxi]fenil}-*N*-[(1*R*)-1-(3-fluorofenil)etil]imidazo[1,2-*b*]piridazin-6-aminaC₂₃H₂₄FN₅O**taniraleucelum**

taniraleucel

Allogeneic natural killer (NK) cells derived from CD34+ umbilical cord blood (UCB) hematopoietic stem/progenitor cells.

The cells are expanded and differentiated in the presence of cytokines including thrombopoietin, SCF, Flt3 ligand, IL-7, IL-15 and IL-2 (average population doublings 15) to generate the NK cell population. Cells (on average >95% of the cells) are CD56+/CD3- and have detectable levels of CD94, NKG2D and CD16. The cells secrete IFN-γ, perforin and granzyme B, and have cytolytic activity against human tumour cell lines.

taniraleucel

Cellules tueuses naturelles (NK) allogéniques dérivées de cellules souches/progénitrices hématopoïétiques CD34+ du sang de cordon ombilical (UCB).

Les cellules sont amplifiées et différenciées en présence de cytokines, notamment la thrombopoïétine, le SCF, le ligand de Flt3, l'IL-7, l'IL-15 et l'IL-2 (la population double en moyenne 15 fois) pour générer la population de cellules NK.

Les cellules (en moyenne >95% des cellules) sont CD56+/CD3- et ont des niveaux détectables de CD94, NKG2D et CD16. Les cellules sécrètent l'IFN-γ, la perforine et la granzyme B, et ont une activité cytolytique contre les lignées de cellules tumorales humaines.

taniraleucel

Células natural killer (NK) alogénicas derivadas de células madre/progenitoras hematopoyéticas de sangre de cordón umbilical (UCB).

Las células se expanden y diferencian en presencia de citoquinas incluyendo trombopoyetina, SCF, ligando de Flt3, IL-7, IL-15 e IL-2 (la media de duplicaciones de la población es 15 veces) hasta generar la población de células NK. Las células (como media >95% de las células) son CD56+/CD3- y tienen niveles detectables de CD94, NKG2D y CD16. Las células secretan IFN-γ, perforina y granzima B, y tienen actividad citolítica frente a líneas celulares tumorales humanas.

tarlatamabum

tarlatamab

immunoglobulin scFv-scFv-scFc, anti-[*Homo sapiens* DLL3 (delta-like ligand 3)] and anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], monoclonal antibody single chain (scFv)2-scFc, bispecific; IG single chain scFv-scFv-scFc, anti-DLL3 and anti-CD3E (1-982) [scFv-VH-V-kappa anti-DLL3 (1-241) [VH (*Homo sapiens*IGHV4-59*01 G49>C (44) (96.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.7.12] (26-33.51-57.96-107) (1-118) -15-mer-tris(tetraglycyl-seryl) linker (119-133)-V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3-20*01 (91.7%) -IGKJ2*01 Q120>C (234) (90.9%)) CDR-IMGT [7.3.9] (160-166.184-186.223-231) (134-241)] -6-mer-seryl-tetraglycyl-seryl linker (242-247) -scFv-VH-V-lambda anti-CD3E (248-496) [VH (*Mus musculus*IGHV10-1*02 (91.9%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (86.7%)/*Homo sapiens*IGHV3-73*01 (87.0%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (100%)) CDR-IMGT [8.10.16] (273-280.298-307.346-361) (248-372) -15-mer-tris(tetraglycyl-seryl) linker (373-387) -V-LAMBDA (*Homo sapiens*IGLV7-43*01 (85.1%) -IGLJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [9.3.9] (413-421.439-441.478-486) (388-496)] -4-mer-tetraglycyl linker (497-500) - scFc (h-CH2-CH3)-(h-CH2-CH3) (501-982) [*Homo sapiens*IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 (hinge 6-15 (501-510), CH2 R83>C (572), N84.4>G (577), V85>C (582) (511-620), CH3 E12 (636), M14 (638) (621-725), CHS>del) (501-725) -30-mer-hexakis(tetraglycyl-seryl) linker (726-755) -*Homo sapiens*IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 (hinge 6-15 (756-765), CH2 R83>C (827), N84.4>G (832), V85>C (837) (766-875), CH3 E12 (891), M14 (893) (876-980), CHS (981-982))] (756-982)], non-glycosylated, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells

tarlatamab

immunoglobuline scFv-scFv-scFc, anti-[*Homo sapiens* DLL3 (delta-like ligand 3)] et anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], anticorps monoclonal à chaîne unique (scFv)2-scFc, bispécifique; IG à chaîne unique scFv-scFv-scFc, anti-DLL3 et anti-CD3E (1-982) [scFv-VH-V-kappa anti-DLL3 (1-241) [VH (*Homo sapiens*IGHV4-59*01 G49>C (44) (96.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.7.12] (26-33.51-57.96-107) (1-118) -15-mer-tris(tétraglycyl-séryl) linker (119-133)-V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3-20*01 (91.7%) -IGKJ2*01 Q120>C (234) (90.9%)) CDR-IMGT [7.3.9] (160-166.184-186.223-231) (134-241)] -6-mer-séryl-tétraglycyl-séryl linker (242-247) -scFv-VH-V-lambda anti-CD3E (248-496) [VH (*Mus musculus*IGHV10-1*02 (91.9%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (86.7%)/*Homo sapiens*IGHV3-73*01 (87%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (100%)) CDR-IMGT [8.10.16] (273-280.298-307.346-361) (248-372) -15-mer-tris(tétraglycyl-séryl) linker (373-387) -V-LAMBDA (*Homo sapiens*IGLV7-43*01 (85.1%) -IGLJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [9.3.9] (413-421.439-441.478-486) (388-496)] -4-mer-tétraglycyl linker (497-500) - scFc (h-CH2-CH3)-(h-CH2-CH3) (501-982) [*Homo sapiens*IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 (charnière 6-15 (501-510), CH2 R83>C (572), N84.4>G (577), V85>C (582) (511-620), CH3 E12 (636), M14 (638) (621-725), CHS>del) (501-725) -30-mer-hexakis(tétraglycyl-séryl) linker (726-755) -*Homo sapiens*IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 (charnière 6-15 (756-765), CH2 R83>C (827), N84.4>G (832), V85>C (837) (766-875), CH3 E12 (891), M14 (893) (876-980), CHS (981-982))] (756-982)], non-glycosylé, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO)

tarlatamab

inmunoglobulina scFv-scFv-scFc, anti-[*Homo sapiens* DLL3 (delta-like ligando 3)] y anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 épsilon, Leu-4)], anticuerpo monoclonal con cadena única (scFv)2-scFc, biespecífica; IG con cadena única scFv-scFv-scFc, anti-DLL3 y anti-CD3E (1-982) [scFv-VH-V-kappa anti-DLL3 (1-241) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-59*01 G49>C (44) (96.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.7.12] (26-33.51-57.96-107) (1-118) -15-mer-tris(tetraglicil-seril) linker (119-133)-V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (91.7%) -IGKJ2*01 Q120>C (234) (90.9%)) CDR-IMGT [7.3.9] (160-166.184-186.223-231) (134-241)] -6-mer-seril-tetraglicil-seril linker (242-247) -scFv-VH-V-lambda anti-CD3E (248-496) [VH (*Mus musculus*IGHV10-1*02 (91.9%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (86.7%)/*Homo sapiens* IGHV3-73*01 (87%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (100%)) CDR-IMGT [8.10.16] (273-280.298-307.346-361) (248-372) -15-mer-tris(tetraglicil-seril) linker (373-387) -V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV7-43*01 (85.1%) -IGLJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [9.3.9] (413-421.439-441.478-486) (388-496)] -4-mer-tetraglicil linker (497-500) - scFc (h-CH2-CH3)-(h-CH2-CH3) (501-982) [*Homo sapiens* IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 (bisagra 6-15 (501-510), CH2 R83>C (572), N84.4>G (577), V85>C (582) (511-620), CH3 E12 (636), M14 (638) (621-725), CHS>del) (501-725) -30-mer-hexakis(tetraglicil-seril) linker (726-755) -*Homo sapiens* IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 (bisagra 6-15 (756-765), CH2 R83>C (827), N84.4>G (832), V85>C (837) (766-875), CH3 E12 (891), M14 (893) (876-980), CHS (981-982)) (756-982)]], no glicosilado, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO)

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada				
QVQLQESGPG	LVPKSETLSL	TCTVSGGSIS	SYVNSWIRQP	PGKCLEWIGY 50
VYYSGTTNMY	PSLKSRTVIS	VDTSKNQFSL	KLSSVTAADT	AVYYCASIAV 100
TGFYFDYWQG	GLTLVTVSSGG	GGSGGGSGGG	GGSEIVLTQS	PGTLSLSPGE 150
RVTLSCRASQ	RVNNNYLAWY	QQRPGQAPRL	LIYGASSRAT	GIPDRFSGSG 200
SGTDFTLTIS	RLEPEDFAYV	YQQYDRSFL	TFGCGTKLEI	KSGGGGSEVQ 250
LVESGGGLVQ	PGGSLKLSCA	ASGFTFNKYA	MNWVRQAPGK	GLEWVARIRS 300
KYNNYATYYA	DSVKDRFTIS	RDDSKNTAYL	QMNNLKTEDT	AVYYCVRHGN 350
FGNSYISYWA	YWGQGTIVTV	SSGGGGSGGG	GSGGGGSGTV	VTQEPSLTVS 400
PGGTIVLTGCG	SSTGAVTSGN	YPNWVQKQPG	QAPRLIGGT	KFLAPGTPAR 450
FSGSLLGKKA	ALTLGSGVQPE	DEAEYYQCVLW	YSNRWVFGGG	TKLTVLGGGG 500
DKTHTCPFCF	APELLGGPSV	FLFPPKPKDT	LMISRTPEVT	CVVVDVSHED 550
PEVKFNWYVD	GVEVHNAKTK	PCEEQYGSTY	RCVSVLTVLH	QDWLNGKEYK 600
CKVSNKALPA	PIEKTISKAK	GQPREPQVYT	LPPSREEMTK	NQVSLTCLVK 650
GFYPSDIAVE	WESNGQPENN	YKTTTPVLDL	DGSFFLYSKL	TVDKSRWQQG 700
NVFSQCSVMHE	ALHNHYTQKS	LSLSPGGGGG	GGGGSGGGGS	GGGGSGGGGS 750
GGGGSDKTHT	CPPCPAPELL	GGPSVFLFPP	KPKDTLMISR	TPEVTCVVVD 800
VSHEDPEVKF	NWYVDGVEVH	NAKTKPCEEQ	YGSTYRCVSV	LTVLHQDWLN 850
GKEYKCKVSN	KALPAPIERT	ISKAKGQPRE	PQVYTLPPSR	EEMTKNQVSL 900
TCLVKGFPYS	DIAVEWESNG	QPENNYKTTT	PVLDSGGSFF	LYSKLTVDKS 950
RWQQGNVFSC	SVMHEALHNH	YTKSLSLSP	GK	982
Post-translational modifications				
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro				
Intra-V (C23-C104)	22-95	156-222	269-345	409-477
Intra-C (C23-C104)	541-601	647-705	796-856	902-960
Intra-CH2 (C83-C85)	572-582	827-837		
Inter-VH-VL (C49-C120)	44-234			
Inter-h11 (h 11 - h 11)	506-761			
Inter-h14 (h 14 - h 14)	509-764			
No N-glycosylation sites / pas de sites de N-glycosylation / ningún posición de N-glicosilación				
CH2 N84.4>G:				
577, 832				
Aglycosylated				
C-terminal lysine clipping / Coupeure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal				
CHS K2:				
982				

tepegfilgrastimum

tepegfilgrastim

human granulocyte colony-stimulating factor (G-CSF, pluripoiétin) short isoform, variant (A¹>M), produced in *Escherichia coli*, pegylated with one *N*-{[α-methylpoly(oxyethylene)-ω-oxy]acetyl}-*N*-[α-methylpoly(oxyethylene)-ω-yl]glycyl group at N² of M¹ (85-95%) or at N⁶ of K¹⁷ (3-13%) or at N⁶ of K²⁴, K³⁵ and K⁴¹ (total not more than 5%);

[1-L-methionine]human granulocyte colony-stimulating factor (G-CSF, pluripoiétin) short isoform, produced in *Escherichia coli*, substituted with one *N*-{[α-methylpoly(oxyethylene)-ω-oxy]acetyl}-*N*-[α-methylpoly(oxyethylene)-ω-yl]glycyl group at N² of Met¹ (85-95%) or at N⁶ of Lys¹⁷ (3-13 %) or one other lysine residue (total not more than 5%)

tepegfilgrastim

isoforme courte du facteur de stimulation des colonies de granulocytes humain (G-CSF, pluripoiétine), variant (A¹>M), produite dans *Escherichia coli*, pégylé avec un groupe *N*-{[α-méthylpoly(oxyéthylène)-ω-oxy]acétyle}-*N*-[α-méthylpoly(oxyéthylène)-ω-yl]glycyle en N² de M¹ (85-95%) ou en N⁶ de K¹⁷ (3-13%) ou en N⁶ de K²⁴, K³⁵ et K⁴¹ (pas plus de 5% au total); [1-L-méthionine]isoforme courte du facteur de stimulation des colonies de granulocytes humain (G-CSF, pluripoiétine), produite dans *Escherichia coli*, substituée par un groupe *N*-{[α-méthylpoly(oxyéthylène)-ω-oxy]acétyle}-*N*-[α-méthylpoly(oxyéthylène)-ω-yl]glycyle en N² du Mét¹ (85-95 %) ou en N⁶ du Lys¹⁷ (3-13 %) ou d'un autre résidu de lysine (pas plus de 5 % au total)

tepegfilgrastim

factor humano de estimulación de colonias de granulocitos (G-CSF, pluripoyetina) isoforma corta, variante (A¹>M), producido en *Escherichia coli*, pegilado con un grupo *N*-{[α-metilpoli(oxietileno)-ω-oxi]acetil}-*N*-[α-metilpoli(oxietileno)-ω-il]glicilo en N² de M¹ (85-95%) o en N⁶ de K¹⁷ (3-13%) o en N⁶ de K²⁴, K³⁵ y K⁴¹ (total no más del 5%); [1-L-metionina]isoforma corta del factor humano de estimulación de colonias de granulocitos (G-CSF, pluripoyetina), producida en *Escherichia coli*, sustituido con un grupo *N*-{[α-metilpoli(oxietileno)-ω-oxi]acetil}-*N*-[α-metilpoli(oxietileno)-ω-il]glicilo en N² de la Met¹ (85-95 %) o en N⁶ de la Lis¹⁷ (3-13 %) o un otro residuo de lisina (total no más del 5 %)

C₈₅₃H₁₃₅₂N₂₂₄O₂₄₇S₉[(C₂H₄O)_{2n}] (n ≈ 400-500)

Sequence / Séquence / Secuencia

M¹EPLGPASSL PQSFLI~~K~~C¹LE QVH~~K~~IQQSDGA ALQE~~K~~LCATY ~~K~~C¹CHPEELVL 50
LGHSLGIPWA PLSSCFPSQAL QLACGLSQLH SGLFLYQGLL QALEGISPEL 100
GPTLDTLQLD VADFATTIWQ QMEELGMAPA LQPTQGAMPA FASAFQRRAG 150
GVLVASHLQS FLEVSYRVLR HLAQF 175

Mutation / Mutation / Mutación

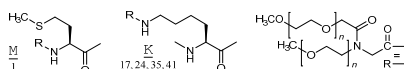
A¹>~~M~~

Post-translational modifications

Disulfide bridge location / Position du pont disulfure / Posición del puente disulfuro
37-43, 65-75

Glycosylation sites / Sites de glycosylation / Posiciones de glicosilación
none / aucune / ninguna

Chemical modification sites / Sites de modification chimique / Posiciones de modificación química
major / principal / mayormente : M¹, K¹⁷;
minor / secondaire / inferior : K²⁴, K³⁵, K⁴¹



tenvumestrocelum

tenvumestrocel

Allogeneic human mesenchymal stromal cells derived from umbilical cord blood (hUCB-MSCs). The cells are isolated by density-gradient centrifugation and expanded by sub-culturing of the adherent cell population. Cells (on average > 95%) express mesenchymal stromal cell related antigens (CD105 and CD73). The cells are also positive for the CD29 antigen (integrin beta-1), the CD44 antigen (cell adhesion glycoprotein), the CD13 and CD90 antigens, and the HLA-ABC histocompatibility antigen. Cells do not express (on average < 1%) hematopoietic antigens (CD45, CD34 and CD14), histocompatibility antigen (HLA-DR), endothelial cell antigen (CD31), osteoclast antigen (CD51/61), and CD64.

tenvumestrocel

Cellules stromales mésenchymateuses humaines allogéniques dérivées du sang de cordon ombilical (hUCB-MSCs). Les cellules sont isolées par centrifugation à gradient de densité et amplifiées par sous-culture de la population des cellules adhérentes. Les cellules (en moyenne > 95%) expriment des antigènes liés aux cellules stromales mésenchymateuses (CD105 et CD73). Les cellules sont également positives pour l'antigène CD29 (intégrine beta-1), l'antigène CD44 (glycoprotéine d'adhésion cellulaire), les antigènes CD13 et CD90, et l'antigène d'histocompatibilité HLA-ABC. Les cellules n'expriment pas (en moyenne < 1%) les antigènes hématopoïétiques (CD45, CD34 et CD14), l'antigène d'histocompatibilité (HLA-DR), l'antigène des cellules endothéliales (CD31), l'antigène des ostéoclastes (CD51/61), ni l'antigène CD64.

tenvumestrocel

Células estromales mesenquimales humanas alogénicas derivadas de sangre de cordón umbilical (hUCB-MSCs). Las células se aíslan por centrifugación en un gradiente de densidad y se expanden mediante subcultivo de las poblaciones adherentes. Las células (de media >95%) expresan los antígenos relacionados con las células estromales mesenquimales (CD105 y CD73). Las células son también positivas para los antígenos CD29 (integrina beta-1), CD44 (receptor de matriz extracelular), CD13 y CD90, y para el antígeno de histocompatibilidad HLA-ABC. Las células no expresan (de media <1%) antígenos hematopoyéticos (CD45, CD34 y CD14), antígeno de histocomaptibilidad (HLA-DR), antígeno de células endoteliales (CD31), antígeno de osteoclastos (CD51/61), ni CD64.

teplinovivintum

teplinovivint

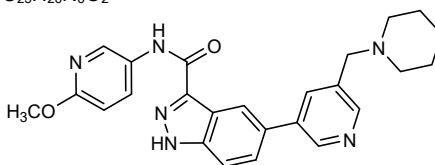
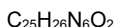
N-(6-methoxy-pyridin-3-yl)-5-[5-[(piperidin-1-yl)methyl]pyridin-3-yl]-1*H*-indazole-3-carboxamide

téplinovivint

N-(6-méthoxy-pyridin-3-yl)-5-[5-[(pipéridin-1-yl)méthyl]pyridin-3-yl]-1*H*-indazole-3-carboxamide

teplinovivint

N-(6-metoxipiridin-3-il)-5-[5-[(piperidin-1-il)metil]piridin-3-il]-1*H*-indazol-3-carboxamida

**terevalefimum**

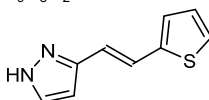
terevalefimum

3-[(1*E*)-2-(thiophen-2-yl)ethen-1-yl]-1*H*-pyrazole

térévaléfim

3-[(1*E*)-2-(thiophén-2-yl)éthén-1-yl]-1*H*-pyrazole

terevalefim

3-[(1*E*)-2-(tiofen-2-il)eten-1-il]-1*H*-pirazol**tilpisertibum**

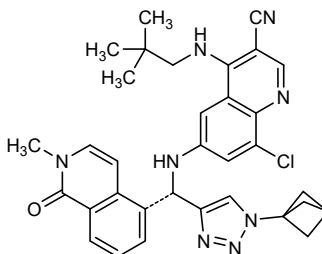
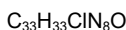
tilpisertib

6-[[[(S)-[1-(bicyclo[1.1.1]pentan-1-yl)-1*H*-1,2,3-triazol-4-yl](2-methyl-1-oxo-1,2-dihydroisoquinolin-5-yl)methyl]amino]-8-chloro-4-[(2,2-dimethylpropyl)amino]quinoline-3-carbonitrile

tilpisertib

6-[[[(S)-[1-(bicyclo[1.1.1]pentan-1-yl)-1*H*-1,2,3-triazol-4-yl](2-méthyl-1-oxo-1,2-dihydroisoquinoléin-5-yl)méthyl]amino]-8-chloro-4-[(2,2-diméthylpropyl)amino]quinoléine-3-carbonitrile

tilpisertib

6-[[[(S)-[1-(biciclo[1.1.1]pentan-1-il)-1*H*-1,2,3-triazol-4-il](2-metil-1-oxo-1,2-dihidroisoquinolein-5-il)metil]amino]-8-cloro-4-[(2,2-dimetilpropil)amino]quinoleína-3-carbonitrilo**tusamitamabum #**

tusamitamab

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CEACAM5 (carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 5, CEA, CD66e)], monoclonal antibody;

	gamma1 heavy chain (1-449) [VH (<i>Mus musculus</i> IGHV5-12-1*01 (86.6%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (92.9%)/<i>Homo sapiens</i> IGHV3-23*01 (77.3%) -(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 (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 kappa light chain (1'-214') [V-KAPPA (<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%)) 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 (229-229":232-232")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO)-derived cell line, glycoform alfa
tusamitamab	immunoglobuline G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> CEACAM5 (molécule d'adhésion cellulaire 5 apparentée à l'antigène carcinoembryonnaire, CEA, CD66e)], anticorps monoclonal; chaîne lourde gamma1 (1-449) [VH (<i>Mus musculus</i> IGHV5-12-1*01 (86.6%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (92.9%)/<i>Homo sapiens</i> IGHV3-23*01 (77.3%) -(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 (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 kappa (1'-214') [V-KAPPA (<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%)) 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 (229-229":232-232")-bisdisulfure, produite dans une lignée cellulaire dérivée des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa
tusamitamab	inmunoglobulina G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> CEACAM5 (molécula de adhesión celular 5 relacionada con el antígeno carcinoembrionario, CEA, CD66e)], anticuerpo monoclonal; cadena pesada gamma1 (1-449) [VH (<i>Mus musculus</i> IGHV5-12-1*01 (86.6%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (92.9%)/<i>Homo sapiens</i> IGHV3-23*01 (77.3%) -(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 (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 kappa (1'-214') [V-KAPPA (<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%)) 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')]; dímero (229-229":232-232")-bisdisulfuro, producido en una línea celular derivada de las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada	
EVQLQESGPG LVKPGGSLSL SCASGTFVFS	SYDMSVVRQT PERGLEWVAY 50
ISSGGGITYA PSTYVKGRFTY SRDAKNTLY	LQWNSLTSED TAVYYCAAHY 100
FGSSGPFAYW GQCTLVTVSS ASTKGPSVFP	LAPSSKSTSG GTAAALGCLVK 150
DYFPEPTVVS WNSGALTSGV HTFFAVLQSS	GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT 200
YICNVNHNKFS NTKVDKKVEP KSCDKTHTCP	PCPAPELLGG PSVFLFPPKP 250
KDTLMISRTPEVTCVVVDVS HEDPEVKFNW	YVDGVEVHNA KTKPREEQYN 300
STYRVVSVILT VLAHQDWLNGK EYKCKVSNKA	LPAPIEKTIK KAKGQPREPQ 350
VYTLPPSRDE LTKNQVSLTC LVKGFYPSDI	AVEWESNGQP ENNYKTTPEV 400
LDSDGSFFLY SKLTVDKSRW QQGNVFSCSV	MHEALHNHYT QKSLSLSPG 449
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera	
DIQMTQSPAS LSASVGDRVT ITCRASENIF	SYLAWYQQKP GKSPKLLVYN 50
TRTLAEGVPS RFSGSGSGTD FSLTISSLQP	EDFATYYCQH HYGTPFTFGS 100
GTKLEIKRTV AAPSVFIFFP SDEQLKSGTA	SVVCLLNIFY PREAKVQMKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSSITLT	LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
LSPSVTKSPN 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°	
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación	
H CH2 N84.4:	
300, 300°	
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados.	

tusamitamabum ravtansinum #
tusamitamab ravtansine

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CEACAM5 (carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 5, CEA, CD66e)], monoclonal antibody, conjugated to maytansinoid DM4; gamma1 heavy chain (1-449) [VH (*Mus musculus* IGHV5-12-1*01 (86.6%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (92.9%)]/*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (77.3%) -(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 (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 kappa light chain (1'-214') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV12-44*01 (87.4%) -IGKJ4*01 (100%)]/*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (82.1%) -IGKJ2*02 (90.9%)] CDR-IMGT [6.3.9](27-32.50-52.89-97) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimer (229-229":232-232")-bisdisulfide, produced in a Chinese hamster ovary (CHO) cell line derived from CHO-K1SV, glycoform alfa; conjugated, on an average of 3 to 4 lysyl, to maytansinoid DM4 [N2'- deacetyl-N2'-(4-mercapto-4-methyl-1-oxopentyl)- maytansine] via the reducible SPDB linker [N-succinimidyl 4-(2-pyridyldithio)butanoate] For the *ravtansine* part, please refer to the document "*INN for pharmaceutical substances: Names for radicals, groups and others*"

tusamitamab ravtansine

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CEACAM5 (molécule d'adhésion cellulaire 5 apparentée à l'antigène carcinoembryonnaire, CEA, CD66e)], anticorps monoclonal, conjugué au maytansinoïde DM4; chaîne lourde gamma1 (1-449) [VH (*Mus musculus* IGHV5-12-1*01 (86.6%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (92.9%)]/*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (77.3%) -(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 (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 kappa (1'-214') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV12-44*01 (87.4%) -IGKJ4*01 (100%)]/*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (82.1%) -IGKJ2*02 (90.9%)] 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')];

tusamitamab ravtansina

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CEACAM5 (molécula de adhesión celular 5 con el antígeno carcinoembrionario, CEA, CD66e)], anticuerpo monoclonal, conjugado con maitansinoide DM4;

cadena pesada gamma1 (1-449) [VH (*Mus musculus* IGHV5-12*01 (86.6%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (92.9%)/*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (77.3%) -(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 (217) (121-218), bisagra 1-15 (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 kappa (1'-214') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV12-44*01 (87.4%) -IGKJ4*01 (100%)/*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (82.1%) -IGKJ2*02 (90.9%)) 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 (229-229":232-232")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámsters chinos (CHO) línea celular derivada de CHO-K1SV, forma glicosilada alfa; conjugado, en 3 a 4 residuos lisil por término medio, con maitansinoide DM4 [N2'-deacetil-N2'-(4-mercapto-4-metil-1-oxopentil)- maitansina] mediante un conector SPDB reducible [4-(2- pirididitio)butanoato de N-succinimidilo] Para la fracción ravtansina, se ruega referirse al documento "INN for pharmaceutical substances: Names for radicals, groups and others"

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

```
EVQLQESGPG LVKPGGSLSL SCAASGFVFS SYDMSWVRQT PERGLEWVAY 50
ISSGGGITYA PSTVKGRTFTV SRDNAKNTLY LQNSLTSED TAVYICAAHY 100
FGSGGPFAYW GQGTLVITYSS ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK 150
DYFPEPTVTS WNSGALTSGV HTFFAVLQSS GLYSLSVVT VPSSSLGTQT 200
YICNVNHKPS NTKVDKKVEP KSCDKHTTCP PCPAPPELLG PSVFLPPPK 250
KDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA KTKPREEQYN 300
STYRVVSVLT VLHQDWLNGK EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ 350
VYTLPPSRDE LTKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV 400
LDSGGSFFLY SKLTVDKSRW QQGNVFCSSV MHEALHNHHT QKSLSLSPG 449
```

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

```
DIQMTQSPAS LSASVGDRTV ITCRASENIF SYLAWYQRP GKSPKLLVYN 50
TRTLAEGVPS RFSGSGSGTD FSLTISSIQP EDFATYYCOH HYGTPTFEPS 100
GTKLEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQNKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEIC 214
```

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-96 147-203 264-324 370-428
 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, h14) 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 biantenarijos complejos fucosilados.

For the ravtansine part, please refer to the document "INN for pharmaceutical substances:

Names for radicals, groups and others"

Pour la partie ravtansine, veuillez-vous référer au document "INN for pharmaceutical substances:

Names for radicals, groups and others"

Para la fracción ravtansina, se ruega referirse al documento "INN for pharmaceutical substances:

Names for radicals, groups and others"

upifitamab rilsodotinum

upifitamab rilsodotin

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* SLC34A2 (solute carrier family 34 sodium phosphate member 2, sodium/phosphate cotransporter 2B, NaPi2b, NaPi3b, NAPI-3B)], monoclonal antibody, conjugated, via a thioether bond, to 3 to 5 flexible polymers PHF-BA-EG2-MI-AF-HPA-Ala, each comprising maleimide (MI) bioconjugation linkers and 3 to 4 auristatin F- hydroxypropylamide-L-alanine (AF-HPA-Ala), with a drug ratio of 12:1 to 15:1;

	gamma1 heavy chain (1-449) [VH (<i>Homo sapiens</i>IGHV1-46*01 (81.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%)) CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108) (1-119) -glycinyI (120) -<i>Homo sapiens</i>IGHG1*03 (100%), G1m3, nG1m1 (CH1 R120 (217) (121-218), hinge 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS K>del (449)) (121-449)], (223-215')-disulfide with kappa light chain (1'-215') [V-KAPPA (<i>Mus musculus</i>IGKV10-94*01 (84.2%) -IGKJ5*01 (91.7%)/<i>Homo sapiens</i>IGKV1-33*01 (83.2%) -IGKJ2*01 (90.9%)) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1'-107') -arginyI (108') -<i>Homo sapiens</i>IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (154), V101 (192) (109'-215')]; dimer (229-229":232-232")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa; conjugated, via a thioether bond, from 3 to 5 flexible biodegradable polymers, poly(1-hydroxymethylethylene hydroxymethyl-formal) (PHF)-BA-EG2-MI-AF-HPA-Ala, each comprising maleimide (MI) conjugation linkers and 3 to 4 cytotoxic auristatin F- hydroxypropylamide-L-alanine (AF-HPA-Ala), with a drug ratio of 12:1 to 15:1
upifitamab rilsodotone	immunoglobuline G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> SLC34A2 (membre 2 de la famille 34 sodium phosphate de transporteurs de solutés, cotransporteur 2B de sodium/phosphate, NaPi2b, NaPi3b, NAPI-3B)], anticorps monoclonal, conjugué, via une liaison thiéther, à 3 à 5 polymères flexibles PHF-BA-EG2-MI-AF-HPA-Ala, comprenant chacun des linkers de bioconjugaison maléimide (MI) et 3 à 4 auristatine F- hydroxypropylamide-alanine (AF-HPA-Ala), dans un rapport produit actif de 12:1 à 15:1; chaîne lourde gamma1 (1-449) [VH (<i>Homo sapiens</i>IGHV1-46*01 (81.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%)) CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108) (1-119) -glycinyI (120) -<i>Homo sapiens</i>IGHG1*03 (100%), G1m3, nG1m1 (CH1 R120 (217) (121-218), charnière 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS K>del (449)) (121-449)], (223-215')-disulfure avec la chaîne légère kappa (1'-215') [V-KAPPA (<i>Mus musculus</i>IGKV10-94*01 (84.2%) -IGKJ5*01 (91.7%)/<i>Homo sapiens</i>IGKV1-33*01 (83.2%) -IGKJ2*01 (90.9%)) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1'-107') -arginyI (108') -<i>Homo sapiens</i>IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (154), V101 (192) (109'-215')]; dimère (229-229":232-232")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa; conjugué, via une liaison thiéther, de 3 à 5 polymères flexibles biodégradables poly(1-hydroxyméthyléthylène hydroxyméthyl-formal) (PHF)-BA-EG2-MI-AF-HPA-Ala, comprenant chacun des linkers de conjugaison maléimide (MI) et 3 à 4 auristatine F- hydroxypropylamide-L-alanine (AF-HPA-Ala) cytotoxiques, dans un rapport produit actif de 12:1 à 15:1
upifitamab rilsodotina	inmunoglobulina G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> SLC34A2 (miembro 2 de la familia 34 sodio fosfato de transportadores de solutos, cotransportador 2B de sodio/fosfato, NaPi2b, NaPi3b, NAPI-3B)], anticuerpo monoclonal, conjugado, a través de un enlace tioéter, de 3 a 5 polímeros flexibles PHF-BA-EG2-MI-AF-HPA-Ala, que comprende cada uno de los enlaces de bioconjugación maleimida (MI) y 3 a 4 auristatina F- hidroxipropilamida-L-alanina (AF-HPA-Ala), en una relación de principio activo de 12:1 a 15:1;

cadena pesada gamma1 (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (81.6%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%)) CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108) (1-119) -glicinil (120) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%), G1m3, nG1m1 (CH1 R120 (217) (121-218), bisagra 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS K>del (449)) (121-449)], (223-215')-disulfuro con la cadena ligera kappa (1'-215') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV10-94*01 (84.2%) -IGKJ5*01 (91.7%)/*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (83.2%) -IGKJ2*01 (90.9%)) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1'-107') -arginil (108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (154), V101 (192) (109'-215')]; dímero (229-229":232-232")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa; conjugado; a través de un enlace tioéter, a 3 a 5 polímeros flexibles biodegradables poli(1-hidroximetil-etileno hidroximetil-formal) (PHF)-BA-EG2-MI-AF-HPA-Ala, que comprende cada uno de los enlaces de conjugación maleimida (MI) y 3 a 4 auristatina F- hidroxipropilamida-L-alanina (AF-HPA-Ala) citotóxicos, en una relación de principio activo de 12:1 a 15:1

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada			
QVQLVQSGAE	YVFGKASVWG	SKAGSYTET	GYNHVWVKQA PGGLLEWIGA 50
QVQLVQSGAE	YVFGKASVWG	TAFTSTSTET	MELSLSLRSD SAYVYCAEQE 100
TARATAYVGG	QCTLVTVSSG	ATDGTGVVFP	LAPSSKTSFG TAAIGLCGLV 150
DYFPEPVTVS	WNSGALSTQV	HTPAPVLQSS	GLYLSLVSVP PVSSSLGTQT 200
KDTIMNHKPS	KTDVKKRVPE	KSCKTCTPCT	PCPAPELLGG PSVFLFPFK 250
KDTIMLIRTP	EYVCTVVVDV	HEDDPVKFNV	YDGVVEVHNA TKTPREEQYN 300
STRVRSVLST	VLHQDVLNKG	EYKGVNKAQA	LPAPDKETS KAKGQEPQF 350
VLTPVLPSSRE	NKTMQVSLST	LKGVNFSVST	AVWESNNGQP ENNNYKTPPV 400
LDSDGSGFLY	SKLTVDQSKR	OVQGVFSCSV	MHEALNNHYT QKSLSLSGP 449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

DIQMTPSPSS	LRASVGVDRT	ITLCSASDGI	NFLNMYQQP	GKTVKVLIYY	50
TSLSLKGKPP	LFSGSGSGDT	YTLTISLSLQ	EDFATYVQKQ	YSKLPFLFWQ	100
GKTLKELKRT	VAAPSVFIFP	PSDEQLKSGT	ASVCLVLIINF	YPREAKVFKG	150
VDNALQSGNS	QSVTEVDQSK	DSTYLSLSTL	TLSKADYEKH	KYACEVYTBQ	200
GLSDPVKVSF	NRQEG				215

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° 135°-195°
23^m-88^m 135^m-195^m

Inter-H-L (h 5-CL 126)* 223-215' 223"-215'''

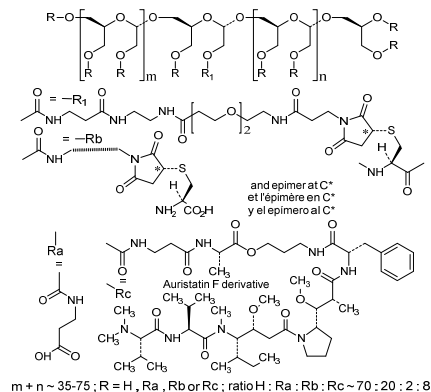
Inter-H-I (h 11, h 14)* 229-229" 232-232"

*Two or three of the inter-chain disulfide bridges are not present, 3 to 5 cysteinyl being conjugated each via a thioether bond to one maleimide linker of one flexible polymer comprising 3 to 4 drug units.

*Deux ou trois des ponts disulfures inter-chaînes ne sont pas présents, 3 to 5 cystéinyl étant chacun conjugué via une liaison thioéther à un linker-maléimide d'un polymère flexible comprenant 3 à 4 unités de principe actif.

*Faltan dos o tres puentes disulfuro inter-catenarios, 3 a 5 cisteinil está conjugada a conectores de un polimero flexible que contiene 3 a 4 unidades de principio activo.

Modified residues / résidus modifiés / restos modificados:



N-terminal glutaminyl cyclization to pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl)

N-termina
L VH Q1:
L 1"

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

HCH₂N_{84.4}:

300,300"

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

bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados.

ursodoxicoltaurinum

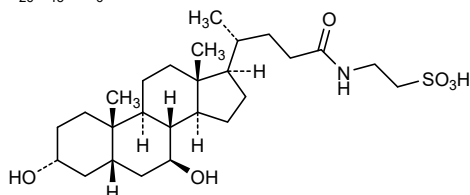
ursodoxicoltaurine

2-(3 α ,7 β -dihydroxy-5 β -cholan-24-amido)ethane-1-sulfonic acid

ursodoxicoltaurine

acide 2-(3 α ,7 β -dihydroxy-5 β -cholan-24-amido)éthane-1-sulfonique

ursodoxicoltaurina

ácido 2-(3 α ,7 β -dihidroxi-5 β -colan-24-amido)etano-1-sulfónicoC₂₆H₄₅NO₆S**vamifeportum**

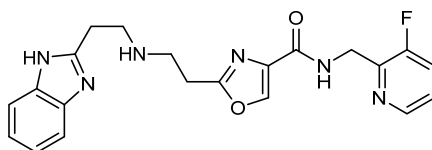
vamifeport

2-(2-[[2-(1*H*-benzimidazol-2-yl)ethyl]amino]ethyl)-*N*-[(3-fluoropyridin-2-yl)methyl]-1,3-oxazole-4-carboxamide

vamiféport

2-(2-[[2-(1*H*-benzimidazol-2-yl)éthyl]amino]éthyl)-*N*-[(3-fluoropyridin-2-yl)méthyl]-1,3-oxazole-4-carboxamide

vamifeport

2-(2-[[2-(1*H*-benzimidazol-2-il)etil]amino]etil)-*N*-[(3-fluoropiridin-2-il)metil]-1,3-oxazol-4-carboxamidaC₂₁H₂₁FN₆O₂**venadaparibum**

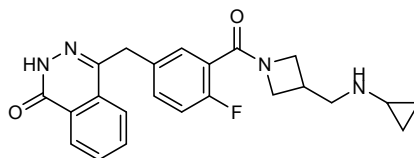
venadaparib

3⁴-fluoro-7-aza-1(1)-phthalazina-5(1,3)-azetidina-3(1,3)-benzena-8(1)-cyclopropanaoctaphane-1⁴(1³*H*),4-dione

vénadaparib

3⁴-fluoro-7-aza-1(1)-phthalazina-5(1,3)-azétidina-3(1,3)-benzèna-8(1)-cyclopropanaoctaphane-1⁴(1³*H*),4-dione

venadaparib

3⁴-fluoro-7-aza-1(1)-ftalazina-5(1,3)-azetidina-3(1,3)-bencena-8(1)-ciclopropanaoctafano-1⁴(1³*H*),4-dionaC₂₃H₂₃FN₄O₂

vevorisertibum

vevorisertib

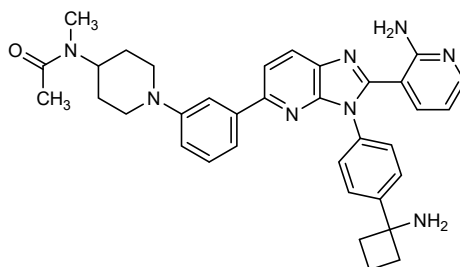
N-[1-(3-{3-[4-(1-aminocyclobutyl)phenyl]-2-(2-aminopyridin-3-yl)-3*H*-imidazo[4,5-*b*]pyridin-5-yl}phenyl)piperidin-4-yl]-*N*-methylacetamide

vévorisertib

N-[1-(3-{3-[4-(1-aminocyclobutyl)phényl]-2-(2-aminopyridin-3-yl)-3*H*-imidazo[4,5-*b*]pyridin-5-yl}phényl)pipéridin-4-yl]-*N*-méthylacétamide

vevorisertib

N-[1-(3-{3-[4-(1-aminociclobutil)fenil]-2-(2-aminopiridin-3-il)-3*H*-imidazo[4,5-*b*]piridin-5-il}fenil)piperidin-4-il]-*N*-metilacetamida

C₃₅H₃₈N₈O**vibapapogenum autoleucelum #**

vibapapogene autoleucel

Autologous peripheral blood mononuclear cells (PBMCs) expressing human papillomavirus types 16 and 18 antigens. Autologous peripheral blood mononuclear cells (PBMCs), specifically B lymphocytes and monocytes that are T-cell depleted, transfected *ex vivo* with a non-replicating adenoviral vector that expresses a codon-optimised fusion of tumour-associated antigens (TAAs) E6 and E7 derived from human papillomavirus (HPV) types 16 and 18 (HPV-16/18 E6/E7). The antigen coding region is preceded by a tPA signal sequence and transcription is under the control of the cytomegalovirus (CMV)-tetracycline 10 promoter and the SV40 poly(A) termination sequence. The vector genome is flanked by inverted terminal repeats and contains an encapsidation signal and a K35 knob.

vibapapogène autoleucel

Cellules mononucléaires du sang périphérique autologues exprimant les antigènes de papillomavirus humains de type 16 et 18. Cellules mononucléaires du sang périphérique autologues, spécifiquement les lymphocytes B et les monocytes qui sont déplétées en lymphocytes T, transfectées *ex vivo* avec une forme non répliquative du vecteur adénoviral exprimant un codon optimisé, fusion des antigènes associés à des tumeurs E6 et E7 dérivés du virus humain du papillome (HPV) types 16 et 18 (HPV-16/18 E6/E7). La région codant l'antigène est précédée d'une séquence signal tPA et la transcription est sous le contrôle du promoteur tétracycline 10 du cytomégalo virus et de la séquence de terminaison poly(A) SV40. Le génome du vecteur est flanqué de répétitions inverses et contient un signal d'encapsidation et un domaine globulaire distal (knob) K35.

vibapapogén autoleucel

Células monucleares de sangre periférica (PBMCs) autólogas que expresan antígenos del papilomavirus humano de tipo 16 y 18.
Células monucleares de sangre periférica (PBMCs) autólogas, específicamente linfocitos B y monocitos que están deplecionadas de células T, transfectadas *ex vivo* con un vector adenoviral no replicativo que expresa una fusión de los antígenos asociados a tumor (TAAs) E6 y E7 derivados del papilomavirus humano (HPV) de tipo 16 y 18 (HPV-16/18 E6/E7), con codones optimizados. La región codificadora de antígeno está precedida por una secuencia señal tPA y la transcripción está bajo el control del promotor de la tetraciclina 10 del citomegalovirus (CMV) y la secuencia poly(A) de terminación del SV50. El genoma del vector está flanqueado por repeticiones invertidas terminales y contiene una señal de encapsidación y un dominio globular distal (knob) K35.

vibosameranum #

vibosameran

Messenger RNA encoding tyrosinase.
Messenger RNA (mRNA), 5'-capped, encoding codon-optimised tyrosinase (monophenol monooxygenase, tumour rejection antigen AB), expressed as a fusion protein comprising tyrosinase, P2P16 tetanus toxoid-derived helper epitopes and a major histocompatibility complex (MHC) class I transmembrane and cytoplasmic domain, connected by two glycine/serine-rich (GS) linker peptides, flanked by 5' and 3' untranslated regions and a 3' poly(A) tail.

vibosamérán

ARN messenger codant pour la tyrosinase.
ARN messenger (ARNm), protégé en 5', codant pour la tyrosinase (monophénol monooxygénase, antigène de rejet de tumeur AB), avec des codons optimisés, exprimé sous la forme d'une protéine de fusion comprenant la tyrosinase, les épitopes auxiliaires P2P16 dérivés de l'anatoxine tétanique et un domaine transmembranaire et cytoplasmique du complexe majeur d'histocompatibilité (CMH) de classe I, reliés par deux peptides de liaison riches en glycine/sérine (GS), flanqués de régions non traduites en 5' et 3' et d'une queue poly(A) en 3'.

vibosamerán

ARN mensajero que codifica para tirosinasa.
ARN mensajero (ARNm), protegido en 5' que codifica para tirosinasa (monofenol monooxigenasa, antígeno de rechazo tumoral AB), con codones optimizados, expresada como una proteína de fusión que consta de la tirosinasa, los epítomos auxiliares P2P16 derivados del toxoide tetánico y un dominio citoplásmico y transmembrana del complejo principal de histocompatibilidad (MHC) de clase I, conectados mediante dos péptidos de enlace ricos en glicina/serina (GS), flanqueado por las regiones 5' y 3' no traducidas y una cola poly(A) en 3'.

vidutolimodum

vidutolimod

immunostimulatory CG-rich palindromic oligodeoxyribonucleotide, flanked by 3'-dG₁₀ and 5'-dG₁₀ decanucleotides:

deca[2'-deoxyguanylyl-(3'→5')]-2'-deoxyguanylyl-(3'→5')-2'-deoxyadenylyl-(3'→5')-2'-deoxycytidylyl-(3'→5')-2'-deoxyguanylyl-(3'→5')-2'-deoxyadenylyl-(3'→5')-thymidylyl-(3'→5')-2'-deoxycytidylyl-(3'→5')-2'-deoxyguanylyl-(3'→5')-thymidylyl-(3'→5')-2'-deoxycytidylyl-(3'→5')-nona[2'-deoxyguanylyl-(3'→5')]-2'-deoxyguanosine

vidutolimod

oligodésoxyribonucléotide palindromique immunostimulateur riche en CG, flanqué de décanucléotides 3'-dG₁₀ et 5'-dG₁₀: déca[2'-désoxyguanylyl-(3'→5')]-2'-désoxyguanylyl-(3'→5')-2'-désoxyadénylyl-(3'→5')-2'-désoxycytidylyl-(3'→5')-2'-désoxyguanylyl-(3'→5')-2'-désoxyadénylyl-(3'→5')-thymidylyl-(3'→5')-2'-désoxycytidylyl-(3'→5')-2'-désoxyguanylyl-(3'→5')-thymidylyl-(3'→5')-2'-désoxycytidylyl-(3'→5')-nona[2'-désoxyguanylyl-(3'→5')]-2'-désoxyguanosine

vidutolimod

oligodesoxirribonucleótido palindrómico inmunoestimulador rico en CG, flanqueado por decanucleótidos 3'-dG₁₀ y 5'-dG₁₀:

deca[2'-desoxiguanilil-(3'→5')]-2'-desoxiguanilil-(3'→5')-2'-desoxiadenilil-(3'→5')-2'-desoxicitidilil-(3'→5')-2'-desoxiguanilil-(3'→5')-2'-desoxiadenilil-(3'→5')-timidilil-(3'→5')-2'-desoxicitidilil-(3'→5')-2'-desoxiguanilil-(3'→5')-timidilil-(3'→5')-2'-desoxicitidilil-(3'→5')-nona[2'-desoxiguanilil-(3'→5')]-2'-desoxiguanosina

C₂₉₇H₃₆₃N₁₃₈O₁₇₈P₂₉

Sequence / Séquence / Secuencia

(3'→5') d(GGGGGGGGGG GACGATCGTC GGGGGGGGGG)**vimseltinibum**

vimseltinib

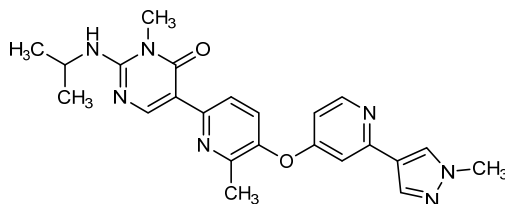
3-methyl-5-(6-methyl-5-[[2-(1-methyl-1*H*-pyrazol-4-yl)pyridin-4-yl]oxy]pyridin-2-yl)-2-[(propan-2-yl)amino]pyrimidin-4(3*H*)-one

vimseltinib

3-méthyl-5-(6-méthyl-5-[[2-(1-méthyl-1*H*-pyrazol-4-yl)pyridin-4-yl]oxy]pyridin-2-yl)-2-[(propan-2-yl)amino]pyrimidin-4(3*H*)-one

vimseltinib

3-metil-5-(6-metil-5-[[2-(1-metil-1*H*-pirazol-4-il)piridin-4-il]oxi]piridin-2-il)-2-[(propan-2-il)amino]pirimidin-4(3*H*)-ona

C₂₃H₂₅N₇O₂

vixarelimabum

vixarelimab

immunoglobulin G4-G1-lambda2, anti-[*Homo sapiens* OSMR (oncostatin M receptor, OSMRB, OSMRbeta)], *Homo sapiens* monoclonal antibody; gamma4-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-8*01 (95.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (95.0%)) CDR-IMGT [8.8.19] (26-33.51-58.97-115) (1-126)-*Homo sapiens* IGHG4*01 CH1-h-CH2, G4v5 h P10, G4v36 CH2 Q84.4 (CH1 (127-224), hinge 1-12 S10>P (234) (225-236), CH2 N84.4>Q (303) (237-346)) -IGHG1*01 CH3-CHS, G1m1 (CH3 D12 (362), L14 (364) (347-451), CHS K>del (452)) (127-452)], (140-215')-disulfide with lambda2 light chain *Homo sapiens* (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-44*01 (90.8%) -IGLJ2*01 (100%)) CDR-IMGT [8.3.11] (26-33.51-53.90-100) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (111'-216')]; dimer (232-232":235-235")-bisdisulfide, non-glycosylated, produced in Chinese hamster ovary (CHO)-DG44i cell line

vixarélimab

immunoglobuline G4-G1-lambda2, anti-[*Homo sapiens* OSMR (récepteur de l'oncostatine M, OSMRB, OSMRbeta)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*; chaîne lourde gamma4-gamma1 *Homo sapiens* (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-8*01 (95.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (95.0%)) CDR-IMGT [8.8.19] (26-33.51-58.97-115) (1-126)-*Homo sapiens* IGHG4*01 CH1-h-CH2, G4v5 h P10, G4v36 CH2 Q84.4 (CH1 (127-224), charnière 1-12 S10>P (234) (225-236), CH2 N84.4>Q (303) (237-346)) (127-346) -IGHG1*01 CH3-CHS, G1m1 (CH3 D12 (362), L14 (364) (347-451), CHS K>del (452)) (347-452)], (140-215')-disulfure avec la chaîne légère lambda2 *Homo sapiens* (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-44*01 (90.8%) -IGLJ2*01 (100%)) CDR-IMGT [8.3.11] (26-33.51-53.90-100) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (111'-216')]; dimère (232-232":235-235")-bisdisulfure, non-glycosylé, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO) lignée cellulaire CHO-DG44i

vixarelimab

inmunoglobulina G4-G1-lambda2, anti-[*Homo sapiens* OSMR (receptor de la oncostatina M, OSMRB, OSMRbeta)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*; cadena pesada gamma4-gamma1 *Homo sapiens* (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-8*01 (95.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (95.0%)) CDR-IMGT [8.8.19] (26-33.51-58.97-115) (1-126)-*Homo sapiens* IGHG4*01 CH1-h-CH2, G4v5 h P10, G4v36 CH2 Q84.4 (CH1 (127-224), bisagra 1-12 S10>P (234) (225-236), CH2 N84.4>Q (303) (237-346)) (127-346) -IGHG1*01 CH3-CHS, G1m1 (CH3 D12 (362), L14 (364) (347-451), CHS K>del (452)) (347-452)], (140-215')-disulfuro con la cadena ligera lambda2 *Homo sapiens* (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-44*01 (90.8%) -IGLJ2*01 (100%)) CDR-IMGT [8.3.11] (26-33.51-53.90-100) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (111'-216')]; dímero (232-232":235-235")-bisdisulfuro, no glicosilado, producido en las células ováricas de hamster chino (CHO) línea celular CHO-DG44i

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCASGYTFT SYEINWVRQA TGGGLEWMMGW 50
 MNPNSGYTGY AQKFGQGRVTM TRDTSISTAY MEMSSLRSED TAVYYCARDI 100
 VAANTDYIFY YGMDVWGQGT TVTVSSASTK GPSVFPLAPC SRSTSESTAA 150
 LGCLVKDYFF EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP AVLQSSGLYS LSSVTVTPSS 200
 SLGTRKTYCN VDHKPSNTKV DKRVESKYGP PCPPCPAPEF LGGPSVFLFP 250
 PKPKDTIMIS RTEVTCVVV DVSQEDPEVQ FNWYVDGVEV HNAKTKFREE 300
 QFQSTYRVVS VLTVLHQDWL NGKEYKCKVS NKGLPSSIEK TISKAKGQPR 350
 EPQVYTLPPS RDELTKQVS LTCLVKGFYP SDIAVEWESN GQFENNYKTT 400
 PFLVDSGDSF FLYSKLTVDK SRWQQGNVFS CSVMHEALHN HYYTKSLSL 450
 PG 452

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

QSVLTQPPSA SGTGQQRVTI SCGSNSNIG SNTVNWHYQL PGTAPKLLIY 50
 NINKRPSGVF DRFSGSKSGS SASLAISGLQ SEDEADYYCS TWDDSLDGVV 100
 FGGGTLKTVL GQPKAAPSVT LPPSSSEELQ ANKATLVCLT SDFYPGAVTV 150
 AWKADSPVK AGVETTPSKS QSNNKYAASS YLSLTPEQWK SHRSYSCQVT 200
 HEGSTVEKTV APTECS 216

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-96 153-209 267-327 373-431

22"-96" 153"-209" 267"-327" 373"-431"

Intra-L (C23-C104) 22"-89" 138"-197"

22"-89" 138"-197"

Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 140-215' 140"-215"

Inter-H-H (h 8, h 11) 232-232" 235-235"

N-terminal glutaminy cyclization to pyroglutamy (pE, 5-oxoprolyl)

H VH Q1:

I, I"

L VL Q1:

I', I'"

No N-glycosylation sites / pas de sites de N-glycosylation / ningun posición de N-glicosilación
 H CH2 N84.4-Q (303)

Aglycosylated

vocacapsaicinum

vocacapsaicin

rac-2-methoxy-4-[[[(6*E*)-8-methylnon-6-enamido]methyl]phenyl] (2*R*)-
 [(methylamino)methyl]piperidine-1-carboxylate

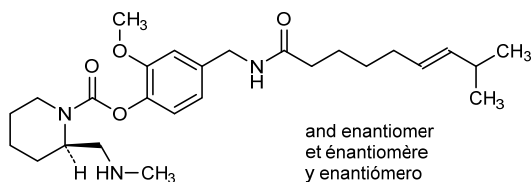
vocacapsaïcine

rac-(2*R*)-2-[(méthylamino)méthyl]pipéridine-1-
 carboxylate de 2-méthoxy-4-[[[(6*E*)-8-méthylnon-6-
 énamido]méthyl]phényle

vocacapsaïcina

rac-(2*R*)-2-[(metilamino)metil]piperidina-1-carboxilato
 de 4-[[[(6*E*)-8-metilnon-6-enamido]metil]-2-metoxifenilo

C₂₆H₄₁N₃O₄



vodobatinibum

vodobatinib

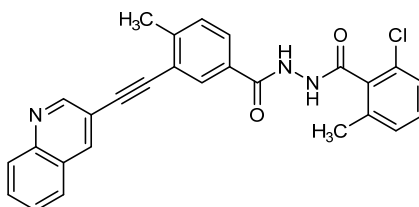
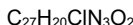
2-chloro-6-methyl-*N'*-(4-methyl-3-[(quinolin-3-yl)ethynyl]benzoyl)benzohydrazide

vodobatinib

2-chloro-6-méthyl-*N'*-(4-méthyl-3-[(quinoléin-3-yl)éthynyl]benzoyl)benzohydrazide

vodobatinib

2-cloro-6-metil-*N'*-(4-metil-3-[(quinolein-3-il)etini]benzoil)benzohidrazida



vudalimabum

vudalimab

immunoglobulin half-IG G1-kappa/scFv-h-CH2-CH3, anti-[*Homo sapiens* CTLA4 (cytotoxic T-lymphocyte-associated protein 4, CD152)] and anti-[*Homo sapiens* PDCD1 (programmed cell death 1, PD-1, PD1, CD279)], monoclonal antibody, bispecific; gamma1 heavy chain anti-CTLA4 (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-48*03 (90.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)(1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 (CH1 N114>D (209) R120>K (215) (119-216), hinge 1-15 (217-231), CH2 E1.4,L1.3>P (234), L1.2>V (235), G1.1>A (236), S29>K (267), Q84.2>E (295) (232-340), CH3 E12 (356), M14 (358), L24>D (368), K26>S (370), N44>D (384), Q97>E (418), N100>D (421), M107>L (428), N114>S (434) (341-445), CHS (446-447)) (119-447)], (221-215')-disulfide with kappa light chain anti-CTLA4, *Homo sapiens* (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (99.0%) -IGKJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [7.3.9] (27-33.51-53.90-98) (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (154), V101 (192) (109'-215')]; IG scFv-h-CH2-CH3 single chain, anti-PDCD1 (1"-480") [scFv V-kappa-VH anti-PDCD1 (1"-249") [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (80.0%) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1"-107") -20-mer tetrakis(glycyl-lysyl-prolyl-glycyl-seryl) linker (108"-127") -VH (*Mus musculus* IGHV6-6*02 (87.0%) -(IGHD) -IGHJ1*03 (86.7%)/*Homo sapiens* IGHV3-15*07 (81.8%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.10.13] (153-160.178-187.226-238) (128"-249")] -*Homo sapiens* IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 (250"-480") [hinge 1-15 C5>S (254) (250-264) -CH2 E1.4,L1.3>P (267), L1.2>V (268), G1.1>A (269), S29>K (300) (265-373), CH3 E12 (389), E13>Q (390), M14 (391), S20>K (397), M107>L (461), N114>S (467) (374-478), CHS (479-480)]]; dimer (227-260":230-263")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO)-S cell line, glycoform alfa

vudalimab

immunoglobuline demi-IG G1-kappa/scFv-h-CH2-CH3, anti-[*Homo sapiens* CTLA4 (protéine 4 associée aux lymphocytes T cytotoxiques, CD152)] et anti-[*Homo sapiens* PDCD1 (protéine 1 de mort cellulaire programmée, PD-1, PD1, CD279)], anticorps monoclonal, bispécifique;

chaîne lourde gamma1 anti-CTLA4, (1-447) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-48*03 (90.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107) (1-118) -*Homo sapiens*IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 (CH1 N114>D (209) R120>K (215) (119-216), charnière 1-15 (217-231), CH2 E1.4,L1.3>P (234), L1.2>V (235), G1.1>A (236), S29>K (267), Q84.2>E (295) (232-340), CH3 E12 (356), M14 (358), L24>D (368), K26>S (370), N44>D (384), Q97>E (418), N100>D (421), M107>L (428), N114>S (434) (341-445), CHS (446-447)) (119-447)], (221-215')-disulfure avec la chaîne légère kappa anti-CTLA4,*Homo sapiens* (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3-20*01 (99.0%) -IGKJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [7.3.9] (27-33.51-53.90-98) (1'-108') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (154), V101 (192) (109'-215')]; IG scFv-h-CH2-CH3 chaîne unique, anti-PDCD1 (1"-480") [scFv V-kappa-VH anti-PDCD1 (1"-249") [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3-15*01 (80.0%) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1"-107") -20-mer tétrakis(glycyl-lysyl-prolyl-glycyl-séryl) linker (108"-127") - VH (*Mus musculus*IGHV6-6*02 (87.0%) -(IGHD) -IGHJ1*03 (86.7%)/*Homo sapiens*IGHV3-15*07 (81.8%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.10.13] (153-160.178-187.226-238) (128"-249")]] - *Homo sapiens*IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 (250"-480") [charnière 1-15 C5>S (254) (250-264) -CH2 E1.4,L1.3>P (267), L1.2>V (268), G1.1>A (269), S29>K (300) (265-373), CH3 E12 (389), E13>Q (390), M14 (391), S20>K (397), M107>L (461), N114>S (467) (374-478), CHS (479-480)]; dimère (227-260":230-263")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO) lignée cellulaire CHO-S, glycoforme alfa

vudalimab

immunoglobulina demi-IG G1-kappa/scFv-h-CH2-CH3, anti-[*Homo sapiens*CTLA4 (proteína 4 asociada a los linfocitos T citotóxicos, CD152)] y anti-[*Homo sapiens*PDCD1 (proteína 1 de muerte celular programada, PD-1, PD1, CD279)], anticuerpo monoclonal, biespecífico; cadena pesada gamma1 anti-CTLA4 (1-447) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-48*03 (90.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107) (1-118) -*Homo sapiens*IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 (CH1 N114>D (209) R120>K (215) (119-216), bisagra 1-15 (217-231), CH2 E1.4,L1.3>P (234), L1.2>V (235), G1.1>A (236), S29>K (267), Q84.2>E (295) (232-340), CH3 E12 (356), M14 (358), L24>D (368), K26>S (370), N44>D (384), Q97>E (418), N100>D (421), M107>L (428), N114>S (434) (341-445), CHS (446-447)) (119-447)], (221-215')-disulfuro con la cadena ligera kappa anti-CTLA4,*Homo sapiens* (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3-20*01 (99.0%) -IGKJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [7.3.9] (27-33.51-53.90-98) (1'-108') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (154), V101 (192) (109'-215')]; IG scFv-h-CH2-CH3 cadena única, anti-PDCD1 (1"-480") [scFv V-kappa-VH anti-PDCD1 (1"-249") [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3-15*01 (80.0%) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1"-107") -20-mer tetrakis(glicil-lisil-proil-glicil-seril) linker (108"-127") - VH (*Mus musculus*IGHV6-6*02 (87.0%) -(IGHD) -IGHJ1*03 (86.7%)/*Homo sapiens*IGHV3-15*07 (81.8%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.10.13] (153-160.178-187.226-238) (128"-249")]] - *Homo sapiens*IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 (250"-480") [bisagra 1-15 C5>S (254) (250-264) -CH2 E1.4,L1.3>P (267), L1.2>V (268), G1.1>A (269), S29>K (300) (265-373), CH3 E12 (389), E13>Q (390), M14 (391), S20>K (397), M107>L (461), N114>S (467) (374-478), CHS (479-480)]; dímero (227-260":230-263")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO) línea celular CHO-S, forma glicosilada alfa

1. Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (anti-CTLA4)	
EVQLVESGGG LVKFGSGRL SCRASTGTFP SVTWHVVRQA PCKGLEWVSF	50
ISYDGNKKYY ADSVKGRFTI SRDNAKNSLY LQMSLRAD TAVYYCARTG	100
WLGPFDDYWGQ GTLVTVSSAS TKGFSVFPLA PSKSTSGGT AALGCLVKDY	150
FFEPVTVSMN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL YSLSSVTVTP SSSLGTQTYI	200
CNVNHKPSDT KVDDKVEPKS CDKTHTCPPC PAPPVAGPSV FLFPKPKDT	250
LMISRTPEVT CVVDVKHED PEVKFNWYVD GVEVHNAKT PREEYNSTY	300
RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKALPA PIEKTIISK GQPREPQVYT	350
LPFSREMTK NQVSLTCDVS GFYPSDIAVE WESDGPENN YKTTPEVLDS	400
DGSFFLYSKL TVDKSRWEQG DVFSCSVLHE ALHSHYTQKS LSLSPGK	447
2. Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (anti-CTLA4)	
EIVLTQSPGT LSLSPGERAT LSCRASQSVS SSVLAWYQQK PGQAPRLLIY	50
GAFSRATGIP DRFSGSGSGT DFTLTISRLE PEDFAVYYCQ QYGSSPWTFG	100
QGTKVEIKRT VAAPSVFIFP PSDEQLKSGT ASVVCLLNMF YPREAKVQWK	150
VDNALQSGNS QESVTEQDSK DSTYSLSTSL TSKADYEKH KYVACEVTHQ	200
GLSSPVTKSF NRGEIC	215
3. Chain / Chaîne / Cadena IG scFv-h-CH2-CH3 (anti-PDCD1)	
EIVLTQSPAT LSASFGERVLT LTRCASQSVG NQVAVYQQKQ GQAPRLINNY	50
ASHRVTVGPD RFTVYGGGTE FTLTITISRLS EDFAVYYCQQ DFSSPTFFGG	100
GTKVETKGRK QSGKPGSGKP GSGKPGSEVQ LVESGGGLVH PGGSLRLSCV	150
ASGFTFSNMY MNWVRQAQPK GLEWVAEIRL YSNYNATHYA ESVGRTTIS	200
RDDSKSTLYL QMNNLKTEDT GVYYCTRYG NYGGYFDVWG RGLTVTVSSE	250
PKSSDKTHCT PPCPAPPVAG PSVFLFPKPK KDTLMISRTF EVTCVVVDVK	300
HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN STYRVVSVLT VHLQDWLNGK	350
EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ VYTLPPSREQ MTKNQVKLTG	400
LVKGYPSPDI AVEMESNGQP ENNYKTTFPV LDSDGSFFLY SKLTVDKSRW	450
QQGNVFSCSV LHEALHSHYT QKSLSLSPGK	480
Post-translational modifications	
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro	
Intra-H (C23-C104)	22-96 145-201 261-321 367-425
Intra-L (C23-C104)	23*-89* 135*-195*
Intra-chain 3	23*-88* 149*-225* 294*-354* 400*-458*
Inter-H-L (h 5-CL 126)	221-215*
Inter-H-chain 3 (h 11, h 14)	227-260* 230-263"
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación	
H CH2 N84,4:	
297, 330"	
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, 480"	

zalsenertantum tetraxetantum
zalsenertant tetraxetan

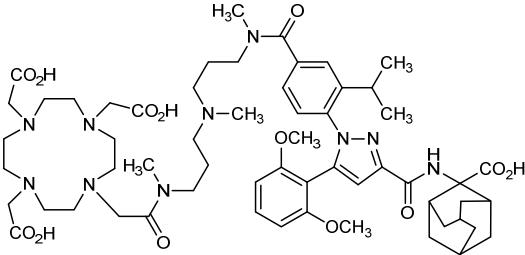
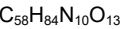
18⁴,18⁷,18¹⁰-tris(carboxymethyl)-4⁵-(2,6-dimethoxyphenyl)-7,11,15-trimethyl-3,6,16-trioxo-5²-(propan-2-yl)-2,7,11,15-tetraaza-18(1)-(1,4,7,10-tetraazacyclododecana)-4(3,1)-pyrazola-1(2)-adamantana-5(1,4)-benzenaoctadecaphane-1²-carboxylic acid

zalsénertant tétraxetan

acide 18⁴,18⁷,18¹⁰-tris(carboxyméthyl)-4⁵-(2,6-diméthoxyphényl)-7,11,15-triméthyl-3,6,16-trioxo-5²-(propan-2-yl)-2,7,11,15-tétraaza-18(1)-(1,4,7,10-tétraazacyclododécana)-4(3,1)-pyrazola-1(2)-adamantana-5(1,4)-benzénoctadécaphane-1²-carboxylique

zalsenertant tetraxetán

ácido 18⁴,18⁷,18¹⁰-tris(carboximetil)-4⁵-(2,6-dimetoxifenil)-7,11,15-trimetil-3,6,16-trioxo-5²-(propan-2-il)-2,7,11,15-tetraaza-18(1)-(1,4,7,10-tetraazaciclododecana)-4(3,1)-pirazola-1(2)-adamantana-5(1,4)-bencenaoctadecafano-1²-carboxílico



zanidatamabum zovodotinum #**zanidatamab zovodotin**

immunoglobulin half-IG G1-kappa/scFv-h-CH2-CH3, 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, biparatopic (targeting two different non-overlapping epitopes on ERBB2, on extracellular domains 2 (ECD2) and 4 (ECD4), respectively), conjugated to auristatin E; gamma1 heavy chain, anti-ERBB2 extracellular domain 2 (ECD2), humanized (1-449) [VH humanized (*Homo sapiens*IGHV3-66*01 (78.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT[8.8.12] (27-34.52-59.98-109) (1-120) -*Homo sapiens*IGHG1*01 G1m17,1 (CH1 K120 (217) (121-218), hinge 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 T6>V (353), L7>Y (354), D12 (359), L14 (361), F85.1>A (408), Y86>V (410) (344-448), CHS K2>del (449)) (121-449)], (223- 215')-disulfide with kappa light chain, anti ERBB2 ECD2, humanized (1'-215') [V-KAPPA humanized (*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (84.2%) -IGKJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (28-33.51-53.90-98) (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (154), V101 (192) (109'-215')]; IG scFv-h-CH2-CH3 single chain, anti-ERBB2 extracellular domain 4 (ECD4), humanized (1"-481") [scFv V-kappa-VH anti-ERBB2 ECD4 (1'-248') [V-KAPPA humanized (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (86.3%) -IGKJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (28-33.51-53.90-98) (1'-108') -20-mer pentakis(diglycyl-seryl-glycyl) linker (109"-128") -VH humanized (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (81.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.8.13] (154-161.179-186.225-237) (129"-248")] -dialanyl linker (249"-250") -*Homo sapiens* IGHG1*01 h-CH2-CH3, G1m1 (251"-481") [hinge 1-15, C5>S (255) (251-265), CH2 (266-375), CH3 T6>V (385), D12 (391), L14 (393), T22>L (401), K79>L (427), T81>W (429) (376-480), CHS K2>del (481)]]; dimer (229-261":232-264")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa, conjugated, on an average of 2 to 3 cysteinyl, to monomethylauristatin E (MMAE), via a cleavable maleimidocaproyl-valyl-citrullinyl-p-aminobenzylcarbonyl (mc-val-cit-PABC) type linker

zanidatamab zovodotine

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, biparatopique (ciblant deux épitopes différents non chevauchants sur ERBB2, respectivement sur les domaines extracellulaires 2 (ECD2) et 4 (ECD4)), conjugué à l'auristatine E; chaîne lourde gamma1 anti-ERBB2 domaine extracellulaire 2 (ECD2), humanisée (1-449) [VH humanisé (*Homo sapiens*IGHV3-66*01 (78.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.8.12] (27-34.52-59.98-109) (1-120) -*Homo sapiens*IGHG1*01 G1m17,1 (CH1 K120 (217) (121-218), charnière 1-15 (219-233), CH2 (234- 343), CH3 T6>V (353), L7>Y (354), D12 (359), L14 (361), F85.1>A (408), Y86>V (410) (344-448), CHS K2>del (449)) (121-449)], (223-215')-disulfure avec la chaîne légère kappa, anti ERBB2 ECD2, humanisée (1'-215') [V-KAPPA humanisé (*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (84.2%) -IGKJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (28-33.51-53.90-98) (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (154), V101 (192) (109'-215')];

IG scFv-h-CH2-CH3 chaîne unique, anti-ERBB2 domaine extracellulaire 4 (ECD4), humanisée (1"-481") [scFv V-kappa-VH anti-ERBB2 ECD4 (1'-248') [V-KAPPA humanisé (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (86.3%) - IGKJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (28-33.51-53.90-98) (1'-108') -20-mer pentakis(diglycyl-seryl-glycyl) linker (109"- 128") -VH humanisé (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (81.6%) -(IGHD) - IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.8.13] (154-161.179-186.225-237) (129"-248")]] -dialanyl linker (249"-250") -*Homo sapiens* IGHG1*01 h-CH2-CH3, G1m1 (251"-481") [charnière 1-15 C5>S (255) (251- 265), CH2 (266-375), CH3 T6>V (385), D12 (391), L14 (393), T22>L (401), K79>L (427), T81>W (429) (376-480), CHS K2>del (481)]]; dimère (229-261":232- 264")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa; conjugué, sur 2 à 3 cystéinyl en moyenne, au monométhylauristatine E (MMAE), via un linker clivable de type maléimidécaproyl-valyl-citrullinyl-*p*-aminobenzylcarbonyl (mc-val-cit-PABC).

zanidatamab zovodotina

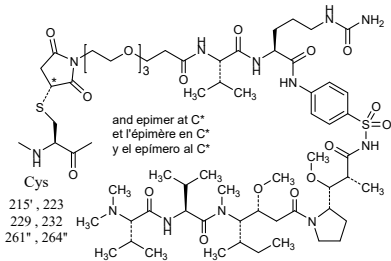
inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ERBB2 (receptor 2 del factor de crecimiento epidérmico, receptor tirosina-proteína kinasa erbB-2, EGFR2, HER2, HER-2, p185c-erbB2, NEU, CD340)], anticuerpo monoclonal humanizado, biparatópico (dirigiendo dos epítomos diferentes no superpuestos sobre ERBB2, respectivamente sobre los dominios extracelulares 2 (ECD2) y 4 (ECD4)), conjugado con la auristatina E; cadena pesada gamma1 anti-ERBB2 dominio extracelular 2 (ECD2), humanizada (1-449) [VH humanizado (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (78.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.8.12] (27-34.52-59.98-109) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17.1 (CH1 K120 (217) (121-218), bisagra 1-15 (219-233), CH2 (234- 343), CH3 T6>V (353), L7>Y (354), D12 (359), L14 (361), F85.1>A (408), Y86>V (410) (344-448), CHS K2>del (449)) (121-449)], (223-215')-disulfuro con la cadena ligera kappa, anti ERBB2 ECD2, humanizada (1'-215') [V-KAPPA humanizado (*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (84.2%) -IGKJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (28-33.51-53.90-98) (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (154), V101 (192) (109'-215')]]; IG scFv-h-CH2-CH3 cadena única, anti-ERBB2 dominio extracelular 4 (ECD4), humanizada (1"-481") [scFv V-kappa-VH anti-ERBB2 ECD4 (1'-248') [V-KAPPA humanizado (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (86.3%) - IGKJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (28-33.51-53.90-98) (1'-108') -20-mer pentakis(diglicil-seril-glicil) linker (109"- 128") -VH humanizado (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (81.6%) -(IGHD) - IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.8.13] (154-161.179-186.225-237) (129"-248")]] -dialanyl linker (249"-250") -*Homo sapiens* IGHG1*01 h-CH2-CH3, G1m1 (251"-481") [bisagra 1-15 C5>S (255) (251- 265), CH2 (266-375), CH3 T6>V (385), D12 (391), L14 (393), T22>L (401), K79>L (427), T81>W (429) (376-480), CHS K2>del (481)]]; dímero (229-261":232- 264")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa; conjugado, sobre 2 a 3 restos cisteinil en término medio, con monometilauristatina E (MMAE), mediante un conector escindible de tipo maleimidécaproyl-valil-citrulinil-*p*-aminobenzilcarbonil (mc-val-cit-PABC).

1. Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada (anti-ERBB2 ECD2)					
GEVQLVESGG	GLVQPGGSLR	LSCAASGFTF	ADYTMDWVRQ	APGKGLEWVG	50
DVNPNSGGSI	YNQRFKGRFT	FSVDRSKNTL	YLQMNSLRAE	DTAVYYCARN	100
LGPSFYFDYW	QGGLTVTVSS	ASTKGPSVFP	LAFSSKSTFG	GTAALGCLVK	150
DYFPEPVTVS	WNSGALTSGV	HTFPAVLQSS	GLYSLSSVVT	VPSSSLGTQT	200
YICNVHKPSS	NTKVDKKVEP	KSCDKHTCF	PCPAPELLGG	PSVFLFPPKP	250
KDTLMISRTP	EVTCTVVVDVS	HEDPEVKFNW	YVDGVEVHNA	KTKPREEQYN	300
STYRVVSVLT	VLHQDWLNGK	EYKCKVSNKA	LPAPTEKTI	KAKGQPREPQ	350
VYVYPPSRDE	LTKNQVSLTC	LVKGFYPSDI	AVEWESNGQP	ENNYKTTTPV	400
LDSDGSFALV	SKLTVDKSRW	QQGNVFSCSV	MHEALHNHYT	QKSLSLSPG	449
2. Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera (anti-ERBB2 ECD2)					
GDIQMTQSPS	SLSASVGDVR	TITCKASQDV	SIGVAMVQQK	PGKAPKLLIY	50
SASVIRITGVP	SRFSGSGSGT	DFTLTISSLQ	PEDFATYYCQ	QYYIYPATFG	100
QGTKVEIKRT	VAAPSFVIFP	PSDEQLKSGT	ASVVCLLNMF	YPREAKVQWK	150
VDNALQSGNS	QESVTEQDSK	DSTYSLSSLT	TLISKADYERH	KVIACEVTHQ	200
GLSSPVTKSF	NRGEC				215
3. Chain / Chaîne / Cadena: IG scFv-h-CH2-CH3 (anti-ERBB2 ECD4)					
GDIQMTQSPS	SLSASVGDVR	TITCKASQDV	NTAVAMVQQK	PGKAPKLLIY	50
SASFLYSGVP	SRFSGSGSGT	DFTLTISSLQ	PEDFATYYCQ	QHYTTPPTFG	100
QGTKVEIKGG	SGGGSGGGSG	GGSGGGSEV	QLVESSGGGLV	PQGGSLRLSC	150
AASGFNIKDT	YIHWRQAPG	KGLEWVARIY	PTNGYTRYAD	SVKGRFTISA	200
DTSKNTAYLQ	MNSLRAEDTA	VYYCSRWGGD	GFYAMDYWGQ	GLTVTVSSAA	250
EPKSSDKTHT	CPPCPAPELL	GGPSVFLFPP	KPKDTLMISR	TPEVTCVVVD	300
VSHEDPEVKF	NWYVDGVEVH	NAKTKPREEQ	YNSTYRVVSV	LTVLHQDWLN	350
GKEYKCKVSN	KALPAPIEKT	ISKAKGQPRE	PQVYVLPFSR	DELTKNQVSL	400
LCLVKGFPYS	DIAVEWESNG	QPENNYLTWP	PVLDSGGSFF	LYSKLTVDKS	450
RWQQGNVFSC	SVMHEALHNH	YTKSKLSLSP	G		481

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-L (C23-C104) 24'-89' 135'-195'
Intra-chain 3 24"-89" 150"-224" 296"-356" 402"-460"
Inter-H-L (h 5-CL 126)* 223-215'
Inter-H-chain 3 (h 11, h 14)* 229-261" 232-264"
*At least two of the three inter-chain disulfide bridges are not present, an average of 2 to 3 cysteinyl being conjugated each via a thioether bond to a drug linker.
*Au moins deux des trois ponts disulfures inter-chaînes ne sont pas présents, 2 à 3 cystéinyl en moyenne étant chacun conjugué via une liaison thioéther à un linker-principe actif.
*Al menos dos de los tres puentes disulfuro inter-catenarios no estan presentes, una media de 2 a 3 cisteinil está conjugada a conectores de principio activo.

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4:
300, 332"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados.

Modified residues / résidus modifiés / restos modificados:



zatolmilastum
zatolmilast

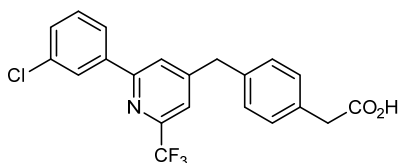
(4-[[2-(3-chlorophenyl)-6-(trifluoromethyl)pyridin-4-yl)methyl]phenyl)acetic acid

zatolmilast

acide (4-[[2-(3-chlorophényl)-6-(trifluorométhyl)pyridin-4-yl]méthyl]phényl)acétique

zatolmilast

ácido (4-[[2-(3-clorofenil)-6-(trifluorometil)piridin-4-il]metil]fenil)acético



zelavespibum

zelavespib

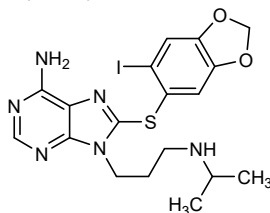
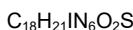
8-[(6-iodo-2*H*-1,3-benzodioxol-5-yl)sulfanyl]-9-{3-[(propan-2-yl)amino]propyl}-9*H*-purin-6-amine

zélavespib

8-[(6-iodo-2*H*-1,3-benzodioxol-5-yl)sulfanyl]-9-{3-[(propan-2-yl)amino]propyl}-9*H*-purin-6-amine

zelavespib

8-[(6-iodo-2*H*-1,3-benzodioxol-5-il)sulfanil]-9-{3-[(propan-2-il)amino]propil}-9*H*-purin-6-amina



zimberelimabum

zimberelimab

immunoglobulin G4-lambda, anti-[*Homo sapiens* PDCD1 (programmed cell death 1, PD-1, PD1, CD279)], *Homo sapiens* monoclonal antibody; gamma4 heavy chain *Homo sapiens* (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-39*01 (87.9%) -(IGHD) - IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [10.7.15] (26-35.53-59.98-112) (1-123)-*Homo sapiens* IGHG4*01 (CH1 (124-221), hinge 1-12 S10>P (231) (222-233), CH2 (234-343), CH3 (344-448), CHS (449-450) (124-450))], (137-215')-disulfide with lambda light chain *Homo sapiens* (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV2-14*01 (94.9%) -IGLJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [9.3.10] (26-34.52-54.91-100) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (111'-216')]; dimer (229-229'':232-232'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO)-K1 cell line, glycoform alfa

zimberélimab

immunoglobuline G4-lambda, anti-[*Homo sapiens* PDCD1 (protéine 1 de mort cellulaire programmée, PD-1, PD1, CD279)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*; chaîne lourde gamma4 *Homo sapiens* (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-39*01 (87.9%) -(IGHD) - IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [10.7.15] (26-35.53-59.98-112) (1-123)-*Homo sapiens* IGHG4*01 (CH1 (124-221), charnière 1-12 S10>P (231) (222-233), CH2 (234-343), CH3 (344-448), CHS (449-450) (124-450))], (137-215')-disulfure avec la chaîne légère

zimberelimab

lambda *Homo sapiens*(1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV2-14*01 (94.9%) -IGLJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [9.3.10] (26-34.52-54.91-100) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (111'-216')]; dimère (229-229":232-232")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO) lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa

immunoglobulina G4-lambda, anti-[*Homo sapiens* PDCD1 (proteína 1 de muerte celular programada PD-1, PD1, CD279), anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*; cadena pesada gamma4 *Homo sapiens* (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-39*01 (87.9%) -IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [10.7.15] (26-35.53-59.98-112) (1-123)-*Homo sapiens* IGHG4*01 (CH1 (124-221), bisagra 1-12 S10>P (231) (222-233), CH2 (234-343), CH3 (344-448), CHS (449-450) (124-450)], (137-215')-disulfuro con la cadena ligera lambda *Homo sapiens* (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV2-14*01 (94.9%) -IGLJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [9.3.10] (26-34.52-54.91-100) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (111'-216')]; dímero (229-229":232-232")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO) línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QLQLQESGPG	LVKPSETLTL	TCTVSADSI	STTYVWVIR	QPPGKGLEWI	50
GSISYSGSTY	YNPSLKSRVT	VSVDTSKNQF	SLKLNSVAAT	DTALYYCARH	100
LGYNRGYLPF	DYWGQGLT	VSSASTKGPS	VFPLAPCSRS	TSESTAALGC	150
LVKDYFPEPV	TVSWNSGALT	SGVHTFPAVL	QSSGLYSLSS	VVTVFSSSLG	200
TKTYTCNVHD	KPSNNTKVDKR	VESKYGPFCF	PCPAPEFLGG	PSVFLFPPKP	250
KDTLMISRTP	EVTCTVVDVS	QEDPEVQFNW	YVDGVEVHNA	KTKPREEQFN	300
STYRVVSVLT	VLHQDWLNGK	EYCKKVSNGK	LPSSIEKTIS	KAKGQPREPQ	350
VYTLPPSQEE	MTKNQVSLTC	LVKGFYPSDI	AVEWESNGQP	ENNYKTTTPV	400
LDSDGSFFLY	SRLTVDKSRW	QEGNVFSCSV	MHEALHNHYT	QKSLSLSLGK	450

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

QSAITQPASV	SGSPGQSITI	SCTGTSSDVG	FYNYVSWYQQ	HPGKAPELMI	50
YDVSNRPSPG	SDRFSGSKSG	NTASLTISGL	QAEDEADYYC	SSYTSISTWV	100
FGGGTKLTVL	GQPKAAPSVT	LFPPSSEELQ	ANKATLVCLI	SDFYPGAATV	150
ANKADSSPVK	AGVETTPPSK	QSNNKYAASS	YLSLTPEQWK	SHRSYSCQVT	200
HEGSTVEKTV	APTECS				216

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104)	22"-97"	150"-206"	264"-324"	370"-428"
	22"-97"	150"-206"	264"-324"	370"-428"

Intra-L (C23-C104)	22"-90"	138"-197"
	22"-90"	138"-197"

Inter-H-L (CH1 10-CL 126)	137"-215"	137"-215"
---------------------------	-----------	-----------

Inter-H-H (h 8, h 11)	229"-229"	232"-232"
-----------------------	-----------	-----------

N-terminal glutaminyl cyclization to pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl)

L VH Q1:

I, I"

L VL Q1:

I', I'''

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

H CH2 N84.4:

300, 300"

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

complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados.

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

H CHS K2:

450, 450"

Please find below the names from proposed INN List 124 – COVID-19 (special edition) that have reached the status of recommended INN. Veuillez trouver ci-dessous les noms de la Liste 124 des DCI proposées – COVID-19 (édition spéciale) ayant atteint le statut de DCI recommandées. Por favor, abajo se encuentran los nombres de la Lista 124 de DCI propuestas – COVID-19 (edición especial) que han alcanzado el estatus de DCI recomendadas.

Latin, English, French, Spanish: <i>Recommended INN</i>	<i>Chemical name or description; Molecular formula; Graphic formula</i>
<i>DCI Recommandée</i>	<i>Nom chimique ou description; Formule brute; Formule développée</i>
<i>DCI Recomendada</i>	<i>Nombre químico o descripción; Fórmula molecular; Fórmula desarrollada</i>

abdavomeranum #

abdavomeran

messenger RNA (mRNA), 5'-capped, encoding the codon-optimised receptor binding domain (RBD) of the SARS-CoV-2 (severe acute respiratory syndrome coronavirus 2, GenBank: MN908947.3) spike (S) glycoprotein, expressed as a fusion protein 5' with an extended S glycoprotein signal peptide and connected 3' by a glycine/serine (GS)-rich linker peptide with a T4 fibrin trimerization domain, flanked by 5' and 3' untranslated regions and a 3' poly(A) tail; contains N1-methylpseudouridine instead of uridine (*all-U>m¹Ψ*).

abdavoméran

ARN messager (ARNm), protégé en 5', codant pour le domaine de liaison au récepteur (RBD) de la glycoprotéine spike (S) du SARS-CoV-2 (coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère, GenBank: MN908947.3) avec des codons optimisés, exprimé comme une protéine de fusion 5'-avec un peptide signal de la glycoprotéine S allongé et lié en 3' par un peptide de liaison riche en glycine / sérine (GS) avec un domaine de trimérisation de la fibrine de T4, flanqué par des régions 5' et 3' non traduites et une queue poly(A); contient de la N1-méthylpseudouridine au lieu de l'uridine (*tout-U>m¹Ψ*).

abdavomerán

RNA mensajero (mRNA), protegido en 5', que codifica para el dominio de unión al receptor (RBD) de la glicoproteína de la espícula (S) de SRAS-CoV-2 (coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo, GenBank: MN908947.3) con codones optimizados, expresado como una proteína de fusión en 5' con un péptido señal de glicoproteína S extendido y conectado en 3' mediante un péptido enlazador (linker) rico en glicina/serina (GS) con un dominio fibrina de trimerización de T4, flanqueado por regiones 5' y 3' no traducidas y una cola poly(A); contiene N1-metilpseudouridina en lugar de uridina (*all-U>m¹Ψ*).

alunacedasum alfa #

alunacedase alfa

human angiotensin-converting enzyme 2 extracellular soluble domain (18-740, 1-723 in the current sequence), dimer, glycosylated, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells; human angiotensin-converting enzyme 2 (ACE2, angiotensin-converting enzyme homolog, ACEH, ACE-related carboxypeptidase, metalloprotease MPROT15, EC:3.4.17.23), soluble extracellular (18-740)-domain of the proprotein, non-covalent dimer, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa

alunacédase alfa	domaine extracellulaire soluble de l'enzyme de conversion de l'angiotensine de type 2 humaine (18-740, 1-723 dans la séquence actuelle), dimère, glycosylé, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO);enzyme de conversion de l'angiotensine de type 2 humaine (ECA2, enzyme de conversion homologue de l'angiotensine, HECA, carboxypeptidase liée à l'ECA, métalloprotéase MPROT15, EC: 3.4.17.23), domaine protéique extracellulaire soluble (18-740), dimère non covalent, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa
alunacedasa alfa	enzima humana convertidora de la angiotensina 2 dominio extracelular soluble (18-740, 1-723 en la secuencia actual) dímero, glicosilado, producido en células ováricas de hámster Chino (CHO); enzima humana convertidora de la angiotensina 2 (ECA2, homólogo enzima covertidora de angiotensina, HECA, ECA-carboxipeptidasa relacionada, metaloproteasa MPROT15, EC:3.4.17.23), soluble extracelular (18-740)-dominio de la proproteína, dímero no covalente, producido en células ováricas de hámster Chino (CHO), glicoforma alfa

Sequence / Séquence / Secuencia

QSTIEEQART	FLDKFNHEAE	DLFYQSSSLAS	WNYNTNITEE	NVQNMNAGD	50
KWSAFLKEQS	TLAQMYPLOE	IQNLTVKLQL	QALQQNGSSV	LSEDKSKRLN	100
TILNTMSTIY	STGKVCNPDN	PQECLLLEPG	LNEIMANSLD	YNERLWAWES	150
WRSEVGRQLR	PLYEYVVLK	NEMARANHYE	DYGDYWRG DY	EVNGVDGYDY	200
SRGQLIEDVE	HTFEEIKPLY	EHLHAYVRAK	LMNAYPSYIS	PIGCLPAHLL	250
GDMWGRFWTN	LYSLTVPFQ	KPNIDVTDAM	VDQAWDAQRI	FKEAEKFVVS	300
VGLPNMTQGF	WENSMITDGP	NVQKAVCHPT	AWDLGKGDFR	ILMCKVTMD	350
DFLTAHHEMG	HIQYDMAYAA	QPFLLRNGAN	EGFHAEVGEI	MSLSAATPKH	400
LKSIGLLSPD	FQEDNTEIN	FLLKQALTIV	GTLPPTYMLE	KWRVMVFKE	450
IPKDQWMKKW	WEMKREIVGV	VEPVPHDETY	CDPASLFHVS	NDYSFIRYTT	500
RTLYQFQFQE	ALCQAAKHG	PLHKCDISNS	TEAGQKLFNM	LRLGKSEFWT	550
LALENVVGAK	NMNVRLPLNY	FEPLFTWLKD	QNKNSFVGWS	TDWSPYADQS	600
IKVRISLKSA	LGDKAYEWN	NEMYLFRSSV	AYAMRQYFLK	VKNQMILFGE	650
EDVRVANLKP	RISFNFFVTA	PKNVSDIIPR	TEVEKAIRMS	RSRINDAFRL	700
NDNSLEFLGI	QPTLGPENQP	PVS			723

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
116-124, 327-344, 513-525 116'-124', 327'-344', 513'-525'
Cys-SH: 244, 481, 244', 481'

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
N36, N73, N86, N305, N415, N529, N36', N73', N86', N305', N415', N529' (97-100% each)
N673, N673' (4% each)

O-glycosylation sites / Sites de O-glycosylation / Posiciones de O-glicosilación
S704, S704' or T713, T713' or S723, S723'

Other modifications: Q1, Q1'>Glp (pyroGlu);
S723, S723': partially clipped (~4%)

atibuclimabum #
atibuclimab

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD14, membrane (mCD14) and soluble (sCD14)], chimeric monoclonal antibody; gamma4 heavy chain chimeric (1-442) [VH *Mus musculus* (Musmus IGHV3-2*02 (95.9%) -(IGHD) -Musmus IGHJ3*01 (92.9%) A128>S (115)) CDR-IMGT [9.7.8] (26-34.52-58.97-104) (1-115) -*Homo sapiens* IGHG4*01 (100%), CH1 (116-213),hinge 1-12 (214-225), CH2 (226-335), CH3 (336-440), CHS (441-442)] (116-442)], (129-218')-disulfide with kappa light chain chimeric (1'-218') [V-KAPPA *Mus musculus* (Musmus IGKV3-5*01 (97.0%) -IGKJ2*01 (100%)) CDR-IMGT [10.3.9] (27-36.54-56.93-101) (1'-111') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (157), V101 (195) (112'-218')]; dimer (221-221":224-224")-bisdisulfide, produced in a Chinese hamster ovary (CHO)-DG44 cell line, glycoform alfa

atibuclimab

immunoglobuline G4-kappa anti-[*Homo sapiens* CD14, membrane (mCD14) et soluble (sCD14)], anticorps monoclonal chimérique; chaîne lourde gamma4 chimérique (1-442) [VH *Mus musculus* (Musmus IGHV3-2*02 (95.9%) -(IGHD) -Musmus IGHJ3*01 (92.9%) A128>S (115)) CDR-IMGT [9.7.8] (26-34.52-58.97-104) (1-115) - *Homo sapiens* IGHG4*01 (100%), CH1 (116-213), charnière 1-12 (214-225), CH2 (226-335), CH3 (336-440), CHS (441-442)) (116-442)], (129-218')-disulfure avec la chaîne légère kappa chimérique (1'-218') [V-KAPPA *Mus musculus* (Musmus IGKV3-5*01 (97.0%) - IGKJ2*01 (100%)) CDR-IMGT [10.3.9] (27-36.54-56.93-101) (1'-111') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (157), V101 (195) (112'-218')]; dimère (221-221":224-224")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO) lignée cellulaire CHO-DG44, glycoforme alfa

atibuclimab

inmunoglobulina G4-kappa anti-[*Homo sapiens* CD14, membrana (mCD14) y soluble (sCD14)], anticuerpo monoclonal quimérico; cadena pesada gamma4 quimérico (1-442) [VH *Mus musculus* (Musmus IGHV3-2*02 (95.9%) -(IGHD) -Musmus IGHJ3*01 (92.9%) A128>S (115)) CDR-IMGT [9.7.8] (26-34.52-58.97-104) (1-115) - *Homo sapiens* IGHG4*01 (100%), CH1 (116-213), bisagra 1-12 (214-225), CH2 (226-335), CH3 (336-440), CHS (441-442)) (116-442)], (129-218')-disulfuro con la cadena ligera kappa quimérica (1'-218') [V-KAPPA *Mus musculus* (Musmus IGKV3-5*01 (97.0%) - IGKJ2*01 (100%)) CDR-IMGT [10.3.9] (27-36.54-56.93-101) (1'-111') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (157), V101 (195) (112'-218')]; dímero (221-221":224-224")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO) línea celular CHO-DG44, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada				
DVQLQQSGPG	LVKPSQSLSL	TCTVTGYSIT	SDSAWNWIRQ	FPGNRLEWMG 50
YISYSGSTSY	NFSLKSRISI	TRDTSKNQFF	LQLNSVTTED	TATYVCVRGL 100
RFAYWGQGTL	VTVSSASTKG	PSVFPLAPCS	RSTSESTAAL	GCLVKDYFPE 150
PVTVSNWSGA	LTSGVHTFPA	VLQSSGLYSL	SSVVTVPSSS	LGTKTYTCNV 200
DHKPSNTKVD	KRVESKYGPP	CPSCPAPEFL	GGPSVFLFPP	KPKDLMISR 250
TEVTVCVVVD	VSQEDPEVQF	NWYVDGVEVH	NAKTKPREEQ	FNSTRVRVSV 300
LTVLHQDWLN	GKEYKCVSN	KGLPSSIEKT	ISKAKQPREP	PQVYTLPPSQ 350
EEMTKNQVSL	TCLVKGFPYS	DIAVEWESNG	QPENNYKTFP	PVLDSGDSFF 400
LYSLRLTVDKS	RWQEGNVFSC	SVMHEALHNH	YTQKSLSLSL	GK 442
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera				
DIVLTQSPAS	LAVSLGQRAT	ISCRASESVD	SYVNSFLHWY	QQKPGQPPKL 50
LIYRASNLQS	GIPARFSGSG	SRTDFTLTIN	FVEADDVATY	YCQQSNEDPY 100
TFGGGKLEI	KRTVAAPSVF	IFPPSDEQLK	SGTASVVCLL	NNFYPREAKV 150
QWKVDNALQS	GNSQESVTEQ	DSKDSTYSLS	STLTLSKADY	EKKKYACEV 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	142-198	256-316	362-420
	22"-96"	142"-198"	256"-316"	362"-420"
Intra-L (C23-C104)	23'-92'	138'-198'		
	23"-92"	138"-198"		
Inter-H-L (CHI 10-CL 126)	129-218"	129"-218"		
Inter-H-H (h 8, h 11)	221-221"	224-224"		
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación				
H CH2 N84.4:				
292, 292"				
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans (G0F predominant) / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés (G0F prédominant) / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados (G0F predominante).				
C-terminal lysine clipping / Coupeure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal				
H CHS K2:				
442, 442"				

bamlanivimabum #

bamlanivimab

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) spike (S) protein], *Homo sapiens* monoclonal antibody; gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-455) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*04 (99.0%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) T123>A (120)) CDR-IMGT [8.8.18] (26-33.51-58.97-114) (1-125) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 (CH1 R120 (222) (126-223), hinge 1-15 (224-238), CH2 (239-348), CH3 E12 (364), M14 (366) (349-453), CHS (454-455)) (126-454)], (228-214')-disulfide with kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (97.9%) -IGKJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimer (234-234'':237-237'')-bisdisulfide, produced in a Chinese hamster ovary (CHO) cell line derived from CHO-K1SV, lacking the glutamine synthetase (GS) gene, glycoform alfa

bamlanivimab

immunoglobuline G1-kappa anti-[*Homo sapiens* protéine spike (S) du coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SARS-CoV-2)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*; chaîne lourde gamma1 *Homo sapiens* (1-455) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*04 (99%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) T123>A (120)) CDR-IMGT [8.8.18] (26-33.51-58.97-114) (1-125) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 (CH1 R120 (222) (126-223), charnière 1-15 (224-238), CH2 (239-348), CH3 E12 (364), M14 (366) (349-453), CHS (454-455)) (126-454)], (228-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (97.9%) -IGKJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimère (234-234'':237-237'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO) dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1SV, ne présentant pas le gène de la glutamine synthétase, glycoforme alfa

bamlanivimab

inmunoglobulina G1-kappa anti-[*Homo sapiens* proteína espícula (S) del coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo (SRAS-CoV-2)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*; cadena pesada gamma1 *Homo sapiens* (1-455) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*04 (99%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) T123>A (120)) CDR-IMGT [8.8.18] (26-33.51-58.97-114) (1-125) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 (CH1 R120 (222) (126-223), bisagra 1-15 (224-238), CH2 (239-348), CH3 E12 (364), M14 (366) (349-453), CHS (454-455)) (126-454)], (228-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (97.9%) -IGKJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dímero (234-234'':237-237'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO) línea celular derivada de CHO-K1SV, en ausencia del gen glutamina sintetasa (GS), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada	
QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGTFS NYAISWVRQA PGQGLEWMGR	50
IIPILGIANV AOKFQGRVTI TADKSTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARGY	100
YEARHYYYYY AMDVWGQGTAT VTVSSASTKG PSVFPLAPSS KSTSGGTAAAL	150
GCLVKDYFPE PVTVSWNSGA LTSGVHTFPA VLQSSGLYSL SSVTVVPSSS	200
LGTQTYICNV NHKPSNTKVD KRVEPKSCDK THTCPFPCAP ELLGGPSVFL	250
FFPKPKDTLM ISRTPEVTCV VVDVSHEDPE VKENWYVDGV EVHNAKTKER	300
EEQYNSTYRV VSVLTVLHQD WLNKEYKCK VSNKALPAPI ERTISKAKGQ	350
PREQVYTLR PSREEMTKNQ VSLTCLVKG FPSDIAVEWE SNGQFENNYK	400
TTPPVLDSDG SFFLYSKLTV DKSRWQQGNV FSCSVMEAL HNHYTQKSL	450
LSPGK	455
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera	
DIQMTQSPFSS LSASVGDRTV ITCRASQGIS SYLSWYQQKPK GKAPKLLIYA	50
ASSLQSGVPS RFGSGSGSDT FTLTITSLQF EDFATYYCQQ SYSTPRTEFGQ	100
GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV	150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG	200
LSSPVTKSFN RGEIC	214
Post-translational modifications	
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro	
Intra-H (C23-C104)	22-96 152-208 269-329 375-433
	22"-96" 152"-208" 269"-329" 375"-433"
Intra-L (C23-C104)	23"-88" 134"-194"
	23"-88" 134"-194"
Inter-H-L (h 5-CL 126)	228-214' 228"-214"
Inter-H-H (h 11, h 14)	234-234" 237-237"
N-terminal glutamine cyclization to pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl)	
H VH Q1:	
1, 1"	
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación	
H CH2 N84.4:	
305, 305"	
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans (G0F predominant) / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés (G0F prédominant) / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados (G0F predominante).	
C-terminal lysine clipping / Coupeure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal	
H CHS K2:	
455, 455"	

casirivimabum #
casirivimab

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) spike (S) protein, receptor binding domain (RBD)], *Homo sapiens* monoclonal antibody; gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-11*01 (96.9%) -(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 (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 kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (96.8%) - IGKJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1'-107") -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimer (229-229":232-232")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa

casirivimab

immunoglobuline G1-kappa anti-[*Homo sapiens* protéine spike (S) du coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SARS-CoV-2), domaine de liaison au récepteur (RBD)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;

casirivimab

chaîne lourde gamma1 *Homo sapiens* (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-11*01 (96.9%) -(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 (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 kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (96.8%) -IGKJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimère (229-229":232-232")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

inmunoglobulina G1-kappa anti-[*Homo sapiens* proteína espícula (S) del coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo (SRAS-CoV-2), dominio de unión al receptor (RBD)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*; cadena pesada gamma1 *Homo sapiens* (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-11*01 (96.9%) -(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 (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 kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (96.8%) -IGKJ4*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 (229-229":232-232")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QVQLVESGSGG	LVKPGGSLRL	SCAASGFTFS	DYYMSWIRQA	PGKGLEWVS	50
ITYSGSTIYY	ADSVKGRFTI	SRDNAKSSLY	LQMSLRAED	TAVVYCARDR	100
GTMVVPFDYW	QGGLTVTVSS	ASTKGPSVFP	LAPSSKSTSG	GTAALGLVKK	150
DYFPEPVTWS	WNSGALTSGV	HTFPAVLQSS	GLYSLSSVVT	VPSSSLGTQT	200
YICNVNHNKPS	NTKVDKKVEP	KSCDKTHCTP	PCPAPELLGG	PSVFLFPPKP	250
KDTLMISRTPE	EVTQCVVDVS	HEDPEVKFNW	YVDGVEVHNA	KTKPREEQYN	300
STYRVVSVLT	VLHQDWLNGK	EYKCKVSNKA	LPAPIETKTS	KAKGQPREPQ	350
VYTLPPSRDE	LTKNQVSLTC	LVKGFYPSDI	AVEWESNGQP	ENNYKTTFPV	400
LDSDGSFFLY	SKLTVDKSRW	QQGNVFSCSV	MHEALHNHYT	QKSLSLSPGK	450

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

DIQMTQSPSS	LSASVGDRTV	ITCQASQDIT	NYLNWYQQKP	GKAPKLLIYA	50
ASNLETGVPS	RFGSGSGTDT	FTFTISGLQP	EDIATYYCQQ	YDNLPLTFGG	100
GTRVEIKRTV	AAPSVFIFPP	SDEQLKSGTA	SVVCLLNNEY	PREAKVQWKV	150
DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD	STYLSSTLT	LSKADYERHK	VYACEVTHQG	200
LSSPVTKSFN	RGEC				214

Post-translational modifications

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

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

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

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

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

N-terminal glutamine cyclization to pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl)

H VH Q1:

I, I"

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 biantenararios complejos fucosilados.

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

H CHS K2:

450, 450"

cilgavimabum

cilgavimab

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) spike (S) protein, receptor binding domain (RBD)], *Homo sapiens* monoclonal antibody; gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-461) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-15*01 (96.0%) - (IGHD) - IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.10.22] (26-33.51-60.99-120) (1-131) -*Homo sapiens* IGHG1*03 G1m3, nG1m1, G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18, G1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116 (CH1 R120 (228) (132-229), hinge 1-15 (230-244), CH2 L1.3>F (248), L1.2>E (249), M15.1>Y (266), S16>T (268), T18>E (270), P116>S (345) (245-354), CH3 E12 (370), M14 (372) (355-459), CHS (460-461)) (132-461)], (234-219')-disulfide with kappa light chain *Homo sapiens* (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (96.0%) - IGKJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [12.3.8] (27-38.56-58.95-102) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (158), V101 (196) (113'-219')]; dimer (240-240":243-243")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa

cilgavimab

immunoglobuline G1-kappa anti-[*Homo sapiens* protéine spike (S) du coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SARS-CoV-2), domaine de liaison au récepteur (RBD)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*; chaîne lourde gamma1 *Homo sapiens* (1-461) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-15*01 (96.0%) - (IGHD) - IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.10.22] (26-33.51-60.99-120) (1-131) -*Homo sapiens* IGHG1*03 G1m3, nG1m1, G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18, G1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116 (CH1 R120 (228) (132-229), charnière 1-15 (230-244), CH2 L1.3>F (248), L1.2>E (249), M15.1>Y (266), S16>T (268), T18>E (270), P116>S (345) (245-354), CH3 E12 (370), M14 (372) (355-459), CHS (460-461)) (132-461)], (234-219')-disulfure avec la chaîne légère kappa *Homo sapiens* (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (96.0%) - IGKJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [12.3.8] (27-38.56-58.95-102) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (158), V101 (196) (113'-219')]; dimère (240-240":243-243")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

cilgavimab

inmunoglobulina G1-kappa anti-[*Homo sapiens* proteína espícula (S) del coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo (SRAS-CoV-2), dominio de unión al receptor (RBD)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*; cadena pesada gamma1 *Homo sapiens* (1-461) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-15*01 (96.0%) - (IGHD) - IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.10.22] (26-33.51-60.99-120) (1-131) -*Homo sapiens* IGHG1*03 G1m3, nG1m1, G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18, G1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116 (CH1 R120 (228) (132-229), bisagra 1-15 (230-244), CH2 L1.3>F (248), L1.2>E (249), M15.1>Y (266), S16>T (268), T18>E (270), P116>S (345) (245-354), CH3 E12 (370), M14 (372) (355-459), CHS (460-461)) (132-461)], (234-219')-disulfuro con la cadena ligera kappa *Homo sapiens* (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (96.0%) - IGKJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [12.3.8] (27-38.56-58.95-102) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (158), V101 (196) (113'-219')]; dímero (240-240":243-243")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
EVQLVESGGG LVKPGGSLRL SCAASGFTFR DVWMSWVRQA PGKLEWVGR 50
IKSKIDGGTT DYAAPVKGRF TISRDDSKNT LYLQMSLKT EDTAVYYCTT 100
AGSYYYDTVG PGLPEGKFDY WQGTLTVTVS SASTKGPSVF FLAPSSKSTS 150
GGTAALGCLV KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS SGLYSLSSVV 200
TVPSSSLGTQ TYICNVNHKP SNTKVDKRV E PKSCDKTHTC PPCPAPEFEG 250
GPSVFLFPPK PKDTLYITRE PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN 300
AKTKPREQY NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYCKVSNK ALPASIEKTI 350
SKAKGQPREP QVYTLPPSRE EMTKNQVSLT CLVKGFFPSD IAVEWESNGQ 400
PENNYKTTFP VLDSGGSFFL YSKLTVDKSR WQQGNVFS CS VMHEALHNNH 450
TQKSLSLSPG K 461

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIVMTQSPDS LAVSLGERAT INCKSSQSVL YSSNNKNYLA WYQKPGQPP 50
KLLMYWASTR ESGVPDRFSG SGSGAEFTLT ISSLQAEDVA IYYCQYYST 100
LTFGGGTKEV IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVCL LNNFYPREAK 150
VQWVKVDNALQ 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) 22-98 158-214 275-335 381-439
22"-98" 158"-214" 275"-335" 381"-439"
Intra-L (C23-C104) 23'-94' 139'-199"
23"-94" 139"-199"
Inter-H-L (h 5-CL 126) 234-219' 234"-219"
Inter-H-H (h 11, h 14) 240-240" 243-243"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4:
311, 311*
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:
461, 461*

dazcapistatum
dazcapistat

rac-N-[(2R)-4-amino-3,4-dioxo-1-phenylbutan-2-yl]-4-(2-fluorophenyl)-2-methyl-1,3-oxazole-5-carboxamide

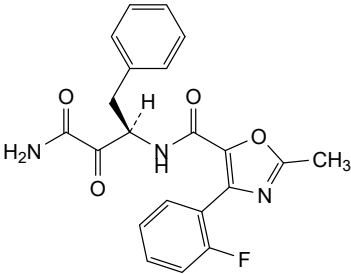
dazcapistat

rac-N-[(2R)-4-amino-3,4-dioxo-1-phénylbutan-2-yl]-4-(2-fluorophényl)-2-méthyl-1,3-oxazole-5-carboxamide

dazcapistat

rac-N-[(2R)-4-amino-3,4-dioxo-1-fenilbutan-2-il]-4-(2-fluorofenil)-2-metil-1,3-oxazol-5-carboxamida

C₂₁H₁₈FN₃O₄



and enantiomer
et énantiomère
y enantiómero

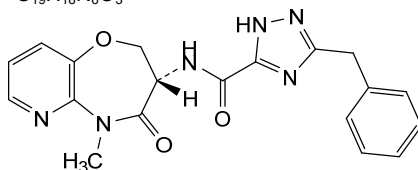
eclitasertibum
eclitasertib

5-benzyl-N-[(3S)-5-methyl-4-oxo-2,3,4,5-tetrahydropyrido[3,2-b][1,4]oxazepin-3-yl]-1H-1,2,4-triazole-3-carboxamide

éclitasertib 5-benzyl-*N*-[(3*S*)-5-méthyl-4-oxo-2,3,4,5-tétrahydropyrido[3,2-*b*][1,4]oxazépin-3-yl]-1*H*-1,2,4-triazole-3-carboxamide

eclitasertib 5-bencil-*N*-[(3*S*)-5-metil-4-oxo-2,3,4,5-tetrahidropirido[3,2-*b*][1,4]oxazepin-3-il]-1*H*-1,2,4-triazol-3-carboxamida

C₁₉H₁₈N₆O₃



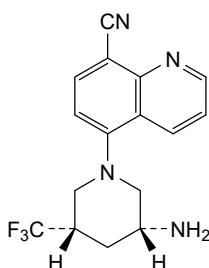
enpatoranum

enpatoran 5-[(3*R*,5*S*)-3-amino-5-(trifluorométhyl)piperidin-1-yl]quinoline-8-carbonitrile

enpatoran 5-[(3*R*,5*S*)-3-amino-5-(trifluorométhyl)pipéridin-1-yl]quinoléine-8-carbonitrile

enpatorán 5-[(3*R*,5*S*)-3-amino-5-(trifluorometil)piperidin-1-il]quinoleína-8-carbonitrilo

C₁₆H₁₅F₃N₄



etesevimabum

etesevimab

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) spike (S) protein, receptor binding domain (RBD)], *Homo sapiens* monoclonal antibody; gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (96.9%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.7.13] (26-33.51-57.96-108) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03 G1m3, nG1m1, G1v14 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)], (222-216')-disulfide with kappa light chain *Homo sapiens* (1'-216') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (97.9%) -IGKJ2*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.11] (27-32.50-52.89-99) (1'-109') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (155), V101 (193) (110'-216')]; dimer (228-228":231-231")-bisdisulfide, produced in a Chinese hamster ovary (CHO) cell line derived from CHO-K1SV, lacking the glutamine synthetase (GS) gene, glycoform alfa

étésévimab

immunoglobuline G1-kappa anti-[*Homo sapiens* protéine spike (S) du coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SARS-CoV-2), domaine de liaison au récepteur (RBD)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;
chaîne lourde gamma1 *Homo sapiens* (1-449) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-66*01 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.7.13] (26-33.51-57.96-108) (1-119) -*Homo sapiens*IGHG1*03 G1m3, nG1m1, G1v14 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)], (222-216')-disulfure avec la chaîne légère kappa *Homo sapiens* (1'-216') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-39*01 (97.9%) -IGKJ2*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.11] (27-32.50-52.89-99) (1'-109') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (155), V101 (193) (110'-216')]; dimère (228-228":231-231")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO) dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1SV, ne présentant pas le gène de la glutamine synthétase, glycoforme alfa

etesevimab

immunoglobulina G1-kappa anti-[*Homo sapiens* proteína espícula (S) del coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo (SRAS-CoV-2), dominio de unión al receptor (RBD)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*;
cadena pesada gamma1 *Homo sapiens* (1-449) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-66*01 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [8.7.13] (26-33.51-57.96-108) (1-119) -*Homo sapiens*IGHG1*03 G1m3, nG1m1, G1v14 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)], (222-216')-disulfuro con la cadena ligera kappa *Homo sapiens* (1'-216') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-39*01 (97.9%) -IGKJ2*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.11] (27-32.50-52.89-99) (1'-109') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (155), V101 (193) (110'-216')]; dímero (228-228":231-231")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO) línea celular derivada de CHO-K1SV, en ausencia del gen Glutamina Sintetasa (GS), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTVS SNYMSWVRQA PGKGLEWVSV 50
IYSGGSTFYA DSVKGRTTIS RDNSMNTLFL QMNSLRAEDT AVYYCARVLP 100
MYGDLIDYWG QGTLVTYSSA STKGPSVFFL APSKSTSGG TALGCLVKD 150
YFPEPTVTSW NSGALTSQGV TFFAVLQSSG LYSLSVVTV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHKPSN TKVDKRVPEK SCDKTHTCPP CPAPEAAGSP SVFLFPPKPK 250
DTLMISRTPE VTCVVDVDSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREQYNS 300
TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
YTLPPSREEM TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPFVL 400
DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSCSVN HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIVMTQSPSS LSASVGDRVT ITCRASQGIS RYLNWYQKPK GKAPKLLIYA 50
ASSLQGVGPS RFSGSGSGTD FTLTISSLQP EDFATYYCQQ SYSTPPEYTF 100
GQGTKLEIKR TVAAPSFIIF PPSDEQLKSG TASVCLLNN FYPREAKVQW 150
KVDNALQSGN SQESVTEQDS KDSTYLSLST LTLISKADYEK HKVYACEVTH 200
QGLSSPVTKS FNRGEC 216

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-95 146-202 263-323 369-427
22"-95" 146"-202" 263"-323" 369"-427"

Intra-L (C23-C104) 23'-88' 136'-196'
23'''-88''' 136'''-196'''

Inter-H-L (h 5-CL 126) 222-216' 222"-216"

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

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

H CH2 N84.4:

299, 299"

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

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

H CHS K2:

449, 449"

ganulamieranum #

ganulamieran

messenger RNA (mRNA), 5'-capped, encoding the codon-optimised receptor binding domain (RBD) of the SARS-CoV-2 (severe acute respiratory syndrome coronavirus 2, GenBank: MN908947.3) spike (S) glycoprotein expressed as a fusion protein, 5' with an extended S glycoprotein signal peptide, and 3' with a T4 fibrin trimerization domain and the S glycoprotein transmembrane domain (TM) connected by two glycine/serine-rich (GS) linker peptides, flanked by 5' and 3' untranslated regions and a 3' poly(A) tail; contains N1-methylpseudouridine instead of uridine (*aU>m¹Ψ*).

ganulamieran

ARN messenger (ARNm), protégé en 5', codant pour le domaine de liaison au récepteur (RBD) de la glycoprotéine spike (S) du SARS-CoV-2 (coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère, GenBank: MN908947.3) avec des codons optimisés, exprimés sous forme de protéine de fusion, 5' avec un peptide signal de la glycoprotéine S allongé et 3' avec un domaine de trimérisation de la fibrine de T4 et le domaine transmembranaire (TM) de la glycoprotéine S, liés au moyen de deux peptides de liaison (linker) riches en glycine / sérine (GS), flanqués de régions 5' et 3' non traduites et d'une queue poly(A); contient de la N1-méthylpseudouridine au lieu de l'uridine (*tout-U>m¹Ψ*).

ganulamieran

RNA mensajero (mRNA), protegido en 5', que codifica para el dominio de unión al receptor (RBD) de la glicoproteína de la espícula (S) de SRAS-CoV-2 (coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo, GenBank: MN908947.3) con codones optimizados, expresado como una proteína de fusión, en 5' con un péptido señal de glicoproteína S extendido y en 3' con un dominio fibrina de trimerización de T4 y el dominio transmembrana (TM) de la glicoproteína S, conectado mediante dos péptidos enlazadores (linker) ricos en glicina/sérina (GS), flanqueado por regiones 5' y 3' no traducidas y una cola poly(A); contiene N1-metilpseudouridina en lugar de uridina (*aU>m¹Ψ*).

goflikiceptum #

goflikicept

human interleukin-1 receptor accessory protein fragment (21-358, 1-338 in the current sequence) fused via peptidyl linker ³³⁹GSGGG³⁴³ to a human immunoglobulin G1 Fc fragment (344-570, C-terminal Lys clipped) variant (S>C⁴⁷⁷, T>W⁴⁸⁹, K>A⁵³²), covalent dimer with human interleukin-1 receptor type 1 fragment (21-333, 1-313 in the current sequence) fused via peptidyl linker ³¹⁴GSGG³¹⁸ to a human immunoglobulin G1 Fc fragment (319-545, C-terminal Lys clipped) variant (Y>C⁴⁴⁷, T>S⁴⁶⁴, L>A⁴⁶⁶, F>K⁵⁰³, Y>V⁵⁰⁵), glycosylated, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells; fusion protein comprising the (1-338)-fragment of the human interleukin 1 receptor accessory protein (IL1RAP, IL-1RAcP, interleukin-1 receptor 3, IL1R3), a GSGGG linker (339-343), and the (S>C⁴⁷⁷, T>W⁴⁸⁹, K>A⁵³²) variant of the C-terminal 227-peptide (Fc fragment) of human immunoglobulin G1 (344-570), (349-324':352-327':477-447')-trisdissulfide with a fusion protein comprising the (21-333)-fragment of the precursor of human interleukin 1 receptor type 1 (IL1R1, IL1Rα, IL1R type I, p80, CD121a) (1-313), a GSGGG linker (314-318), and the (Y>C⁴⁴⁷, T>S⁴⁶⁴, L>A⁴⁶⁶, F>K⁵⁰³, Y>V⁵⁰⁵) variant of the C-terminal 227-peptide (Fc fragment) of human immunoglobulin G1 (319-545), produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa

goflikicept

fragment de la protéine accessoire du récepteur de l'interleukine 1 humaine (21-358, 1-338 dans la séquence actuelle) fusionné via un peptide liant ³³⁹GSGGG³⁴³ au fragment Fc de l'immunoglobuline humaine G1 (344-570, C-terminal attaché Lys) variant (S>C⁴⁷⁷, T>W⁴⁸⁹, K>A⁵³²), dimère covalent avec fragment de récepteur de l'interleukine-1 humaine de type 1 (21-333, 1-313 dans la séquence actuelle) fusionné via un peptide liant ³¹⁴GSGG³¹⁸ à un fragment Fc d'immunoglobuline humaine G1 (319-545, attaché au variant C-terminal Lys) (Y>C⁴⁴⁷, T>S⁴⁶⁴, L>A⁴⁶⁶, F>K⁵⁰³, Y>V⁵⁰⁵), glycosylé, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO); une protéine de fusion comprenant le fragment (1-338) de la protéine accessoire du récepteur de l'interleukine 1 humaine (IL1RAP, IL-1RAcP, récepteur 3 de l'interleukine-1, IL1R3), un linker GSGGG (339-343), et le variant (S>C⁴⁷⁷, T>W⁴⁸⁹, K>A⁵³²) du peptide C-terminal-227 (fragment Fc) de l'immunoglobuline humaine G1 (344-570), (349-324': 352-327': 477-447') -trisdisulfure avec une protéine de fusion comprenant le fragment- (21-333) du précurseur du récepteur de l'interleukine humaine de type 1 (IL1R1, IL1Rα, IL1R type I, p80, CD121a) (1-313), une liaison GSGGG (314-318) et le variant (Y>C⁴⁴⁷, T>S⁴⁶⁴, L>A⁴⁶⁶, F>K⁵⁰³, Y>V⁵⁰⁵) du peptide C-terminal-227 (fragment Fc) de l'immunoglobuline humaine G1 (319-545), produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

goflikicept

receptor de la interleukina-1 humana fragmento de la proteína complemento (21-358, 1-338 en la secuencia actual) fusionado a través de un enlace peptidil ³³⁹GSGGG³⁴³ a la inmunoglobulina humana G1 Fc fragmento (344-570, fijado al C-terminal Lis) variante (S>C⁴⁷⁷, T>W⁴⁸⁹, K>A⁵³²), dímero covalente con receptor de interleukina-1 humana fragmento tipo 1 (21-333, 1-313 en la secuencia actual) fusionado a través del enlace peptidil ³¹⁴GSGG³¹⁸ a una inmunoglobulina humana G1 Fc fragmento (319-545, fijado al C-terminal Lis) variante (Y>C⁴⁴⁷, T>S⁴⁶⁴, L>A⁴⁶⁶, F>K⁵⁰³, Y>V⁵⁰⁵), glicosilado, producido en células ováricas de hámster Chino (CHO). una proteína de fusión que comprende el fragmento- (1-338) del receptor humano de la interleukina 1 proteína accesorio (IL1RAP, IL-1RAcP, interleukina-1 receptor 3, IL1R3), un enlace GSGGG (339-343), y la variante (S>C⁴⁷⁷, T>W⁴⁸⁹, K>A⁵³²) del termina-C péptido-227 (Fc fragmento) de la inmunoglobulina humana G1 (344-570), (349-324': 352-327': 477-447')- trisdisulfuro con una proteína de fusión que comprende el fragmento-(21-333) del precursor del receptor tipo 1 de la interleukina humana (IL1R1, IL1Rα, IL1R tipo I, p80, CD121a) (1-313), un enlace GSGGG (314-318), y la (Y>C⁴⁴⁷, T>S⁴⁶⁴, L>A⁴⁶⁶, F>K⁵⁰³, Y>V⁵⁰⁵) variante del terminal-C péptido-227 (Fc fragmento) de inmunoglobulina humana G1 (319-545), producido en células ováricas de hámster Chino (CHO), glicoforma alfa

Sequence / Séquence / Secuencia	
IL1RAP-GSG ₃ -Fc	
SERCDWGLD TMRQIQVFED EPARIKCPLF EHFLKFNYST AHSAGLTLIW	50
YWRQDRDL EFINFRLPEN RISKEKDVLM FRPTLLNDTGC NYTCMLRNTT	100
YCSKVAFFLE VVQKDSCFNS PMKLPVHKLY IEYGIQRTIC PNVGYFFSS	150
VKPTITWYMG CYKIQNFNNV IPEGMNL SFL IALISNNGNY TCVVTPENG	200
RTFHLTRTLT VKVVGSPKNA VPPVIHSPND HVVYEKEPGE ELLIPCTVYF	250
SFLMDSRNEV WWTIDGKKPD DITIDVTINE SISHSRTEDE TRTQILSIKK	300
VTSEDLKRSY VCHARSARGE VAKAAKVQK VPAPRYTVGS GGGDKTHTCP	350
PCPAPELLGG PSVFLFPKP KDTLMISRTPEVTCVVVDVS HEDPEVKFNN	400
VVDGVEVHNA KTKPREEQYN STYRVVSVLT VLHQDMLNGK EYKCKVSNKA	450
LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ VYTLPPCRDE LTKNQVSLWC LVKGFYPSDI	500
AVEWESNGQP ENNYKTTTPV LDDSGSFFLY SALTVDKSRW QQGNVFCSCV	550
MHEALHNHYT QKSLSLSPGK	570
IL1R1-GSG ₃ -Fc	
DKCKEREKEI ILVSSANEID VRPCPLNPNE HKGTITWYKD DSKTPVSTEQ	50
ASRIHQHKEK LWFVPAKVED SGHYCYVRN SSYCLRIKIS AKFVENEENL	100
CYNAQAIFKQ KLPVAGDGLL VCPYMEFFKN ENNELPKLQW YKDCPKLLD	150
NIHFSGVKDR LIVMNVAEKH RGNYTCHASY TYLGKQYPIT RVIEFITLEE	200
NKPTRPVIIV PANETMEVDL GSQIQLICNV TGQLSDIAYW KWNGSVIDED	250
DPVLGEDYSV VENPANKRRS TLITVLNISE IESRFYKHPF TCPAKNTHGI	300
DAAYIQLIYP VTNGSGGGDK THTCPPCPAP ELLGGPSVFL FPPKPKDTLM	350
ISRTPEVTCV VVDVSHEDPE VKFNWYVDGV EVHNATKPR EEQYNSTYRV	400
VSVLTVLHQD WLNKGEYKCK VSNKALPAPI EKTISKAKGQ PREPQVCTLP	450
PSRDELTKNQ VSLSCAVKGF YPSDIAVEWE SNGQPENNYK TTPPVLDSDG	500
SFKLVSKLTV DKSRWQQGNV FSCSVMEAL HNHYTQKSLS LSPGK	545
Mutations / Mutations / Mutaciones	
S ⁴⁷⁷ →C, T ⁴⁸⁹ →W, K ⁵³² →A	
Y ⁴⁴⁷ →C, T ⁴⁶⁴ →S, I ⁴⁶⁶ →A, F ⁵⁰³ →K, Y ⁵⁰⁵ →V	
Post-translational modifications	
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro	
Inter-chain: 349-324' 352-327' 477-447'	
Intra-chain IL1RAP-GSG3-Fc : 4-102 27-94 117-161 140-192 246-312 384-444 490-548	
Intra-chain IL1R1-GSG3-Fc : 3'-84' 24'-76' 101'-144' 122'-176' 228'-292' 359'-419' 465'-523'	
Glycosylation sites / Sites de glycosylation / Posiciones de glicosilación	
N37, N87, N91, N98, N176, N189, N279, N420;	
N80', N173', N213', N229', N243', N277', N313', N395'	
Other modifications: K570, K545' clipped	

imdevimabum #
imdevimab

immunoglobulin G1-lambda, anti-[*Homo sapiens* severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) spike (S) protein, receptor binding domain (RBD)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;
gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*01 (96.9%) -(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 (217) (121-218),hinge 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-215')-disulfide with lambda light chain *Homo sapiens* (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV2-14*01 (93.9%) - IGLJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [9.3.10] (26-34.52-54.91-100) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (111'-216')]; dimer (229-229":232-232")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa

imdévimab

immunoglobuline G1-lambda anti-[*Homo sapiens* protéine spike (S) du coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SARS-CoV-2), domaine de liaison au récepteur (RBD)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;

chaîne lourde gamma1 *Homo sapiens* (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*01 (96.9%) - (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 (217) (121-218), charnière 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-215')-disulfure avec la chaîne légère lambda *Homo sapiens* (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV2-14*01 (93.9%) - (IGLJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [9.3.10] (26-34.52-54.91-100) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (111'-216')]; dimère (229-229":232-232")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

imdevimab

immunoglobulina G1-lambda anti-[*Homo sapiens* proteína espícula (S) del coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo (SRAS-CoV-2), dominio de unión al receptor (RBD)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*;
cadena pesada gamma1 *Homo sapiens* (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*01 (96.9%) - (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 (217) (121-218), bisagra 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-215')-disulfuro con la cadena ligera lambda *Homo sapiens* (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV2-14*01 (93.9%) - (IGLJ3*02 (100%)) CDR-IMGT [9.3.10] (26-34.52-54.91-100) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (111'-216')]; dímero (229-229":232-232")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

```

VQQLVESGGG VVQPGRSRLR SCAASGFTFS NYAMYVVRQA PGKGLEWVAV 50
ISYDGSNKYY ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMSLRTE TAVYYCASGS 100
DYGDYLLVYW GQGTLTVTSS ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK 150
DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT 200
YICNVNHNKPS NTKVDKKVEP KSCDKHTTCP PCPAPELLGG PSVFLFPPKP 250
KDTLMI SRTP EVTCVVVDVS HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN 300
STYRVVSVLT VLNQDNLNGK EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ 350
VYTLPPSRDE LTKNQVSLTLC LVKGFYPSDI AVESWNGQP ENNYKTTTPV 400
LDSGSGSFPLY SKLTVDKSRW QQGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPGK 450

```

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

```

QSALTQPASV SGSPGQSITI SCTGTSSDVG GYNYVSWYQQ HPGKAPKLM 50
YDVSKRPSGV SNRFGSKSG NTASLTISGL QSEDEADYYC NSLTISITWV 100
FGGGLTLTVL GQPKAAPSVT LFPSSSEELQ ANKATLVCL I SDFYPGAVTV 150
AWKADSSPVK AGVETTTTPSK QSNKRYAASS YLSLTPEQWK SHRSYSCQVT 200
HEGSTVEKTV APTECS 216

```

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) 22-90" 138"-197"
22"-90" 138"-197"

Inter-H-L (h 5-CL 126) 223-215" 223"-215"

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

N-terminal glutamine cyclization to pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl)

H VH Q1:

I, I"

L VL Q1:

I', I'''

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 / Coupeure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2:

450, 450"

molnupiravirum

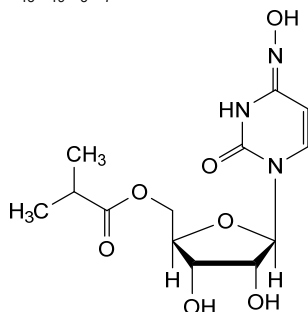
molnupiravir

*N*⁴-hydroxycytidine 5'-(2-methylpropanoate)

molnupiravir

5'-(2-méthylpropanoate) de *N*⁴-hydroxycytidine

molnupiravir

5'-(2-metilpropanoato) de *N*⁴-hidroxicitidinaC₁₃H₁₉N₃O₇**nezulcitinibum**

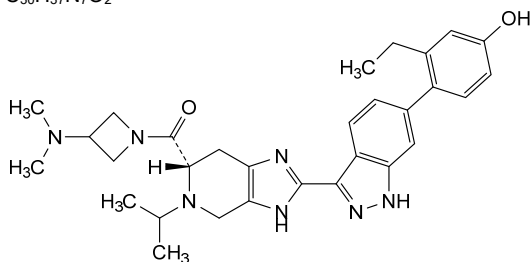
nezulcitinib

[3-(dimethylamino)azetidin-1-yl]{{(6*S*)-2-[6-(2-ethyl-4-hydroxyphenyl)-1*H*-indazol-3-yl]-5-(propan-2-yl)-4,5,6,7-tetrahydro-1*H*-imidazo[4,5-*c*]pyridin-6-yl}methanone

nézulcitinib

[3-(diméthylamino)azétidin-1-yl]{{(6*S*)-2-[6-(2-éthyl-4-hydroxyphényl)-1*H*-indazol-3-yl]-5-(propan-2-yl)-4,5,6,7-tétrahydro-1*H*-imidazo[4,5-*c*]pyridin-6-yl}méthanone

nezulcitinib

[3-(dimetilamino)azetidin-1-il]{{(6*S*)-2-[6-(2-etil-4-hidroksifenil)-1*H*-indazol-3-il]-5-(propan-2-il)-4,5,6,7-tetrahidro-1*H*-imidazo[4,5-*c*]piridin-6-il}metanonaC₃₀H₃₇N₇O₂**pemziviptadilum #**

pemziviptadil

human L-methionyl vasoactive intestinal peptide (2-29) fused to 121 repeats of different elastin-derived pentapeptides (VPGVG, VPGGG, VPGAG, VPGWP) (30-634), produced in *Escherichia coli*;
 fusion protein comprising L-methionyl (1)-vasoactive intestinal polypeptide (human VIP) (2-29) and an elastin-like artificial polymer (30-629) of 120 alternating pentapeptides of three types VPGVG, VPGGG, and VPGAG, and a C-terminal pentapeptide VPGWP (630-634), produced in *Escherichia coli*

pemziviptadil L-méthionyl peptide vasoactif intestinal humain (2-29) fusionné à 121 répétitions de différents pentapeptides dérivés de l'élastine (VPGVG, VPGGG, VPGAG, VPGWP) (30-634), produits dans *Escherichia coli* ; protéine de fusion comprenant le polypeptide intestinal vasoactif L-méthionyl (1) (VIP humain) (2-29) et un polymère artificiel de type élastine (30-629) de 120 pentapeptides alternés de trois types VPGVG, VPGGG et VPGAG, et un pentapeptide C-terminal VPGWP (630-634), produit dans *Escherichia coli*

pemziviptadil péptido humano L-metionil vasoactivo intestinal (2-29) fusionado a 121 repeticiones de pentapéptidos derivados de elastina diferentes (VPGVG, VPGGG, VPGAG, VPGWP) (30-634), producido en *Escherichia coli*; proteína de fusión que comprende polipéptido intestinal vasoactivo L-metionil (1) (humano VIP) (2-29) y un polímero artificial parecido a la elastina (30-629) de 120 pentapéptidos alternos de tres tipos VPGVG, VPGGG, y VPGAG, y un pentapéptido C-terminal VPGWP (630-634), producido en *Escherichia coli*

Sequence / Séquence / Secuencia

MHSDAVFTDN	YTRLRKQMAV	KKYLNLSILNV	PVGVPVG	PVGVPVG	50
PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	100
PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	150
PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	200
PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	250
PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	300
PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	350
PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	400
PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	450
PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	500
PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	550
PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	600
PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	PVGVPVG	634

positions 30-634: 12 × pattern AABCAAABCB of 10 pentapeptides of three types
A = VPGVG, B = VPGGG, and C = VPGAG plus a C-terminal pentapeptide VPGWP

pidacmeranum #
pidacmeran

self-replicating messenger RNA (mRNA), 5'-capped, encoding *Venezuelan equine encephalitis virus* (VEEV) RNA-dependent RNA polymerase (VEEV proteins nsP1, nsP2, nsP3 and nsP4) and a full-length codon-optimised pre-fusion stabilised conformation variant (K986P and V987P) of the SARS-CoV-2 (severe acute respiratory syndrome coronavirus 2, GenBank: MN908947.3) spike (S) glycoprotein, flanked by 5' and 3' untranslated regions and a 3' poly(A) tail; replication of the RNA is under control of a VEEV subgenomic promoter.

pidacméran

ARN messenger (ARNm) auto-répliquant, protégé en 5', codant pour l'ARN polymérase ARN-dépendante du *virus de l'encéphalite équine vénézuélienne* (protéines VEEV nsP1, nsP2, nsP3 et nsP4) et une variante complète de pré-fusion de conformation stabilisée (K986P et V987P) de la glycoprotéine spike (S) du SARS-CoV-2 (coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère, GenBank: MN908947.3) avec des codons optimisés, flanqués de régions 5' et 3' non traduites une queue poly(A) 3'; la réplication de l'ARN est sous le contrôle du promoteur sous-génomique de VEEV.

pidacmerán

RNA mensajero auto replicativo (mRNA), protegido en 5', que codifica para la RNA polimerasa dependiente de RNA del *virus de la encefalitis equina venezolana* (proteínas VEEV nsP1, nsP2, nsP3 y nsP4) y una variante pre-fusión completa de conformación estabilizada (K986P and V987P) de la glicoproteína de la espícula (S) del SRAS-CoV-2 (coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo, GenBank: MN908947.3) con codones optimizados, flanqueada por regiones 5' y 3' no traducidas y una cola poly(A) en 3'; la replicación del ARN está bajo el control del promotor subgenómico de VEEV.

regdanvimabum #

regdanvimab

immunoglobulin G1-lambda, anti-[*Homo sapiens* severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) spike (S) protein, receptor binding domain (RBD)], humanized and *Homo sapiens* monoclonal antibody;
gamma1 heavy chain humanized (1-458) [VH (*Homo sapiens* IGHV2-70*12 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (100%)) CDR-IMGT [10.7.20] (26-35.53-59.98-117) (1-128) -*Homo sapiens* IGHG1*08p (100%) G1m3,1 (CH1 R120 (225) (129-226), hinge 1-15 (227-241), CH2 (242-351), CH3 D12 (367), L14 (369) (352-456), CHS (457-458)) (129-458)], (231-215')-disulfide with lambda light chain *Homo sapiens* (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-51*01 (100%) -IGLJ2*01 (90.9%) K123>E (106)) CDR-IMGT [8.3.11] (26-33.51-53.90-100) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (98.1%) S45>G (156), T82>K (167) (111'-216')]; dimer (237-237":240-240")-bisdisulfide, produced in a Chinese hamster ovary (CHO) cell line derived from CHO-K1, glycoform alfa

regdanvimab

immunoglobuline G1-lambda anti-[*Homo sapiens* protéine spike (S) du coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SARS-CoV-2), domaine de liaison au récepteur (RBD)], anticorps monoclonal humanisé et *Homo sapiens*;
chaîne lourde gamma1 humanisée (1-458) [VH (*Homo sapiens* IGHV2-70*12 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (100%)) CDR-IMGT [10.7.20] (26-35.53-59.98-117) (1-128) -*Homo sapiens* IGHG1*08p (100%) G1m3,1 (CH1 R120 (225) (129-226), charnière 1-15 (227-241), CH2 (242-351), CH3 D12 (367), L14 (369) (352-456), CHS (457-458)) (129-458)], (231-215')-disulfure avec la chaîne légère lambda *Homo sapiens* (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-51*01 (100%) -IGLJ2*01 (90.9%) K123>E (106)) CDR-IMGT [8.3.11] (26-33.51-53.90-100) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (98.1%) S45>G (156), T82>K (167) (111'-216')]; dimère (237-237":240-240")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO) dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa

regdanvimab

inmunoglobulina G1-lambda anti-[*Homo sapiens* proteína espícula (S) del coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo (SRAS-CoV-2), dominio de unión al receptor (RBD)], anticuerpo monoclonal humanizado y *Homo sapiens*; cadena pesada gamma1 humanizada (1-458) [VH (*Homo sapiens*IGHV2-70*12 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (100%)) CDR-IMGT [10.7.20] (26-35.53-59.98-117) (1-128) -*Homo sapiens*IGHG1*08p (100%) G1m3,1 (CH1 R120 (225) (129-226), bisagra 1-15 (227-241), CH2 (242-351), CH3 D12 (367), L14 (369) (352-456), CHS (457-458)) (129-458)], (231-215')-disulfuro con la cadena ligera lambda *Homo sapiens* (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-51*01 (100%) -IGLJ2*01 (90.9%) K123>E (106)) CDR-IMGT [8.3.11] (26-33.51-53.90-100) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (98.1%) S45>G (156), T82>K (167) (111'-216')]; dímero (237-237":240-240")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO) línea celular derivada de CHO-K1, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

```

QITLKESGPT LVKPTQTLTL TCSFSGFSLS TSGVGVGWIR QPPGKALEWL 50
ALIDWDDNKY HTSLKTRLT ISKDTSKNQV VLTMTNMDPV DTATYYCARI 100
PGFLRYNRNY YYGMDVWGQ GTTVTVSSAS TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT 150
AALGCLVKDY FEPFVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL YSLSSVTVTP 200
SSSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDKRVPEKS CDKTHTCFPC PAPELLGGPS 250
VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGEVHNNAKT 300
KPREEQYNST YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA 350
KGQPREPQVY TLPPSRDELT KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN 400
NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ GNVPFSCVMH EALHNHYTQK 450
SLSLSPGK 458

```

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

```

ELVLTQPPSV SAAPGQKVTI SCSGSSSNIG NNYVSWYQQL PGTAPKLLIY 50
DNNKRPSPGI PDRFSGSKSGT SATLGITGLQ TGDEADYCG TWDSSLSAGV 100
FGGGTELTVL GQPKAAPSVT LFPSSSEELQ ANKATLVCLI SDFYPGAVTV 150
AWKADGSPVK AGVETTKPSK QSNKYAASS YLSLTPEQWK SHRSYSCQVT 200
HEGSTVEKTV ATECS 216

```

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22'-97' 155"-211' 272"-332' 378"-436'
 22"-97" 155"-211" 272"-332" 378"-436"

Intra-L (C23-C104) 22'-89' 138"-197"
 22"-89" 138"-197"

Inter-H-L (h 5-CL 126) 231-215' 231"-215"

Inter-H-H (h 11, h 14) 237-237" 240-240"

N-terminal glutamine cyclization to pyroglutanyl (pE, 5-oxoprolyl)

HVHQ1:
 1, 1"

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

HCH2 N84.4:

308, 308"

Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans (G0F predominant) / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés (G0F prédominant) / glicanos de tipo CHO biantenarijos complejos fucosilados (G0F predominante).

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

HCHS K2:

458, 458"

reluscovtogenum ralaplasmidum

reluscovtogene ralaplasmid

DNA plasmid expressing a consensus sequence* of the full-length SARS-CoV-2 (severe acute respiratory syndrome coronavirus 2) spike (S) glycoprotein, with an N-terminal IgE leader sequence, under control of the human CMV promoter (hCMV promoter) and a bovine growth hormone poly-adenylation signal (bGH poly(A)). The plasmid also contains a pUC origin of replication and a kanamycin antibiotic resistance gene.

*based upon sequences published on GISAID (Global Initiative on Sharing All Influenza Data) in early 2020.

réluscovtogène ralaplasamide

plasmide d'ADN exprimant une séquence consensus* complète de la glycoprotéine spike (S) du SARS-CoV-2 (coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère), avec une séquence leader N-terminale d'IgE, sous contrôle du promoteur du CMV humain (promoteur hCMV) et d'un signal de polyadénylation de l'hormone de croissance bovine (bGH poly(A)). Le plasmide contient également une origine de répllication pUC et un gène de résistance à la kanamycine.

*basé sur des séquences publiées dans GISAID (Global Initiative on Sharing All Influenza Data) début 2020.

reluscovtogén ralaplasמידא

plásmido de DNA que expresa una secuencia consenso* completa de la glicoproteína de la espícula (S) de SARS-CoV-2 (coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo), con una secuencia líder N-terminal de la IgE, bajo el control del promotor de CMV humano (promotor hCMV) y una señal de poliadenilación de la hormona de crecimiento bovina (bGH poly(A)). El plásmido contiene también un origen de replicación pUC y un gen de resistencia al antibiótico kanamicina.

*basada en secuencias publicadas en GISAID (Global Initiative on Sharing All Influenza Data) a principios de 2020.

sotrovimabum #
sotrovimab

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) spike (S) protein, receptor binding domain (RBD)], *Homo sapiens* monoclonal antibody; gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-457) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-18*01 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (92.9%)) CDR-IMGT [8.8.20] (26-33.51-58.97-116) (1-127) -*Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17,1, G1v24 CH3 L107, S114(CH1 K120 (224) (128-225), hinge 1-15 (226-240), CH2 (241-350), CH3 D12 (366), L14 (368), M107>L (438), N114>S (444) (351-455), CHS (456-457)) (128-457)], (230-214')-disulfide with kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (96.7%) -IGKJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [7.3.8] (27-33.51-53.90-97) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimer (236-236":239-239")-bisdisulfide, produced in a Chinese hamster ovary (CHO)-K1 cell line, glycoform alfa

sotrovimab

immunoglobuline G1-kappa anti-[*Homo sapiens* protéine spike (S) du coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SARS-CoV-2), domaine de liaison au récepteur (RBD)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;

chaîne lourde gamma1 *Homo sapiens* (1-457) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-18*01 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (92.9%)) CDR-IMGT [8.8.20] (26-33.51-58.97-116) (1-127) -*Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17,1, G1v24 CH3 L107, S114 (CH1 K120 (224) (128-225), charnière 1-15 (226-240), CH2 (241-350), CH3 D12 (366), L14 (368), M107>L (438), N114>S (444) (351-455), CHS (456-457)) (128-457)], (230-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (96.7%) -IGKJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [7.3.8] (27-33.51-53.90-97) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimère (236-236":239-239")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO) lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa

sotrovimab

immunoglobulina G1-kappa anti-[*Homo sapiens* proteína espícula (S) del coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo (SRAS-CoV-2), dominio de unión al receptor (RBD)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*;

cadena pesada gamma1 *Homo sapiens* (1-457) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-18*01 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (92.9%)) CDR-IMGT [8.8.20] (26-33.51-58.97-116) (1-127) -*Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17,1, G1v24 CH3 L107, S114 (CH1 K120 (224) (128-225), bisagra 1-15 (226-240), CH2 (241-350), CH3 D12 (366), L14 (368), M107>L (438), N114>S (444) (351-455), CHS (456-457)) (128-457)], (230-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (96.7%) -IGKJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [7.3.8] (27-33.51-53.90-97) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dímero (236-236":239-239")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO) línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QVQLVQSGAE	VKKFGASVKV	SCKASGYPFT	SYGISWVRQA	PGQGLEWMGW	50
ISTYQGNTNY	AQKFGGRVTM	TTDTSTTGY	MELRLRLRSD	TAVYYCARDY	100
TRGAWFGESL	IGGFDNWGGQ	TLVTVSSAST	KGPSVFPLAP	SSKTSGGTA	150
ALGLVKVDYF	PEPVTVSWNS	GALTSGVHTF	PAVLQSSGLY	SLSSVTVTPS	200
SSLGTQTYIC	NVNHKFSNTK	VDKKVEPKSC	DKTHTCPPCP	APELLGGPSV	250
FLFPKPKDPT	LMISRTPEVT	CVVVDVSHED	PEVKFNWYVD	GVEVHNAKTK	300
PREEQYNSTY	RVVSVTLVLH	QDWLNGKEYK	CKVSNKALPA	PIEKTISKAK	350
GQPREPQVYT	LPSPRDELTK	NQVSLTCLVK	GFYPDSIAVE	WESNGQPENN	400
YKTTTPPVLD	DGSFFLYSKL	TVDKSRWQQG	NVFSCSVLHE	ALHSHYTKQS	450
LSLSPGK					457

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

EIVLTQSPGT	LSLSPGERAT	LSCRASQTVS	STSLAWYQQK	PGQAPRLLIY	50
GASSRATGIP	DRFSGSGSGT	DFTLTISRLE	PEDFAVYYCQ	QHDTSLTFTG	100
GTKVEIKRTV	AAPSVFIFFP	SDEQLKSGTA	SVVCLLNIFY	PREAKVQWKV	150
DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD	STYLSSTLT	LSKADYEKKH	YVACEVTHQG	200
LSPVTKSFN	RGEC				214

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104)	22-96	154-210	271-331	377-435
	22"-96"	154"-210"	271"-331"	377"-435"

Intra-L (C23-C104)	23'-89'	134'-194'
--------------------	---------	-----------

	23"-89"	134"-194"
--	---------	-----------

Inter-H-L (h 5-CL 126)	230-214'	230"-214"
------------------------	----------	-----------

Inter-H-H (h 11, h 14)	236-236"	239-239"
------------------------	----------	----------

N-terminal glutamine cyclization to pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl)

H VH Q1:

1, 1"

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

H CH2 N84.4:

307, 307"

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

Deamidation sites / Sites de désamidation / Posiciones de desamidación

H CH2 N98: 325, 325"

H CH3 N44: 394, 394"

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

H CHS K2:

457, 457"

subasumstatum

subasumstat

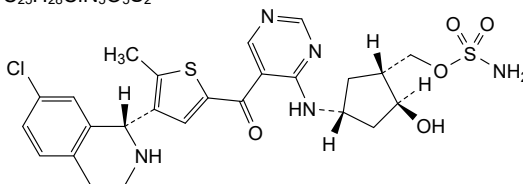
{{(1*R*,2*S*,4*R*)-4-[(5-{4-[(1*R*)-7-chloro-1,2,3,4-tetrahydroisoquinolin-1-yl]-5-methylthiophene-2-carbonyl}pyrimidin-4-yl)amino]-2-hydroxycyclopentyl)methyl sulfamate

subasumstat

sulfamate de {{(1*R*,2*S*,4*R*)-4-[(5-{4-[(1*R*)-7-chloro-1,2,3,4-tétrahydroisoquinoléin-1-yl]-5-méthylthiophène-2-carbonyl}pyrimidin-4-yl)amino]-2-hydroxycyclopentyl)méthyle

subasumstat

sulfamato de {{(1*R*,2*S*,4*R*)-4-[(5-{4-[(1*R*)-7-cloro-1,2,3,4-tétrahidroisoquinolein-1-il]-5-metiltiofeno-2-carbonil}pirimidin-4-il)amino]-2-hidroxiciclopentil}metilo

$$\text{C}_{25}\text{H}_{28}\text{ClN}_5\text{O}_5\text{S}_2$$
**tixagevimabum #**

tixagevimab

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) spike (S) protein, receptor binding domain (RBD)], *Homo sapiens* monoclonal antibody; gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-58*01 (98.0%) -(IGHD) -IGHJ3*02 (93.8%)) CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112) (1-123) -*Homo sapiens* IGHG1*03 G1m3, nG1m1, G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18, G1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116 (CH1 R120 (220) (124-221), hinge 1-15 (222-236), CH2 L1.3>F (240), L1.2>E (241), M15.1>Y (258), S16>T (260), T18>E (262), P116>S (337) (237-346), CH3 E12 (362), M14 (364) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-216')-disulfide with kappa light chain *Homo sapiens* (1'-216') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (98.9%) -IGKJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [7.3.10] (27-33.51-53.90-99) (1'-109') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (155), V101 (193) (110'-216')]; dimer (232-232':235-235')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa

tixagévimab

immunoglobuline G1-kappa anti-[*Homo sapiens* protéine spike (S) du coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SARS-CoV-2), domaine de liaison au récepteur (RBD)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*; chaîne lourde gamma1 *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-58*01 (98.0%) -(IGHD) -IGHJ3*02 (93.8%)) CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112) (1-123) -*Homo sapiens* IGHG1*03 G1m3, nG1m1, G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18, G1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116 (CH1 R120 (220) (124-221), charnière 1-15 (222-236), CH2 L1.3>F (240), L1.2>E (241), M15.1>Y (258), S16>T (260), T18>E (262), P116>S (337) (237-346), CH3 E12 (362), M14 (364) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-216')-disulfure avec la chaîne légère kappa *Homo sapiens* (1'-216') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (98.9%) -IGKJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [7.3.10] (27-33.51-53.90-99) (1'-109') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (155), V101 (193) (110'-216')]; dimère (232-232':235-235')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

toxigevimab

inmunoglobulina G1-kappa anti-[*Homo sapiens* proteína espícula (S) del coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo (SRAS-CoV-2), dominio de unión al receptor (RBD)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*;
cadena pesada gamma1 *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-58*01 (98.0%) -(IGHD) -IGHJ3*02 (93.8%)) CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112) (1-123) -*Homo sapiens* IGHG1*03 G1m3, nG1m1, G1v21 CH2 Y15.1, T16, E18, G1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116 (CH1 R120 (220) (124-221), bisagra 1-15 (222-236), CH2 L1.3>F (240), L1.2>E (241), M15.1>Y (258), S16>T (260), T18>E (262), P116>S (337) (237-346), CH3 E12 (362), M14 (364) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-216')-disulfuro con la cadena ligera kappa *Homo sapiens* (1'-216') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (98.9%) -IGKJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [7.3.10] (27-33.51-53.90-99) (1'-109') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (155), V101 (193) (110'-216')]; dímero (232-232":235-235")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QMQLVQSGPE VKKPGTSTVKV SCKASGTFM SSAVQWVRQA RGQRLEWIGW 50
IVIGSGNTNY AQKFQERVIT TRDMSTSTAY MELSSLRSED TAVYYCAAPY 100
CSSISCNDDGF DIWGQGTMTV VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC 150
LVKDYFFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG 200
TQTYICNVNH KPSNTRVDKR VEPKSCDKTH TCPPCPAPEF EGGPSVFLFP 250
PKPKDTLIYT REPEVTCVVV DVSHEDPEVK FNWYVDGVEV HNAKTPREE 300
QYNSTYRVVS VLTVLHQDWL NGKEYKCKVS NKALPASIEK TISKAKGQPR 350
EPQVYTLPPS REEMTKNQVS LTCLVKGFYP SDIAVEWESN GQPENNYKTT 400
PPVLDSDSGSF FLYSKLTVDK SRWQQGNVFS CSMVHEALHN HYTKQSLSL 450
PGK 453

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
EIVLTQSPGT LSLSPGERAT LSCRASQSVS SSYLAWYQQK PGQAPRLLIY 50
GASSRATGIP DRFSGSGSGT DFTLTISRLE PEDFAVYYCQ HYGSGRGWTF 100
GGGTKEIKR TVAAPSVFIF PPSDEQLKSG TASVVCLLNN FYPREAKVQW 150
KVDNALQSGN SQESVTEQDS KDSYLSST LTLSKADYEK HKVYACEVTH 200
QGLSSPVTKS FNRGEC 216

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22'-96 101'-106 150'-206 267'-327 373'-431
22'-96" 101"-106" 150"-206" 267"-327" 373"-431"
Intra-H (CDR3) 101'-106 101"-106"
Intra-L (C23-C104) 23'-89' 136'-196'
23"-89" 136"-196"
Inter-H-L (h 5-CL 126) 226'-216' 226"-216"
Inter-H-H (h 11, h 14) 232'-232" 235'-235"

N-terminal glutamine cyclization to pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl)
H VH Q1:
I, I"

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"

tozinameranum #
tozinameran

messenger RNA (mRNA), 5'-capped, encoding a full-length, codon-optimised pre-fusion stabilised conformation variant (K986P and V987P) of the SARS-CoV-2 (severe acute respiratory syndrome coronavirus 2, GenBank: MN908947.3) spike (S) glycoprotein, flanked by 5' and 3' untranslated regions and a 3' poly(A) tail; contains N1-methylpseudouridine instead of uridine (*all-U>m¹Ψ*).

tozinaméran	ARN messenger (ARNm), protégé en 5', codant pour un variant de pré-fusion stabilisé en conformation (K986P et V987P) de la glycoprotéine spike (S) du SARS-CoV-2 (coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère, GenBank: MN908947.3) complet, avec des codons optimisés, flanqués de régions 5' et 3' non traduites et d'une queue poly(A) 3'; contient de la N1-méthylpseudouridine au lieu de l'uridine (<i>tout-U>m¹Ψ</i>).
tozinamerán	RNA mensajero (mRNA), protegido en 5', que codifica para una variante pre-fusión de conformación estabilizada (K986P and V987P) de la glicoproteína de la espícula (S) del SRAS-CoV-2 (coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo, GenBank: MN908947.3) completa, con codones optimizados, flanqueada por regiones 5' y 3' no traducidas y una cola poly(A) en 3'; contiene N1-metilpseudouridina en lugar de uridina (<i>all-U>m¹Ψ</i>).
zansecimabum # zansecimab	immunoglobulin G4-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> ANGPT2 (angiotensinogen 2)], humanized monoclonal antibody; gamma4 heavy chain humanized (1-447) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-18*01 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110) (1-121) - <i>Homo sapiens</i> IGHG4*01, G4v5 h P10,G4v4 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 (122-219), hinge 1-12 S10>P (229) (220-231), CH2 F1.3>A (235), L1.2>A (236) (232-341), CH3 (342-446), CHS K>del (447)) (122-447)], (135-214')-disulfide with kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-12*01 (83.2%) -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 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimer (227-227":230-230")-bisdisulfide, produced in a Chinese hamster ovary (CHO) cell line derived from CHO-GSKO, glycoform alfa
zansécimab	immunoglobuline G4-kappa anti-[<i>Homo sapiens</i> ANGPT2 (angiotensinogen 2)], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde gamma4 humanisée (1-447) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-18*01 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110) (1-121) - <i>Homo sapiens</i> IGHG4*01 G4v5 h P10,G4v4 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 (122-219), charnière 1-12 S10>P (229) (220-231), CH2 F1.3>A (235), L1.2>A (236) (232-341), CH3 (342-446), CHS K>del (447)) (122-447)], (135-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-12*01 (83.2%) -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 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimère (227-227":230-230")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO) dérivant de la lignée cellulaire CHO-GSKO, glycoforme alfa
zansecimab	inmunoglobulina G4-kappa anti-[<i>Homo sapiens</i> ANGPT2 (angiotensinogen 2)], anticuerpo monoclonal humanizado;

cadena pesada gamma4 humanizada (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-18*01 (86.7%) - (IGHD) - IGHJ4*01 (93.3%)) CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG4*01 G4v5 h P10, G4v4 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 (122-219), bisagra 1-12 S10>P (229) (220-231), CH2 F1.3>A (235), L1.2>A (236) (232-341), CH3 (342-446), CHS K>del (447)) (122-447)], (135-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (83.2%) - (IGKJ4*01 (100%)) CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dímero (227-227":230-230")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO) línea celular derivada de CHO-GSKO, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada				
QVQLVQSGAE	VKKPGASVKV	SKASGYSFT	DYNMVMVRQA	PGQGLEWMMGY 50
IDPYNGGTGY	NQKFEGRVTM	TTDTSTSTAY	MELRSLRSD	TAVVYCARTR 100
DRYDVWYFDV	WGQGLTVTVS	SASTKGPSVF	PLAPCSRSTS	ESTALGCLV 150
KDYFPEPVTV	SWNSGALTSG	VHTFPAVLQS	SGLYSLSSVV	TVPSSSLGTK 200
TYTCNVDHKP	SNTKVDKRVE	SKYGPCCPFC	PAFEAAGGPS	VFLFPKPKD 250
TLMISRTPEV	TCVVVDVSQE	DPEVQFNWYV	DGVEVHNAKT	KPREEQFNST 300
YRVVSVLTFL	HQDWLNGKEY	KCKVSNKGLP	SSIETKISKA	KGPREFPVY 350
TLPPSQEEMT	KNQVSLTCLV	KGFYPSDIAV	EWESNGQFEN	NYKTTFPVLD 400
SDGSFFLYSR	LTVDKSRWQE	GNVFSCVMH	EALHNHYTQK	SLSLSLG 447
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera				
DIQMTQSPSS	VSASVGDRVT	ITCKASQDQVY	IAVAWYQQK	GKAPKLLIYW 50
ASTRDITGVP	SFSGSGSGTD	FTLTISSLQ	EDFATYYCHQ	YSSYPTFGG 100
GTKVEIKRTV	AAPSVFIFPP	SDEQLKSGTA	SVVCLLNIFY	PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD	STYLSSTLT	LSKADYEKHK	VYACEVTHQG 200
LSPFVTKSFN	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	262-322	368-426
	22"-96"	148"-204"	262"-322"	368"-426"
Intra-L (C23-C104)	23'-88'	134'-194'		
	23'"-88'"	134'"-194'"		
Inter-H-L (CH1 10-CL 126)	135-214'	135"-214"		
Inter-H-H (h 8, h 11)	227-227"	230-230"		
N-terminal glutamine cyclization to pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl)				
H VH Q1:				
I, I'				
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación				
H CH2 N84.4:				
298, 298"				
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans (G0F predominant) / glycans de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés (G0F prédominant) / glicanos de tipo CHO biantenarijos complejos fucosilados (G0F predominante).				

zorecimeranum #
zorecimeran

messenger RNA (mRNA), 5'-capped, encoding a full-length codon-optimised pre-fusion stabilized conformation variant (K986P and V987P) of the SARS-CoV-2 (severe acute respiratory syndrome coronavirus 2; NC_045512.2) spike (S) glycoprotein, flanked by 5' and 3' untranslated regions; the 3' untranslated region comprises a part of the human alpha globin gene 3' UTR sequence element, a synthetic poly(A) tail and a poly(C)-rich sequence followed by a histone stem loop sequence as a 3' tail.

zoréciméran

ARN messenger (ARNm), protégé en 5', codant pour un variant de pré-fusion stabilisé en conformation (K986P et V987P) de la glycoprotéine spike (S) du SARS-CoV-2 (coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère), NC_045512.2) complet, avec des codons optimisés, flanqués de régions 5' et 3' non traduites. La région 3' non traduite comprend une partie de l'élément de séquence 3' UTR du gène de l'alpha globine humaine, une queue poly(A) synthétique et une séquence riche en poly(C) suivie d'une séquence d'histones stem-loop comme extrémité en 3'.

zorecimerán

RNA mensajero (mRNA), protegido en 5', que codifica para una variante pre-fusión de conformación estabilizada (K986P and V987P) de la glicoproteína de la espícula (S) del SRAS-Cov-2 (coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo, NC_045512.2) completa, con codones optimizados, flanqueada por regiones 5' y 3' no traducidas. La región 3' no traducida comprende una parte del elemento secuencia 3' UTR del gen de la alfa globina humana, una cola poly(A) sintética y una secuencia rica en poly(C) seguida de una secuencia de histona stem-loop cola 3'.

Electronic structure available on Mednet: <http://mednet.who.int/>
Structure électronique disponible sur Mednet: <http://mednet.who.int/>
Estructura electrónica disponible en Mednet: <http://mednet.who.int/>
* <http://www.who.int/medicines/services/inn/publication/en/>

AMENDMENTS TO PREVIOUS LISTS
MODIFICATIONS APPORTÉES AUX LISTES ANTÉRIEURES
MODIFICACIONES A LAS LISTAS ANTERIORES

Recommended International Nonproprietary Names (Rec. INN): List 76
Dénominations communes internationales recommandées (DCI Rec.): Liste 76
Denominaciones Comunes Internacionales Recomendadas (DCI Rec.): Lista 76
(WHO Drug Information, Vol. 30, No. 3, 2016)

p.483 **blontuvetmabum #**

blontuvetmab
 blontuvetmab
 blontuvetmab

replace the description by the following one
remplacer la description par la suivante
sustitúyase la descripción por la siguiente

immunoglobulin G2_V-kappa-C-lambda, anti-[**Canis lupus familiaris** MS4A1 (membrane-spanning 4-domains subfamily A member 1, CD20)], caninized monoclonal antibody; gamma2 heavy chain chimeric (1-448) [*Mus musculus* VH (*Mus musculus* IGHV1-15*01 -(IGHD) -IGHJ1*03) [8.8.6] (1-113) -*Canis lupus familiaris* IGHG2*02 (CH1 T26>Q (131) (114-211), hinge (212-229), CH2 (230-339), CH3 (340-446), CHS (447-448)) (114-448)], (128-218')-disulfide with V-kappa-C-lambda light chain chimeric (1'-219') [*Mus musculus* V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV8-30*01 -IGKJ5*01) [12.3.9] (1'-112') -*Canis lupus familiaris* IGL1CS1*01 V45.3>I (162) (114'-219'))]; dimer (225-225'':228-228'')-bisdisulfide

immunoglobuline G2_V-kappa-C-lambda, anti-[**Canis lupus familiaris** MS4A1 (membre 1 de la sous-famille A à 4 domaines transmembranaires, CD20)], anticorps monoclonal caninisé; chaîne lourde gamma2 chimérique (1-448) [*Mus musculus* VH (*Mus musculus* IGHV1-15*01 -(IGHD) -IGHJ1*03) [8.8.6] (1-113) -*Canis lupus familiaris* IGHG2*02 (CH1 T26>Q (131) (114-211), charnière (212-229), CH2 (230-339), CH3 (340-446), CHS (447-448)) (114-448)], (128-218')-disulfure avec la chaîne légère V-kappa-C-lambda chimérique (1'-219') [*Mus musculus* V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV8-30*01 -IGKJ5*01) [12.3.9] (1'-112') -*Canis lupus familiaris* IGL1CS1*01 V45.3>I (162) (114'-219'))]; dimère (225-225'':228-228'')-bisdisulfure

immunoglobulina G2_V-kappa-C-lambda, anti-[**Canis lupus familiaris** MS4A1 (miembro 1 de la subfamilia A con 4 dominios transmembranarios, CD20)], anticuerpo monoclonal caninizado; cadena pesada gamma2 quimérica (1-448) [*Mus musculus* VH (*Mus musculus* IGHV1-15*01 -(IGHD) -IGHJ1*03) [8.8.6] (1-113) -*Canis lupus familiaris* IGHG2*02 (CH1 T26>Q (131) (114-211), bisagra (212-229), CH2 (230-339), CH3 (340-446), CHS (447-448)) (114-448)], (128-218')-disulfuro con la cadena ligera V-kappa-C-lambda quimérica (1'-219') [*Mus musculus* V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV8-30*01 -IGKJ5*01) [12.3.9] (1'-112') -*Canis lupus familiaris* IGL1CS1*01 V45.3>I (162) (114'-219'))]; dímero (225-225'':228-228'')-bisdisulfuro

p.534 **tamtuvetmabum #**
 -535 tamtuvetmab
 tamtuvetmab
 tamtuvetmab

replace the description by the following one
remplacer la description par la suivante
sustitúyase la descripción por la siguiente

immunoglobulin G2_V-kappa-C-lambda, anti-[**Canis lupus familiaris** CD52], caninized monoclonal antibody;
 gamma2 heavy chain chimeric (1-456) [chimeric VH (*Rattus norvegicus* IGHV7S6*01 (97.00%) -(IGHD) - *Canis lupus familiaris* IGHJ-E2RCC8) [8.10.12] (1-121) -*Canis lupus familiaris* IGHG2*02 (CH1 (122-219), hinge (220-237), CH2 (238-347), CH3 (348-454), CHS (455-456))(122-456)], (136-212')-disulfide with V-kappa-C-lambda light chain chimeric (1'-213') [*Rattus norvegicus* V-KAPPA (*Rattus norvegicus* IGKV22S7 (93.70%) -IGKJ1*01) [6.3.9] (1'-107') - *Canis lupus familiaris* IGLC1S1*01 V45.3>I (156) (108'-213')]; dimer (233-233":236-236")-bisdisulfide

immunoglobuline G2_V-kappa-C-lambda, anti-[**Canis lupus familiaris** CD52], anticorps monoclonal caninisé;
 chaîne lourde gamma2 chimérique (1-456) [VH chimérique (*Rattus norvegicus* IGHV7S6*01 (97.00%) -(IGHD) -*Canis lupus familiaris* IGHJ-E2RCC8) [8.10.12] (1-121) -*Canis lupus familiaris* IGHG2*02 (CH1 (122-219), charnière (220-237), CH2 (238-347), CH3 (348-454), CHS (455-456)) (122-456)], (136-212')-disulfure avec la chaîne légère V-kappa-C-lambda chimérique (1'-213') [*Rattus norvegicus* V-KAPPA (*Rattus norvegicus* IGKV22S7 (93.70%) -IGKJ1*01) [6.3.9] (1'-107') -*Canis lupus familiaris* IGLC1S1*01 V45.3>I (156) (108'-213')]; dimère (233-233":236-236")-bisdisulfure

immunoglobulina G2_V-kappa-C-lambda, anti-[**Canis lupus familiaris** CD52], anticuerpo monoclonal caninizado;
 cadena pesada gamma2 quimérica (1-456) [VH quimérico (*Rattus norvegicus* IGHV7S6*01 (97.00%) -(IGHD) -*Canis lupus familiaris* IGHJ-E2RCC8) [8.10.12] (1-121) -*Canis lupus familiaris* IGHG2*02 (CH1 (122-219), bisagra (220-237), CH2 (238-347), CH3 (348-454), CHS (455-456))(122-456)], (136-212')-disulfuro con la cadena ligera V-kappa-C-lambda quimérica (1'-213') [*Rattus norvegicus* V-KAPPA (*Rattus norvegicus* IGKV22S7 (93.70%) -IGKJ1*01) [6.3.9] (1'-107') -*Canis lupus familiaris* IGLC1S1*01 V45.3>I (156) (108'-213')]; dímero (233-233":236-236")-bisdisulfuro

Recommended International Nonproprietary Names (Rec. INN): List 77
Dénominations communes internationales recommandées (DCI Rec.): Liste 77
Denominaciones Comunes Internacionales Recomendadas (DCI Rec.): Lista 77
(WHO Drug Information, Vol. 31, No. 1, 2017)

p.118 **ranevetmabum #**

-119 ranevetmab *replace the description by the following one*
 ranevetmab *remplacer la description par la suivante*
 ranevetmab *sustitúyase la descripción por la siguiente*

immunoglobulin G1-kappa, anti-[**Canis lupus familiaris** NGF (nerve growth factor, nerve growth factor beta polypeptide, NGFB, beta-NGF)], caninized monoclonal antibody;
 gamma1 heavy chain (1-453) [caninized VH (*Rattus norvegicus*IGHV5S13*01 (71.40%) -(IGHD)-IGHJ4*01) [8.7.16] (1-122) -*Canis lupus familiaris*IGHG1*01 (CH1 (123-219), hinge (220-233), CH2 (234-343), CH3 (344-451), CHS (452-453)) (123-453)], (137-213')-disulfide with kappa light chain (1'-217') [caninized V-KAPPA (*Rattus norvegicus*IGKV12S34*01 (76.80%) -IGKJ2-3*01) [6.3.9] (1'-107') -*Canis lupus familiaris*IGKC*01 (108'-213') -4-mer (214'-217')]; dimer (224-224'':226-226'':232-232'')-trisdifluide

immunoglobuline G2-kappa, anti-[**Canis lupus familiaris** NGF (facteur de croissance du nerf, facteur de croissance du nerf polypeptide bêta, NGFB, bêta-NGF)], anticorps monoclonal caninisé;
 chaîne lourde gamma2 (1-453) [VH caninisé (*Rattus norvegicus*IGHV5S13*01 (71.40%) -(IGHD)-IGHJ4*01) [8.7.16] (1-122) -*Canis lupus familiaris*IGHG1*01 (CH1 (123-219), charnière (220-233), CH2 (234-343), CH3 (344-451), CHS (452-453)) (123-453)], (137-213')-disulfure avec la chaîne légère kappa (1'-217') [V-KAPPA caninisé (*Rattus norvegicus*IGKV12S34*01 (76.80%) -IGKJ2-3*01) [6.3.9] (1'-107') -*Canis lupus familiaris*IGKC*01 (108'-213') -4-mer (214'-217')]; dimère (224-224'':226-226'':232-232'')-trisdifluide

inmunoglobulina G2-kappa, anti-[**Canis lupus familiaris** NGF (factor de crecimiento de los nervios, factor de crecimiento de nervios polipéptido beta, NGFB, beta-NGF)], anticuerpo monoclonal caninizado;
 cadena pesada gamma2 (1-453) [VH caninizado (*Rattus norvegicus*IGHV5S13*01 (71.40%) -(IGHD)-IGHJ4*01) [8.7.16] (1-122) -*Canis lupus familiaris*IGHG1*01 (CH1 (123-219), bisagra (220-233), CH2 (234-343), CH3 (344-451), CHS (452-453)) (123-453)], (137-213')-disulfuro con la cadena ligera kappa (1'-217') [V-KAPPA caninizado (*Rattus norvegicus*IGKV12S34*01 (76.80%) -IGKJ2-3*01) [6.3.9] (1'-107') -*Canis lupus familiaris*IGKC*01 (108'-213') -4-mer (214'-217')]; dímero (224-224'':226-226'':232-232'')-trisdifluide

Recommended International Nonproprietary Names (Rec. INN): List 79
Dénominations communes internationales recommandées (DCI Rec.): Liste 79
Denominaciones Comunes Internacionales Recomendadas (DCI Rec.): Lista 79
(WHO Drug Information, Vol. 32, No. 1, 2018)

p.170

suprimáse
 tiglato de tigilanol

insertese
 tiglato de tigilanol

Recommended International Nonproprietary Names (Rec. INN): List 81**Dénominations communes internationales recommandées (DCI Rec.): Liste 81****Denominaciones Comunes Internacionales Recomendadas (DCI Rec.): Lista 81****(WHO Drug Information, Vol. 31, No. 1, 2017)****olenasufligenum relduparvovecum #**

olenasufligene relduparvovec *A revised sequence has been uploaded to the INN MedNet, which includes three nucleotide insertions within the CAG promoter compared to the previous version, increasing the total length of the vector to 4075bp. The table of features was revised accordingly.*

olénasufligène relduparvovec *Une séquence révisée a été téléchargée sur MedNet DCI, et comprend trois insertions de nucléotides dans le promoteur CAG par rapport à la version précédente, augmentant la longueur totale du vecteur à 4075 pb. Le tableau des caractéristiques a été révisé en conséquence.*

olenasufligén relduparvovec *Se cargó una secuencia revisada en MedNet DCI e incluye tres inserciones de nucleótidos dentro del promotor CAG en comparación con la versión anterior, aumentando la longitud total del vector a 4075 pb. La tabla de características se revisó en consecuencia.*

Recommended International Nonproprietary Names (Rec. INN): List 83**Dénominations communes internationales recommandées (DCI Rec.): Liste 83****Denominaciones Comunes Internacionales Recomendadas (DCI Rec.): Lista 83****(WHO Drug Information, Vol. 34, No. 1, 2020)****p.41 efbemalenograstimum alfa #**

-42 efbemalenograstim alfa *replace the description and the structure by the following ones*

efbémalénograstim alfa *remplacer la description et la structure par les suivantes*

efbemalenograstim alfa *sustitúyase la descripción y la estructura por las siguientes*

human granulocyte colony-stimulating factor (G-CSF) fragment fused via a peptidyl linker to a human immunoglobulin G2 Fc fragment variant, dimer:

[human granulocyte colony-stimulating factor (G-CSF, pluripoiétin) short **V³⁶, S³⁷, E³⁸>del**] isoform (1-174)]-[GSG₃S(G₄S)₂ linker (175-190)]-[human immunoglobulin G2 Fc fragment (223 C-terminal residues) (*Homo sapiens*IGHG2*01 (natural S³⁴⁴>A variant); hinge (191-197), CH2 (P²⁹⁷>S) (198-306), CH3 (307-411), CHS (412-413) (191-413))] fusion protein, dimer (193-193':196-196')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa

fragment du facteur de stimulation des colonies de granulocytes humain (G-CSF) lié par un peptide à un variant du fragment Fc de l'immunoglobuline humaine G2, dimère:

[facteur humain de stimulation des colonies de granulocytes (G-CSF, pluripoiétine) **V³⁶, S³⁷, E³⁸>del**] isoforme courte (1-174)]-[GSG₃S(G₄S)₂ linker (175-190)]-[fragment Fc de l'immunoglobuline humaine G2 (résidus 223 C-terminaux) (*Homo sapiens*IGHG2*01 (variant naturel S³⁴⁴>A); charnière (191-197), CH2 (P²⁹⁷>S) (198-306), CH3 (307-411), CHS (412-413) (191-413))] protéine de fusion, dimère (193-193':196-196')-bisdisulfure, produit par des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

fragmento del factor de estimulación de las colonias de granulocitos humano (G-CSF) que se une por un péptido a una variante del fragment Fc de la inmunoglobulina humana G2, dímero:

[factor humano de estimulación de las colonias de granulocitos (G-CSF, pluripoyetina) [V³⁶, S³⁷, E³⁸-del] isoforma corta (1-174)]-[GS₃S(G₄S)₂ conector (175-190)]-[fragmento Fc de la inmunoglobulina humana G2 (residuo 223 C-terminal)] (*Homo sapiens* IGHG2*01 (variante natural S³⁴⁴>A); bisagra (191-197), CH2 (P²⁹⁷>S) (198-306), CH3 (307-411), CHS (412-413) (191-413)) proteína de fusión, dímero (193-193':196-196')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hamsters chinos (CHO), glicoforma alfa

Sequence / Séquence / Secuencia:

```
TPLGPASSLP QSFLLKCLEQ VRKIQGDGAA LQEKLCATYK LCHPEELVLL 50
GHSLGIPWAP LSSCPQSALQ LAGCLSQLHS GLFLYQGLLQ ALEGISPELG 100
PTLDTLQLDV ADFATTIWQQ MEELGMAPAL QPTQGAMPAF ASAFQRRAGG 150
VLVASHLQSF LEVSYRVLRH LAQPGSGGGG GGGGSGGGGS VECPPCPAPP 200
VAGPSVFLFP PKPKDTLMIS RTPEVTCVVV DVSHEDEVEQ FNWYVDGVEV 250
HNAKTKPRE QFNSTFRVVS VLTVVHQDWL NGKEYCKKVS NKGLPASIEK 300
TISKTKGQPR EPQVYTLPPS REEMTKNQVS LTCLVKGFYP SDIAVEWESN 350
GQPENNYKTT PPM L DSDGSF FLYSKLTVDK SRWQQGNVFS CSMVEALHN 400
HYTQKSLSL PGK 413
```

Disulfide bridge location / Position de la pont disulfure / Posición del puente disulfuro:

intra-G-CSF: 36-42, 64-74, 36'-42', 64'-74'

intra-IgG2 Fc: 227-287, 333-391, 227'-287', 333'-391'

inter-IgG2 Fc: 193-193', 196-196'

Glycosylation sites / Sites de glycosylation / Posiciones de glicosilación

N-linked glycans: Asn263, Asn263'

O-linked glycans: Thr133, Thr133'

p.298
-299

narsoplimab #

narsoplimab
narsoplimab
narsoplimab

replace the description by the following one
remplacer la description par la suivante
sustitúyase la descripción por la siguiente

immunoglobulin G4-lambda, anti-[*Homo sapiens* MASP2 (mannan-binding lectin serine peptidase 2, mannan-binding lectin serine protease 2, mannan-binding lectin serine protease 1 pseudogene 1, MASP1P1)], *Homo sapiens* monoclonal antibody; **gamma4** heavy chain *Homo sapiens* (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV2-26*01 (94.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) [10.7.10] (1-118) -*Homo sapiens* IGHG4*01 (CH1 (119-216), hinge 1-12 S10>P (226) (217-228), CH2 (229-338), CH3 (339-443), CHS (444-445)) (119-445)], (132-211')-disulfide with lambda light chain *Homo sapiens* (1'-212') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV3-1*01 (93.5%) -IGLJ2*01 (100%)) [6.3.9] (1'-106') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (107'-212')]; dimer (224-224'':227-227'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO)-S cell line, glycoform alfa

immunoglobuline G4-lambda, anti-[*Homo sapiens* MASP2 (sérine peptidase 2 de la lectine liant le mannane, sérine protéase 2 de la lectine liant le mannane, pseudogène 1 de la protéase 1 de la lectine liant le mannane, MASP1P1)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*; chaîne lourde **gamma4** *Homo sapiens* (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV2-26*01 (94.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) [10.7.10] (1-118) -*Homo sapiens* IGHG4*01 (CH1 (119-216), charnière 1-12 S10>P (226) (217-228), CH2 (229-338), CH3 (339-443), CHS (444-445)) (119-445)], (132-211')-disulfure avec la chaîne légère lambda *Homo sapiens* (1'-212') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV3-1*01 (93.5%) -IGLJ2*01 (100%)) [6.3.9] (1'-106') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (107'-212')]; dimère (224-224'':227-227'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamsters chinois (CHO) lignée cellulaire S, glycoforme alfa

inmunoglobulina G4-lambda, anti-[*Homo sapiens* MASP2 (serina peptidasa 2 de la lectina que se une al manano, serina proteasa 2 de la lectina unida al manano, pseudogen 1 de la proteasa 1 de la lectina unida al manano, MASP1P1)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*; cadena pesada gamma4 *Homo sapiens* (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV2-26*01 (94.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) [10.7.10] (1-118) - *Homo sapiens* IGHG4*01 (CH1 (119-216), bisagra 1-12 S10>P (226) (217-228), CH2 (229-338), CH3 (339-443), CHS (444-445)) (119-445)], (132-211')-disulfuro con la cadena ligera lambda *Homo sapiens* (1'-212') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV3-1*01 (93.5%) -IGLJ2*01 (100%)) [6.3.9] (1'-106') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (107'-212')]; dímero (224-224":227-227")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hamsters chinos (CHO) línea celular S, glicofoma alfa

Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 122

Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 122

Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 122

(WHO Drug Information, Vol. 33, No. 2, 2019)

p.831 eflepedocokinum alfa#

-832 eflepédocokine alfa *remplacer la description par la suivante*
 eflepedocokina alfa *sustitúyase la descripción por la siguiente*

interleukine 22 humaine (IL22, cytokine Zcyto18, facteur inductible dérivé des lymphocytes T lié à IL10, IL-TIF) (1-146), fusionnée via un peptide liant GSG₃S(G₄S)₂ (147-162) au fragment Fc C-terminal de l'immunoglobuline G2 humaine (163-385), P²⁶⁹>S-mutant **S³¹⁶>A-variant**, dimère (165-165':168-168')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

interleukina 22 humana (IL22, citoquina Zcyto18, factor inducible derivado de los linfocitos T relacionado con IL10, IL-TIF) (1-146), fusionada a través de un péptido que se une a GSG₃S(G₄S)₂ (147-162) con el fragmento Fc C-terminal de la inmunoglobulina G2 humana (163-385), P²⁶⁹>S-mutante **S³¹⁶>A-variante**, dímero (165-165':168-168')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hamster chino (CHO), glicofoma alfa

Procedure and Guiding Principles / Procédure et Directives / Procedimientos y principios generales

The text of the *Procedures for the Selection of Recommended International Nonproprietary Names for Pharmaceutical Substances* and *General Principles for Guidance in Devising International Nonproprietary Names for Pharmaceutical Substances* will be reproduced in proposed INN lists only.

Les textes de la *Procédure à suivre en vue du choix de dénominations communes internationales recommandées pour les substances pharmaceutiques* et des *Directives générales pour la formation de dénominations communes internationales applicables aux substances pharmaceutiques* seront publiés seulement dans les listes des DCI proposées.

El texto de los *Procedimientos de selección de denominaciones comunes internacionales recomendadas para las sustancias farmacéuticas* y de los *Principios generales de orientación para formar denominaciones comunes internacionales para sustancias farmacéuticas* aparece solamente en las listas de DCI propuestas.