

International Nonproprietary Names for Pharmaceutical Substances (INN)

RECOMMENDED International Nonproprietary Names: List 91

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 91

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 91

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: Recommended INN	Chemical name or description; Molecular formula; Graphic formula
DCI Recommandée	Nom chimique ou description; Formule brute; Formule développée
DCI Recomendada	Nombre químico o descripción; Fórmula molecular; Fórmula desarrollada

abefolastatum tesaroxetanum

abefolastat tesaroxetan

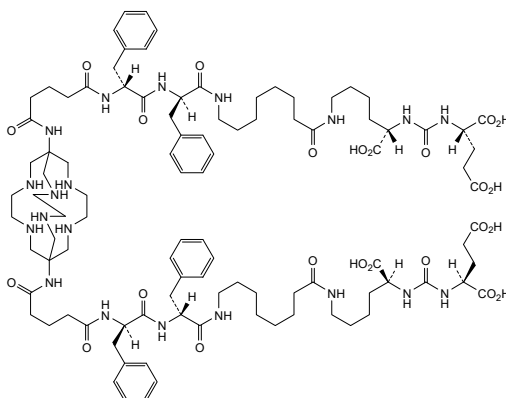
(3*S*,3'*S*,7*S*,7'*S*,23*R*,23'*R*,26*R*,26'*R*)-32,32'-
[(3,6,10,13,16,19-hexaazabicyclo[6.6.6]icosane-1,8-
diyl)bis(azanediyl)]bis(23,26-dibenzyl-5,13,22,25,28,32-
hexaoxo-4,6,12,21,24,27-hexaazadotriacontane-1,3,7-
tricarboxylic acid

abéfolastat tésaroxétan

acide (3*S*,3'*S*,7*S*,7'*S*,23*R*,23'*R*,26*R*,26'*R*)-32,32'-
[(3,6,10,13,16,19-hexaazabicyclo[6.6.6]icosane-1,8-
diyl)bis(azanediyl)]bis(23,26-dibenzyl-5,13,22,25,28,32-
hexaoxo-4,6,12,21,24,27-hexaazadotriacontane-1,3,7-
tricarboxylique)

abefolastat tesaroxetán

ácido (3*S*,3'*S*,7*S*,7'*S*,23*R*,23'*R*,26*R*,26'*R*)-32,32'-
[(3,6,10,13,16,19-hexaazabicyclo[6.6.6]icosano-1,8-
diil)bis(azanodiiil)]bis(23,26-dibencil-5,13,22,25,28,32-
hexaoxo-4,6,12,21,24,27-hexaazadotriacontano-1,3,7-
tricarboxílico)

C₁₀₀H₁₅₀N₂₀O₂₄

abiprubartum #

abiprubart

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD40 (TNFRSF5, tumor necrosis factor receptor (TNFR) superfamily member 5, p50)], humanized monoclonal antibody;
 gamma4 heavy chain humanized(1-441) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-3*01 (83.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.7] (26-33.51-58.97-103)) (1-114)-*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10 (CH1 (115-212), hinge 1-12 S10>P (222) (213-224), CH2 L92 (303) (225-334), CH3 (335-439), CHS (440-441)) (115-441)], (128-213')-disulfide with kappa light chain humanized(1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*01 (82.1%) -IGKJ4*01 (91.7%), 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 (220-220":223-223")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-DG44, glycoform alfa

abiprubart

immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD40 (TNFRSF5, membre 5 de la superfamille des récepteurs des facteurs de nécrose tumorale (TNFR), p50)], anticorps monoclonal humanisé;
 chaîne lourde gamma4 humanisée (1-441) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-3*01 (83.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.7] (26-33.51-58.97-103)) (1-114)-*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10 (CH1 (115-212), charnière 1-12 S10>P (222) (213-224), CH2 L92 (303) (225-334), CH3 (335-439), CHS (440-441)) (115-441)], (128-213')-disulfure avec la chaîne légère kappa humanisée (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*01 (82.1%) -IGKJ4*01 (91.7%), 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 (220-220":223-223")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-DG44, glycoforme alfa

abiprubart

immunoglobulina G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD40 (TNFRSF5, miembro 5 de la superfamilia de los receptores de los factores de necrosis tumoral (TNFR), p50)], anticuerpo monoclonal humanizado;
 cadena pesada gamma4 humanizada (1-441) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-3*01 (83.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.7] (26-33.51-58.97-103)) (1-114)-*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10 (CH1 (115-212), bisagra 1-12 S10>P (222) (213-224), CH2 L92 (303) (225-334), CH3 (335-439), CHS (440-441)) (115-441)], (128-213')-disulfuro con la cadena ligera kappa humanizada (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*01 (82.1%) -IGKJ4*01 (91.7%), 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 (220-220":223-223")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-DG44, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
 QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT NYMHWVRQA PGQRLEWIGY 50
 INPSNDYTKY NQKFKDRATL TADKSANTAY MELSSLSRSED TAVVYCARQG 100
 FPYWGGQGLV TVSSASTKGP SVFPLAPCSR STSESTAALG CLVKDYFPEP 150
 VTVSWNSGAL TSGVHTFPAV LQSSGLYSLS SVVTVPSSSL GTKTYTCNVD 200
 HKPSNTKVDK RVESKYGFPC PFCPAPEFLG GPSVFLFPPK PKDTLMISR 250
 PEVTCVVVDV SQEDPEVQFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQF NSTYRVVSVL 300
 TVLHQDLNKG KEYKCKVSNK GLPSSIEKTI SKAKGQPREP QVYTLPPSQE 350
 EMTKNQVSLT CLVKGIFYPSD IAEWESNQG PENNYKTFPP VLSDSGSFFL 400
 YSRLLTVDKSR WQEGNVFSCS VMHEALHNHY TQKLSLSLSPG K 441

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
 EIVLTQSPAT LSLSPGERAT LSCSASSSVS YMHWYQQKPG QAPRRWIYDT 50
 SKLASGVPAR FSGSGSGTDY TLTISSELEPE DFAVYYCQQL SSDPFTFGGG 100
 TKVEIKRTVA AFSVFIFFPS DEQLKSGTAS VVCLLNHFYP REAKVQMKVD 150
 NALQSGNSQE SVTEQDSKDS TYSLSSTLTL SKADYEKHKV YACEVTHQGL 200
 SSPVTKSFNR GEC 213

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-96 141-197 255-315 361-419
 22"-96" 141"-197" 255"-315" 361"-419"
 Intra-L (C23-C104) 23"-87" 133"-193"
 23"-87" 133"-193"
 Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 128-213" 128"-213"
 Inter-H-H (h 8, h 11) 220-220" 223-223"

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

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
 H CH2 N84.4: 291, 291"
 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: 441, 441"

alexatatumum #
 alexatatum

immunoglobulin G1-lambda7, anti-[*Homo sapiens* tumor-restricted extracellular ribonucleoprotein (RNP) complex containing PABPC1 (polyadenylate-binding protein cytoplasmic 1, PABP1) bound to poly(A)RNA], *Homo sapiens* monoclonal antibody; gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-469) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-15*02 (95.0%) -(IGHD) -IGHJ6*04 (85.0%), CDR-IMGT [8.10.31] (26-33.51-60.99-129)) (1-140) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%), G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (237) (141-238), hinge 1-15 (239-253), CH2 (254-363), CH3 E12 (379), M14 (381) (364-468), CHS K2>del (469)) (141-469)], (243-215')- disulfide with lambda7 light chain *Homo sapiens* (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-47*01 (93.8%) -IGLJ2*01 (100%), CDR-IMGT [8.3.11] (26'-33'.51'-53'.90'-100')) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC7*01 (100%) (111'-216')]; dimer (249-249":252-252")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform afa

alexatatum

immunoglobuline G1-lambda7, anti-[*Homo sapiens* complexe ribonucléoprotéique (RNP) extracellulaire et restreint à la tumeur contenant PABPC1 (protéine cytoplasmique 1 fixant le polyadénylate, PABP1) liée à l'ARNpoly(A)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*; chaîne lourde gamma1 *Homo sapiens* (1-469) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-15*02 (95.0%) -(IGHD) -IGHJ6*04 (85.0%), CDR-IMGT [8.10.31] (26-33.51-60.99-129)) (1-140) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%), G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (237) (141-238), charnière 1-15 (239-253), CH2 (254-363), CH3 E12 (379), M14 (381) (364-468), CHS K2>del (469)) (141-469)], (243-215')- disulfure avec la chaîne légère lambda7 *Homo sapiens* (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-47*01 (93.8%) -IGLJ2*01 (100%), CDR-IMGT [8.3.11] (26'-33'.51'-53'.90'-100')) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC7*01 (100%) (111'-216')]; dimère (249-249":252-252")-bisdisulfure, produit dans des cellules de hamster chinois, lignée CHO-K1, glycoforme afa

110') -*Homo sapiens* IGLC7*01 (100%) (111'-216')); dimère (249-249":252-252")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa

alexstatug

inmunoglobulina G1-lambda7, anti-[*Homo sapiens* complejo ribonucleoproteico (RNP) extracelular y restringido al tumor que contiene PABPC1 (proteína citoplasmática 1 que fija el poliadenilato, PABP1) de unión al ARNpoli(A)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*; cadena pesada gamma1 *Homo sapiens* (1-469) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-15*02 (95.0%) -(IGHD) -IGHJ6*04 (85.0%), CDR-IMGT [8.10.31] (26-33.51-60.99-129)) (1-140) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%), G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (237) (141-238), bisagra 1-15 (239-253), CH2 (254-363), CH3 E12 (379), M14 (381) (364-468), CHS K2>del (469)) (141-469)], (243-215')- disulfuro con la cadena ligera lambda7 *Homo sapiens* (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-47*01 (93.8%) -IGLJ2*01 (100%), CDR-IMGT [8.3.11] (26'-33'.51'-53'.90'-100')) (1'-110') - *Homo sapiens* IGLC7*01 (100%) (111'-216')]; dímero (249-249":252-252")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

EVQLVESGGA	LVKPGGSLRL	SCAASGFTFS	KAWMSWVRQA	PGKGLEWVGR	50
IKSVTDEGETT	DYAAPVKGRF	TISRDDSKST	LYLQMNLSKT	EDTAVYYCTS	100
SFCCRGGSCP	SHDTSYCGGQ	YKSYYYMDVW	GKGGTTVTVSS	ASTKGPSVFP	150
LAPSSKSTSG	GTAALGLGLVK	DYFPEPVTVS	WNSGALTSGV	HTFPAVLQSS	200
GLYLSSSVVT	VPSSSLGTQT	YICNVNHPKS	NTKVDKRVPE	KSCDKTHTCP	250
PCPAPELLGG	PSVFLFPPPK	KDTLMISRTTP	EVTQVVDVDS	HEDPEVKFNV	300
YVDGVEVHNA	KTKPREEQYN	STYRVVSVLT	VLHQDWLNGK	EYKCKVSNKA	350
LPAPIEKTTIS	KAKGQPREPQ	VYTLPPSREE	MTKQVQLTLC	LVKGYPSDI	400
AVEWESNGQP	ENNYKTTTPV	LDSGDSFFLY	SKLTVDKSRW	QQGNVFCSCV	450
MHEALHNHYT	QKSLSLSPG				469

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

QSVLTQPPSA	SGTPGQRTVI	SCSGSSSNIG	SSSVSWYQQL	PGTAPKLLIY	50
KNNQRPSGVP	DRFSGSKSGT	SASLAISGLR	SEDEADYYCS	TWDDLSVVRV	100
FGGGTKLTVL	GQPKAAPSVT	LFPPSSEELQ	ANKATLVCLV	SDFYPGAVTV	150
AWKADGSPVK	GVGVTTRKPSK	QSNKYAASS	YLSLTPEQWK	SHRSYSYCRVT	200
HEGSTVEKTV	APAECSS				216

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
 Intra-H (C23-C104) 22'-98" 167'-223" 284'-344" 390'-448"
 22"-98" 167"-223" 284"-344" 390"-448"
 Intra-H CDR3-IMGT* 103'-117" 104'-109"
 103"-117" 104"-109"
 Intra-L (C23-C104) 22'-89" 138'-197"
 22"-89" 138"-197"
 Inter-H-L (h 5-CL 126) 243'-215" 243'-215"
 Inter-H-H (h 11, h 14) 249'-249" 252'-252"
 * Additional disulfide bridges CDR3-IMGT numbering: 109-112.7, 110-111.4

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

Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl) / pyroglutamyle (pE, 5-oxopropyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)
 L VL V-LAMBDA Q1: 1, 1"

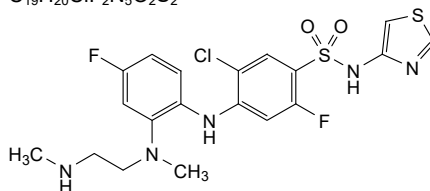
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
 H CH2 N84.4: 320, 320"

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

alisvetcelum
 alisvetcel

equine allogeneic chondrogenic-induced mesenchymal stromal/stem cells (MSCs), isolated from peripheral blood mononuclear cells (PBMCs) collected from donor horses. The MSCs are selected for by growing the PBMCs in media containing fetal bovine serum (FBS) and dexamethasone. The cells are then

	<p>expanded in media containing FBS, and prior to differentiation towards chondrocytes by growth in media containing FBS, transforming growth factor beta-3 (TGF-β3) and insulin-like growth factor I (IGF-I).</p> <p>The final cells have a cobblestone morphology, express cellular surface markers CD90 (≥95%) and CD40 (≥85%) and are negative for MHC class II expression (≤2%). The cells secrete prostaglandin E2 (PGE2) and upregulate the cartilage oligomeric matrix protein (COMP) gene (>2.6 fold). The homogenous adhesion of the cells to cartilage lesions is measured using <i>ex vivo</i> cartilage explants</p>
alisvetcel	<p>cellules souches/stromales mésenchymateuses (CSM) allogènes équines induites par chondrogenèse, isolées à partir de cellules mononucléaires de sang périphérique (PBMC) prélevées sur des chevaux donateurs. Les CSM sont sélectionnées en cultivant les PBMC dans un milieu contenant du sérum bovin fœtal (FBS) et de la dexaméthasone. Les cellules sont ensuite amplifiées dans un milieu contenant du FBS, et avant la différenciation en chondrocytes par croissance dans un milieu contenant du FBS, du facteur de croissance transformant bêta-3 (TGF-β3) et du facteur de croissance analogue à l'insuline I (IGF-I).</p> <p>Les cellules finales ont une morphologie en forme de pavé, expriment les marqueurs de surface cellulaire CD90 (≥95%) et CD40 (≥85%) et sont négatives pour l'expression du CMH de classe II (≤2%). Les cellules sécrètent de la prostaglandine E2 (PGE2) et régulent à la hausse le gène de la protéine de la matrice oligomérique du cartilage (COMP) (>2.6 fois). L'adhésion homogène des cellules aux lésions cartilagineuses est mesurée en utilisant des explants de cartilage <i>ex vivo</i></p>
alisvetcel	<p>células madre/estromales mesenquimales (MSC) equinas, alogénicas, inducidas a condrogenia, aisladas de células mononucleares de sangre periférica (PBMCs) recogida de caballos donantes. Las MSCs se seleccionan mediante crecimiento de las PBMCs en medio que contiene suero bovino fetal (FBS) y dexametasona. Las células se expanden después en medio que contiene FBS, y antes de la diferenciación hacia condrocitos mediante crecimiento en medio que contiene FBS, factor de crecimiento transformante beta-3 (TGF-β3) y factor de crecimiento similar a insulina I (IGF-I).</p> <p>Las células finales tienen una morfología de empedrado, expresan los marcadores de superficie CD90 (≥95%) y CD40 (≥85%) y son negativas para MHC de clase II (≤2%). Las células secretan prostaglandina E2 (PGE2) y sobre regulan el gen de la proteína de matriz oligomérica del cartílago (COMP) (>2.6 veces). La adhesión homogénea de las células a lesiones de cartílago se mide usando explantes de cartílago <i>ex vivo</i></p>
aneratriginum aneratrigrine	<p>5-chloro-2-fluoro-4-(4-fluoro-2-{methyl[2-(methylamino)ethyl]amino}anilino)-N-(1,3-thiazol-4-yl)benzene-1-sulfonamide</p>
anéatrigrine	<p>5-chloro-2-fluoro-4-(4-fluoro-2-{méthyl[2-(méthylamino)éthyl]amino}anilino)-N-(1,3-thiazol-4-yl)benzène-1-sulfonamide</p>
aneratrigrina	<p>5-cloro-2-fluoro-4-(4-fluoro-2-{metil[2-(metilamino)etil]amino}anilino)-N-(1,3-tiazol-4-il)benceno-1-sulfonamida</p>

**arbemnisofosbuvirum**

arbemnisofosbuvir

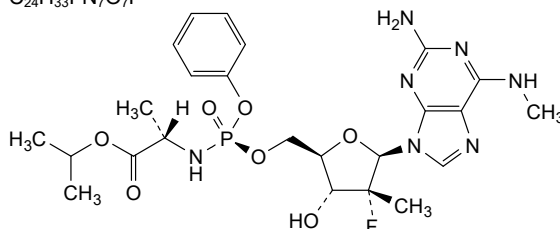
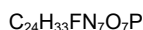
propan-2-yl *N*-[(*P*^{5'}*R*,2'*R*)-2-amino-2'-deoxy-2'-fluoro-*N*⁶,2'-dimethyl-*O*^P-phenyl-5'-adenylyl]-L-alaninate

arbemnisofosbuvir

N-[(*P*^{5'}*R*,2'*R*)-2-amino-2'-desoxy-2'-fluoro-*N*⁶,2'-diméthyl-*O*^P-phényl-5'-adénylyl]-L-alaninate de propan-2-yle

arbemnisofosbuvir

N-[(*P*^{5'}*R*,2'*R*)-2-amino-2'-desoxi-*O*^P-fenil-2'-fluoro-*N*⁶,2'-dimetil-5'-adenilil]-L-alaninato de propan-2-ilo

**atilotelvirum**

atilotelvir

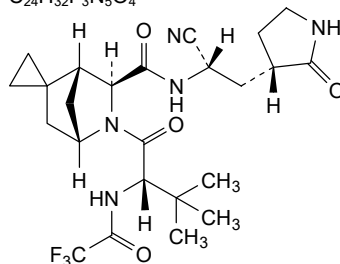
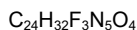
(1*R*,4*S*,6*S*)-*N*-((1*S*)-1-cyano-2-[(3*S*)-2-oxopyrrolidin-3-yl]ethyl)-5-[(2*S*)-3,3-dimethyl-2-(2,2,2-trifluoroacetamido)butanoyl]-5-azaspiro[bicyclo[2.2.1]heptane-2,1'-cyclopropane]-6-carboxamide

atilotelvir

(1*R*,4*S*,6*S*)-*N*-((1*S*)-1-cyano-2-[(3*S*)-2-oxopyrrolidin-3-yl]éthyl)-5-[(2*S*)-3,3-diméthyl-2-(2,2,2-trifluoroacétamido)butanoyl]-5-azaspiro[bicyclo[2.2.1]heptane-2,1'-cyclopropane]-6-carboxamide

atilotelvir

(1*R*,4*S*,6*S*)-*N*-((1*S*)-1-ciano-2-[(3*S*)-2-oxopirrolidin-3-il]etil)-5-[(2*S*)-3,3-dimetil-2-(2,2,2-trifluoroacetamido)butanoyl]-5-azaespiro[biciclo[2.2.1]heptano-2,1'-ciclopropano]-6-carboxamida



avenciguatum

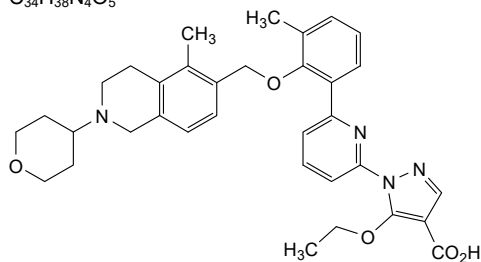
avenciguat

1⁵-ethoxy-3³,6⁵-dimethyl-4-oxa-6(6,2)-isoquinolina-2(2,6)-pyridina-1(1)-pyrazola-7(4)-oxana-3(1,2)-benzenaheptaphane-1⁴-carboxylic acid

avenciguat

acide 1⁵-éthoxy-3³,6⁵-diméthyl-4-oxa-6(6,2)-isoquinoléina-2(2,6)-pyridina-1(1)-pyrazola-7(4)-oxana-3(1,2)-benzénaheptaphane-1⁴-carboxylique

avenciguat

ácido 1⁵-etoxi-3³,6⁵-dimetil-4-oxa-6(6,2)-isoquinoleína-2(2,6)-piridina-1(1)-pirazola-7(4)-oxana-3(1,2)-bencenaheptafano-1⁴-carboxílicoC₃₄H₃₈N₄O₅**bavtavinum**

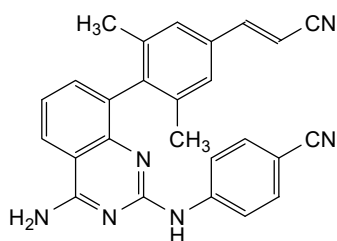
bavtavirine

4-[[4-amino-8-{4-[(1*E*)-2-cyanoethen-1-yl]-2,6-dimethylphenyl}quinazolin-2-yl)amino]benzotrile

bavtavirine

4-[[4-amino-8-{4-[(1*E*)-2-cyanoéthén-1-yl]-2,6-diméthylphényl}quinazolin-2-yl)amino]benzotrile

bavtavirina

4-[[4-amino-8-{4-[(*E*)-2-cianoeten-1-il]-2,6-dimetilfenil}quinazolin-2-il)amino]benzotriloC₂₆H₂₀N₆**bemfivastatinum**

bemfivastatin

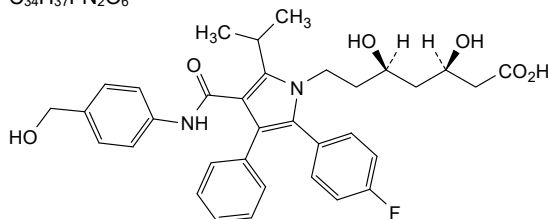
(3*R*,5*R*)-7-[2-(4-fluorophenyl)-4-[[4-(hydroxymethyl)phenyl]carbonyl]-3-phenyl-5-(propan-2-yl)-1*H*-pyrrol-1-yl]-3,5-dihydroxyheptanoic acid

bemfivastatine

acide (3*R*,5*R*)-7-[2-(4-fluorophényl)-4-[[4-(hydroxyméthyl)phényl]carbonyl]-3-phényl-5-(propan-2-yl)-1*H*-pyrrol-1-yl]-3,5-dihydroxyheptanoïque

bemfivastatina

ácido (3*R*,5*R*)-7-[3-fenil-2-(4-fluorofenil)-4-[[4-(hidroximetil)fenil]carbamoil]-5-(propan-2-il)-1*H*-pirrol-1-il]-3,5-dihidroxiheptanoico

C₃₄H₃₇FN₂O₆

bemiltenasum alfa #

bemiltenase alfa

Daboia siamensis metalloproteinase (human coagulation factor X-activating enzyme, RVV-X, russellysin, snake venom metalloproteinase (SVMP), EC 3.4.24.58), natural variant, covalent heterotrimer with alpha heavy chain (GenBank ID: AUF41652.1; 1-431, containing a metalloproteinase domain, a disintegrin (platelet aggregation inhibitor) domain and a cysteine-rich region) disulfide-bridged to beta light chain (GenBank ID: AUF41655; 1-135, C-type lectin-like domain) disulfide-bridged to gamma light chain (GenBank ID: AAB22478.1; 1-123, C-type lectin-like domain), purified from the venom of *Daboia siamensis*, glycoform alfa

bémiténase alfa

métalloprotéinase de *Daboia siamensis* (enzyme activant le facteur humain de coagulation X, RVV-X, russellysine, métalloprotéinase du venin de serpent (SVMP), EC 3.4.24.58), variant naturel, hétérotrimère covalent avec chaîne lourde alpha (GenBank ID: AUF41652.1; 1-431, contenant un domaine métalloprotéinase, un domaine désintégrine (inhibiteur de l'agrégation plaquettaire) et une région riche en cystéine) réuni par un pont disulfure à la chaîne légère bêta (GenBank ID: AUF41655; 1-135, domaine de type lectine) réuni par un pont disulfure à la chaîne légère gamma (GenBank ID: AAB22478.1; 1-123, domaine similaire à la lectine de type C), purifié à partir du venin de *Daboia siamensis*, glycoforme alfa

bemiltenasa alfa

Daboia siamensis metalloproteinasa (factor X de coagulación humano-activador de la enzima, RVV-X, russellisina, metalloproteinasa de veneno de serpiente (SVMP), EC 3.4.24.58), variante natural, heterotrimerico covalente con cadena pesada alfa (GenBank ID: AUF41652.1; 1-431, que contiene un dominio de metalloproteinasa, un dominio de desintegrina (inhibidor de la agregación plaquetaria) y una región rica en cisteína) unido a través de puentes disulfuro a la cadena ligera beta (GenBank ID: AUF41655; 1-135, dominio de tipo C similar a la lectina) unido a través de un puente disulfuro a la cadena ligera gamma (GenBank ID: AAB22478.1; 1-123, dominio de tipo C similar a la lectina), purificado del veneno de *Daboia siamensis*, forma glicosilada alfa

alpha heavy chain (H)

LVATSAQFNK	AFIELIIIVD	HSMAKKCNST	ATNTKIYEIV	NSANEIFNPL	50
NIHVTLIGVE	FWCDRLINV	TSSADETLDS	FGEWRASDLM	TRKSHDNALL	100
FTDMRFDLNT	LGITFLAGMC	QAYRSVGIQV	VQGNRNFKTA	VIMAHLSHN	150
LGMYHDGKNC	ICNDSSCVMS	PVLSDQPSKL	FSNCSIHDYQ	RYLTRYKPKC	200
ILYPPLRKDI	VSPPVCGNEI	WEEGEECDGC	SPADCQNPC	DAATCKLKP	250
AECGNGLCCY	QCKIKTAGTV	CRRARNECDV	PEHCTGQSAE	CPRDQLQNG	300
QPCQNRGYC	YNGDCPIMRN	QCISLFGSRA	NVAKDSCFQE	NLKGSSYYGYC	350
RKENGKIPK	APQDVKCGRL	FCLNNSPGNK	NPCNMHYSKM	DQHKGMVDPG	400
TKCEDGKVCN	NKRQCVDVNT	AYQSTTGFSQ	I		431

beta light chain (L')

GLDCPPDSSL	YRYFCYRVFK	EHKTWEAAER	FCMEHPNNGH	LVSVESMEEA	50
EFVAKLLSNI	TEKFITHFWI	GLMIKDKEQE	CSSEWSGDSS	VSYDNLDKRE	100
FRKCFVLEKE	SGYRMWFNRR	CEERYLFVCK	VPPEC		135

gamma light chain (L'')

VLDPCSGWLS	YEQHCYKGFN	DLKNWTDAEK	FCTEQKKGSH	LVLSHSREEE	50
EFVNNLISEN	LEYPATWIGL	GNMWKDCRME	WSDRGNVKYK	ALAEESYCLI	100
MITHEKEWKS	MTCNFIAPVV	CKF			123

Post-translational modifications

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

Intra-alpha H chain: 120-200, 160-184, 162-167, 322-372, 337-383, 350-360, 403-415

Intra-beta L chain: 4'-15', 32'-129', 104'-121'

Intra-gamma L chain: 4''-15'', 32''-121'', 98''-113''

Inter-alpha H chain - beta L chain: 389-135'

Inter-beta L chain - gamma L chain: 81'-77''

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

alpha H chain: N28, N69, N163, N183

beta L chain: N59'

gamma L chain: N24''

bevemipretidum

bevemipretide

D-arginyl-N-[(1S)-5-amino-1-(3-benzyl-1,2,4-oxadiazol-5-yl)pentyl]-2,6-dimethyl-L-tyrosinamide

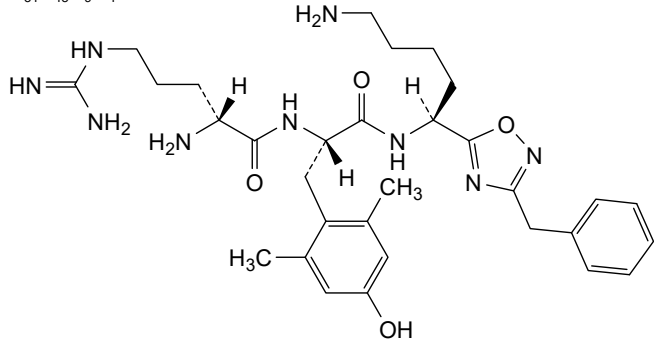
bévémiprétide

D-arginyl-N-[(1S)-5-amino-1-(3-benzyl-1,2,4-oxadiazol-5-yl)pentyl]-2,6-diméthyl-L-tyrosinamide

bevemipretida

D-arginil-N-[(1S)-5-amino-1-(3-bencil-1,2,4-oxadiazol-5-il)pentil]-2,6-dimetil-L-tirosinamida

C₃₁H₄₅N₉O₄



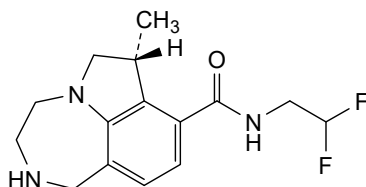
bexicaserinum

bexicaserin (7*R*)-*N*-(2,2-difluoroethyl)-7-méthyl-1,2,3,4,6,7-hexahydro[1,4]diazépine[6,7,1-*h*]indole-8-carboxamide

bexicasérine (7*R*)-*N*-(2,2-difluoroéthyl)-7-méthyl-1,2,3,4,6,7-hexahydro[1,4]diazépino[6,7,1-*h*]indole-8-carboxamide

bexicaserina (7*R*)-*N*-(2,2-difluoroetil)-7-metil-1,2,3,4,6,7-hexahidro[1,4]diazepino[6,7,1-*h*]indol-8-carboxamida

C₁₅H₁₉F₂N₃O

**bezetabartum #**

bezetabart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD74 (major histocompatibility complex class II invariant chain)], monoclonal antibody, modified at two specific positions with reactive 4-(azidomethyl)-L-phenylalanine residues;
 gamma1 heavy chain (1-454) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-30-5*03 (95.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (93.8%), CDR-IMGT [8.8.16] (27-34.52-59.98-113)) (1-124) -*Homo sapiens*IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (221) (125-222), hinge 1-15 (223-237), CH2 (238-347), CH3 E12 (363), M14 (365), F85.2>F (pAMF) (411) (348-452), CHS (453-454)) (125-454)], (227-215')-disulfide with kappa light chain (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-12*01 (92.6%) -IGKJ4*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')]; dimer (233-233":236-236")-bisdisulfide, produced by a cell-free protein expression system based on *Escherichia coli* lysate, non-glycosylated, substituted at C-4 of the two L-phenylalanyl residues 411 and 411" with azidomethyl (*tazide*) groups

bézétabart

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD74 (chaîne invariante du complexe majeur d'histocompatibilité de classe II)], anticorps monoclonal, modifié sur deux positions spécifiques avec des résidus 4-(azidométhyl)-L-phénylalanine réactifs;
 chaîne lourde gamma1 (1-454) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-30-5*03 (95.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (93.8%), CDR-IMGT [8.8.16] (27-34.52-59.98-113)) (1-124) -*Homo sapiens*IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (221) (125-222), charnière 1-15 (223-237), CH2 (238-347), CH3 E12 (363), M14 (365), F85.2>F (pAMF) (411) (348-452), CHS (453-454)) (125-454)], (227-215')-disulfure avec la chaîne légère kappa (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-12*01 (92.6%) -IGKJ4*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')]; dimère (233-233":236-236")-bisdisulfure, produit par un système acellulaire de l'expression des protéines à base de lysat d'*Escherichia coli*, non-glycosylé; substitué en C-4 des deux résidus L-phénylalanyle 411 et 411" avec des groupes azidométhyle (*tazide*)

bezeta bart

inmunoglobulina G1-kappa, anti- [*Homo sapiens* CD74 (cadena invariante del complejo mayor de histocompatibilidad de clase II)], anticuerpo monoclonal, modificado en dos posiciones específicas con residuos 4-(azidometil)-L-fenilalanina reactivos; cadena pesada gamma1 (1-454) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30-5*03 (95.9%) -(IGHD)-IGHJ6*01 (93.8%), CDR-IMGT [8.8.16] (27-34.52-59.98-113)) (1-124) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (221) (125-222), bisagra1-15 (223-237), CH2 (238-347), CH3 E12 (363), M14 (365), F85.2>F (pAMF) (411) (348-452), CHS (453-454)) (125-454)], (227-215')-disulfuro con la cadena ligera kappa (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (92.6%) -IGKJ4*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')]; dímero (233-233''-236-236'')-bisdisulfuro, producido por un sistema de expresión de proteínas sin células basado en lisado de *Escherichia coli*, no glicosilado; substituida en C-4 de los dos residuos de L-fenilalanilo 411' y 411'' con grupos azidometilo (*tazida*)

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

MQVQLVESGG	GVVQPGRSRLR	LSCAASGFNF	SDYGMHWVRQ	APGKGLEWVA	50
VIWYDGSISY	YADSVKGRFT	ISRDNKNTL	YLQMSLRAE	DTAVYYCARG	100
GTVEHGAVYG	TDVWQGTIV	TVSSASTKGP	SVFPLAPSSK	STSGGTAALG	150
CLVKDYFPEP	VTVSWNSGAL	TSGVHTFPAV	LQSSGLYSLS	SVVTVPSSSL	200
GTQTYICNVN	HKPSNTKVDK	KVEPKSCDKT	HTCPPCPAPE	LLGGPSVFLF	250
PPKPKDTLMI	SRTPEVTCVV	VDVSHEDPEV	KFNWYVDGVE	VHNAKTKPRE	300
EQYNSTYRVV	SVLTVLHQDW	LNGKEYKCKV	SNKALPAPIE	KTISKARGQP	350
REPQVYTLPP	SREEMTKNQV	SLTCLVKGFY	PSDIAVEWES	NGQPENNYKT	400
TPPVLDSDGS	F FLYSKLTVD	KSRWQQGNVF	SCSVMEALH	NHYTQKSLSL	450
SPGK					454

F non-natural amino acid *p*-azidomethyl-L-phenylalanine (pAMF) /
acide aminé non naturel *p*-azidométhyl-L-phénylalanine (pAMF) /
aminoácido no natural *p*-azidometil-L-fenilalanina (pAMF)

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

MDIQMTQSPS	SVSASVGDV	TITCRASQGI	GSWLAWYQQK	PGKAPKLLIY	50
AADRRLQSGVP	SRFSGSGSGT	DFTLTISLQ	PEDFATYYCQ	QYHYPLTFG	100
GGTKVEIKRT	VAAPSVFIFP	PSDEQLKSGT	ASVVCLLNLF	YPREAKVQWK	150
VDNALQSGNS	QESVTEQDSK	DSTYLSLSTL	TLSKADYEKH	KVYACEVTHQ	200
GLSSPVTKSF	NRGEC				215

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 23"-97" 151"-207" 268"-328" 374"-432"
23"-97" 151"-207" 268"-328" 374"-432"
Intra-L (C23-C104) 24"-89" 135"-195"
24"-89" 135"-195"
Inter-H-L (h 5-CL 126) 227"-215' 227"-215"
Inter-H-H (h 11, h 14) 233-233" 236-236"

N-terminal methionine / Méthionine N-terminale / Metionina N-terminal

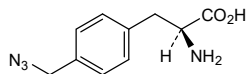
H VH M1.1: 1, 1"
L V-KAPPA M1.1: 1', 1"
No N-terminal methionine clipping (expressed in a cell-free expression system) / Pas de coupure de la méthionine N-terminale (exprimé dans un système d'expression acellulaire / Sin recorte de metionina N-terminal (expresado en un sistema de expresión libre de células)

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

H CH2 N84.4: 304, 304"
Aglycosylated (expressed in a cell-free expression system) / aglycosylé (exprimé dans un système d'expression acellulaire / aglicosilado (expresado en un sistema de expresión libre de células)

Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados

H CH3 F85.2>**F** (pAMF): 411, 411"



bezetabartum debotansinum

bezetabart debotansine

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD74 (major histocompatibility complex class II invariant chain)], monoclonal antibody, conjugated at C-4 of two specific phenylalanine residues with *N*²-deacetylmaytansine via a noncleavable linker;

gamma1 heavy chain (1-454) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30-5*03 (95.9%) -(IGHD) - IGHJ6*01 (93.8%), CDR-IMGT [8.8.16] (27-34.52-59.98-113)) (1-124) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (221) (125-222), hinge 1-15 (223-237), CH2 (238-347), CH3 E12 (363), M14 (365), F85.2>F (pAMF) (411) (348-452), CHS (453-454)) (125-454)], (227-215')-disulfide with kappa light chain (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (92.6%) - IGKJ4*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')]; dimer (233-233":236-236")-bisdisulfide; produced by a cell-free protein expression system based on *Escherichia coli* lysate, non-glycosylated; substituted at C-4 of the L-phenylalanyl residues 411 and 411" with {8-[(2*S*)-1-(((1⁴S,1⁶S,2*R*,3²S,3³S,4*S*,10*E*,12*E*,14*R*)-8⁶-chloro-1⁴-hydroxy-8⁵,14-dimethoxy-2,3³,7,10-tetramethyl-1²,6-dioxo-7-aza-1(6,4)-[1,3]oxazinana-3(2,3)-oxirana-8(1,3)-benzenacyclotetradecaphane-10,12-dien-4-yl]oxy)-2,3,9-trimethyl-1,4,8,24-tetraoxo-12,15,18,21-tetraoxa-3,9,25-triazaoctacosan-28-oyl]-8,9-dihydro-1*H*(or 3*H*)-dibenzo[*b,f*][1,2,3]triazolo[4,5-*d*]azocin-1(or 3-yl)methyl (debotansine) groups

bézétabart débotansine

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD74 (chaîne invariante du complexe majeur d'histocompatibilité de classe II)], anticorps monoclonal; conjugué en C-4 de deux résidus phénylalanine spécifiques avec *N*²-désacétylmaytansine via un linker non-clivable;

chaîne lourde gamma1 (1-454) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30-5*03 (95.9%) -(IGHD) - IGHJ6*01 (93.8%), CDR-IMGT [8.8.16] (27-34.52-59.98-113)) (1-124) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (221) (125-222), charnière 1-15 (223-237), CH2 (238-347), CH3 E12 (363), M14 (365), F85.2>F (pAMF) (411) (348-452), CHS (453-454)) (125-454)], (227-215')-disulfure avec la chaîne légère kappa (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (92.6%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (28'-33'.51'-53'.90'-98')) (1'-108') -*Homo sapiens*

bezetabart debotansina

IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (154'), V101 (192') (109'-215'); dimère (233-233":236-236")-bisdisulfure, produit par un système acellulaire de l'expression des protéines à base de lysat d'*Escherichia coli*, non-glycosylé; substitué en C-4 des résidus L-phénylalanyle 411 et 411" par des groupes {8-[(2S)-1-[[[(1⁴S,1⁶S,2R,3²S,3³S,4S,10E,12E,14R)-8⁶-chloro-1⁴-hydroxy-8⁵,14-diméthoxy-2,3³,7,10-tétraméthyl-1²,6-dioxo-7-aza-1(6,4)-[1,3]oxazinana-3(2,3)-oxirana-8(1,3)-benzénacyclotétradécaphane-10,12-diène-4-yl]oxy]-2,3,9-triméthyl-1,4,8,24-tétraoxo-12,15,18,21-tétraoxa-3,9,25-triazaoctacosan-28-oyl]-8,9-dihydro-1H(ou 3H)-dibenzo[b,f][1,2,3]triazolo[4,5-d]azocin-1(ou 3-yl)méthyle (débotansine)

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD74 (cadena invariante del complejo mayor de histocompatibilidad de clase II)], anticuerpo monoclonal; conjugado en C-4 de dos residuos de fenilalanina específicos con N²-desacetilmaitansina a través de un enlace no escindible;

cadena pesada gamma1 (1-454) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30-5*03 (95.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (93.8%), CDR-IMGT [8.8.16] (27-34.52-59.98-113)) (1-124) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (221) (125-222), bisagra 1-15 (223-237), CH2 (238-347), CH3 E12 (363), M14 (365), F85.2>F (pAMF) (411) (348-452), CHS (453-454)) (125-454)], (227-215')-disulfuro con la cadena ligera kappa (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (92.6%) -IGKJ4*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'); dímero (233-233":236-236")-bisdisulfuro, producido por un sistema de expresión de proteínas sin células basado en lisado de *Escherichia coli*, no glicosilado; substituido en C-4 de los residuos L-fenilalanilo 411 and 411" por los grupos {8-[(2S)-1-[[[(1⁴S,1⁶S,2R,3²S,3³S,4S,10E,12E,14R)-8⁶-cloro-1⁴-hidroxi-2,3³,7,10-tetrametil-8⁵,14-dimetoxi-1²,6-dioxo-7-aza-1(6,4)-[1,3]oxazinana-3(2,3)-oxirana-8(1,3)-bencenacicotetradecafano-10,12-dien-4-il]oxi]-2,3,9-trimetil-1,4,8,24-tetraoxo-12,15,18,21-tetraoxa-3,9,25-triazaoctacosan-28-oyl]-8,9-dihidro-1H(o 3H)-dibenzo[b,f][1,2,3]triazolo[4,5-d]azocin-1(o 3)-il]metilo (debotansina)

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

MQVQLVESGG GVVQPGRSLR LSCAASGFNF SDYGMHWVRQ APGKGLEWVA 50
 VIWYDGSISY YADSVKGRFT ISRDNKNTL YLQMNSLRAE DTAVYYCARG 100
 GTVEHGAVYG TDVWGQGT TVSSASTKGP SVFPLAPSSK STSGGTAALG 150
 CLVKDYFPEP VTVSWNSGAL TSGVHTFPAV LQSSGLYLSL SVVTVPSSSL 200
 GTQTYICNVN HKPSNTKVDK KVEPKSCDKT HTCPCCPAPE LLGGPSVFLF 250
 PPKPKDTLMI SRTPEVTCV VDVSHEDPEV KFNWYVDGVE VHNARTKPRE 300
 EQYNSTYRVV SVLTVLHQDW LNGKEYKCKV SNKALPAPIE KTISKAKGQP 350
 REPQVYTLPP SREEMTKNQV SLTCLVKGFY PSDIAVEWES NGQPENNYKT 400
 TPPVLDSGDS **F**FLYSKLTVD KSRWQQGNVF SCSVMHEALH NHYTQKSLSL 450
 SPGK 454

F 4-debotansine-L-phenylalanine (pAMF) /

4-débotansine-L-phénylalanine (pAMF) /

4-debotansina-L-fenilalanina (pAMF)

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

MDIQMTQSPS SVSASVGD RV TITCRASQGI GSWLAWYQQK PGKAPKLLIY 50
 AADR LQSGVP SRFSGSGSGT DFTLTISLQ PEDFATYYCQ QYHTYPLTFG 100
 GGTKEVIKRT VAAPSVFIFP PSDEQLKSGT ASVVCLLNNF YPREAKVQWK 150
 VDNALQSGNS QESVTEQDSK DSTYLSSTL TLSKADYEKH KVYACEVTHQ 200
 GLSSPVTKSF NRGEC 215

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 23-97 151-207 268-328 374-432

23"-97" 151"-207" 268"-328" 374"-432"

Intra-L (C23-C104) 24'-89' 135'-195'

24"'-89"' 135"'-195"

Inter-H-L (h 5-CL 126) 227-215' 227"-215"

Inter-H-H (h 11, h 14) 233-233" 236-236"

N-terminal methionine / Méthionine N-terminale / Metionina N-terminal

H VH M1.1: 1, 1"

L V-KAPPA M1.1: 1', 1'''

No N-terminal methionine clipping (expressed in a cell-free expression system) /

Pas de coupure de la méthionine N-terminale (exprimé dans un système d'expression acellulaire /

Sin recorte de metionina N-terminal (expresado en un sistema de expresión libre de células)

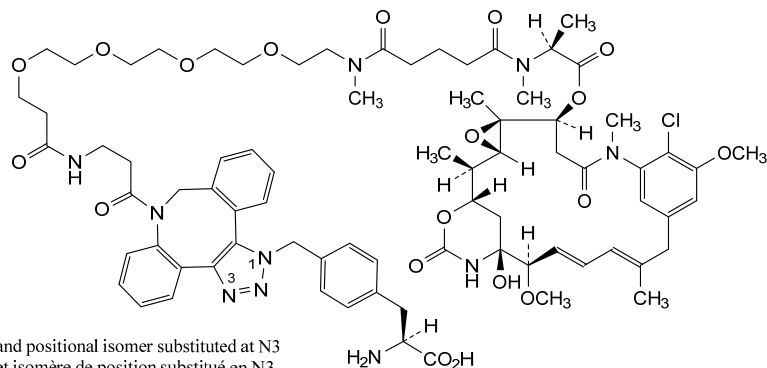
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 304, 304"

Aglycosylated (expressed in a cell-free expression system) / aglycosylé (exprimé dans un système

d'expression acellulaire / aglicosilado (expresado en un sistema de expresión libre de células)

Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados

H CH3 F85.2>**F** (pAMF): 411, 411"

and positional isomer substituted at N3
 et isomère de position substitué en N3
 e isómero posicional sustituido en N3

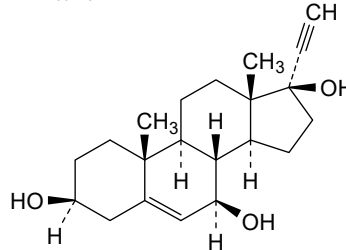
bezisterim

bezisterim 17 α -pregn-5-en-20-yne-3 β ,7 β ,17-triol

bézistérím 17 α -prégn-5-én-20-yne-3 β ,7 β ,17-triol

bezisterim 17 α -pregn-5-en-20-ino-3 β ,7 β ,17-triol

C₂₁H₃₀O₃



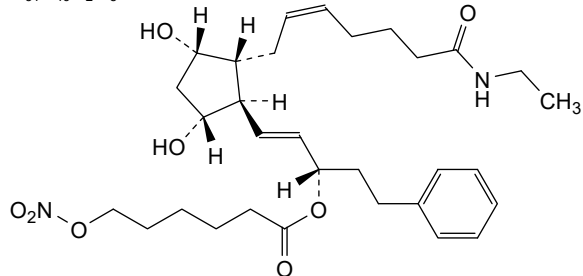
bimatoprostum grenodum

bimatoprost grenod (1*E*,3*S*)-1-((1*R*,2*R*,3*S*,5*R*)-2-[(2*Z*)-7-(ethylamino)-7-oxohept-2-en-1-yl]-3,5-dihydroxycyclopentyl)-5-phenylpent-1-en-3-yl 6-(nitrooxy)hexanoate

bimatoprost grénod 6-(nitrooxy)hexanoate de (1*E*,3*S*)-1-((1*R*,2*R*,3*S*,5*R*)-2-[(2*Z*)-7-(éthylamino)-7-oxohept-2-én-1-yl]-3,5-dihydroxycyclopentyl)-5-phénylpent-1-én-3-yle

bimatoprost grenod 6-(nitrooxi)hexanoato de (1*E*,3*S*)-1-((1*R*,2*R*,3*S*,5*R*)-2-[(2*Z*)-7-(etilamino)-7-oxohept-2-en-1-il]-3,5-dihidroxiciclopentil)-5-fenilpent-1-en-3-ilo

C₃₁H₄₆N₂O₈

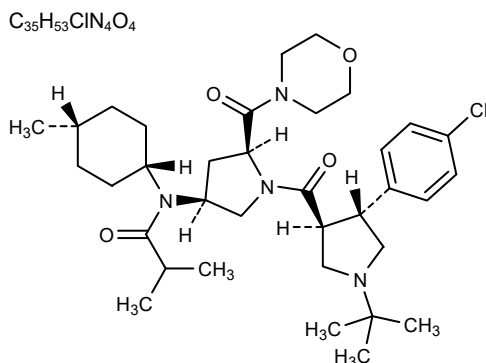


bivamelagonum

bivamelagon *N*-{(3*S*,5*S*)-1-[(3*S*,4*R*)-1-*tert*-butyl-4-(4-chlorophenyl)pyrrolidine-3-carbonyl]-5-(morpholine-4-carbonyl)pyrrolidin-3-yl}-2-methyl-*N*-[(1*s*,4*s*)-4-methylcyclohexyl]propenamide

bivamélagon *N*-{(3*S*,5*S*)-1-[(3*S*,4*R*)-1-*tert*-butyl-4-(4-chlorophényl)pyrrolidine-3-carbonyl]-5-(morpholine-4-carbonyl)pyrrolidin-3-yl}-2-méthyl-*N*-[(1*s*,4*s*)-4-méthylcyclohexyl]propenamide

bivamelagón *N*-{(3*S*,5*S*)-1-[(3*S*,4*R*)-1-*terc*-butil-4-(4-clorofenil)pirrolidina-3-carbonil]-5-(morfolina-4-carbonil)pirrolidin-3-il}-2-metil-*N*-[(1*s*,4*s*)-4-metilciclohexil]propanamida

**bleximenibum**

bleximenib

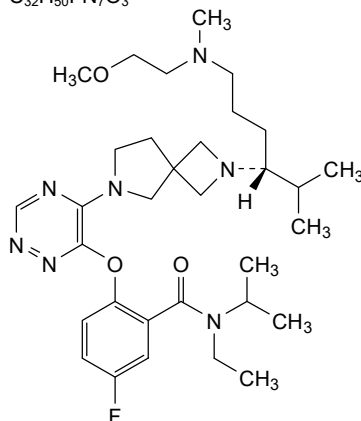
N-ethyl-5-fluoro-2-[[5-(2-((3*R*)-6-[(2-methoxyethyl)(methyl)amino]-2-methylhexan-3-yl)-2,6-diazaspiro[3.4]octan-6-yl)-1,2,4-triazin-6-yl]oxy]-*N*-(propan-2-yl)benzamide

bleximénib

N-éthyl-5-fluoro-2-[[5-(2-((3*R*)-6-[(2-méthoxyéthyl)(méthyl)amino]-2-méthylhexan-3-yl)-2,6-diazaspiro[3.4]octan-6-yl)-1,2,4-triazin-6-yl]oxy]-*N*-(propan-2-yl)benzamide

bleximenib

N-etil-5-fluoro-2-[[5-(2-((3*R*)-6-[metil(2-metoxietil)amino]-2-metilhexan-3-il)-2,6-diazaspiro[3.4]octan-6-il)-1,2,4-triazin-6-il]oxi]-*N*-(propan-2-il)benzamida

 $C_{32}H_{50}FN_7O_3$ **bocodepsinum**

bocodepsin

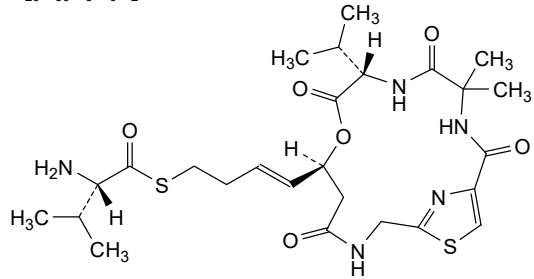
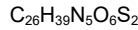
S-{[(3*E*)-4-[(6*S*,9*S*)-12,12-dimethyl-4,8,11,14-tetraoxo-9-(propan-2-yl)-7-oxa-3,10,13-triaza-1(2,4)-[1,3]thiazolacyclotetradecaphan-6-yl]but-3-en-1-yl]} (2*S*)-2-amino-3-methylbutanethioate

bocodepsine

(2*S*)-2-amino-3-méthylbutanethioate de *S*-{[(3*E*)-4-[(6*S*,9*S*)-12,12-diméthyl-4,8,11,14-tétraoxo-9-(propan-2-yl)-7-oxa-3,10,13-triaza-1(2,4)-[1,3]thiazolacyclotétradécaphan-6-yl]but-3-én-1-yle}

bocodepsina

(2*S*)-2-amino-3-metilbutanotioato de *S*-{[(3*E*)-4-[(6*S*,9*S*)-12,12-dimetil-4,8,11,14-tetraoxo-9-(propan-2-il)-7-oxa-3,10,13-triaza-1(2,4)-[1,3]thiazolaciclötetradecafan-6-il]but-3-en-1-ilo}



brinretigenum vesgedparvovecum

brinretigène vesgedparvovec

recombinant, non-replicating adeno-associated virus serotype 5 (rAAV5) vector encoding (1) codon-optimized *Staphylococcus aureus* clustered regularly interspaced short palindromic repeats (CRISPR)-associated protein 9 (Cas9) flanked by simian virus 40 (SV40) nuclear localisation signal peptide sequences and (2) two guide RNAs (gRNA-323 and gRNA-64) targeting intron 26 of the human centrosomal protein 290 (CEP290, nephrocystin-6) gene. Expression of the CRISPR Cas9 gene is under control of the human G protein-coupled receptor kinase 1 (GRK1, rhodopsin kinase) promoter along with an SV40 splice donor/splice acceptor site, a Kozak sequence and a small synthetic polyadenylation signal. Expression of the two gRNAs is each under control of a human small nuclear RNA U6 polymerase III promoter. The vector genome is flanked by adeno-associated virus 2 (AAV2) inverted terminal repeats (ITRs). Expression of the gene editing components is intended to remove or invert the mutation-containing intronic region of the CEP290 gene (IVS26), and to restore functional CEP290 protein levels

brinrétigène vesgedparvovec

vecteur recombinant non répliquant du virus adéno-associé de sérotype 5 (rAAV5) codant (1) la protéine 9 (Cas9) aux codons optimisés associée à des répétitions palindromiques courtes régulièrement espacées et groupées (CRISPR) de *Staphylococcus aureus* et flanquée de séquences de signal de localisation nucléaire du virus simien 40 (SV40) et (2) deux ARN guides (ARNg-323 et ARNg-64) ciblant l'intron 26 du gène de la protéine centrosomale 290 humaine (CEP290, néphrocystine-6). L'expression du gène CRISPR Cas9 est contrôlée par le promoteur du récepteur humain couplé à la protéine G kinase 1 (GRK1, rhodopsine kinase) ainsi que par un site donneur/accepteur d'épissage SV40, une séquence Kozak et un petit signal de polyadénylation synthétique. L'expression des deux ARNg est contrôlée par le promoteur du petit ARN nucléaire humain U6 polymérase III. Le génome du vecteur est flanqué de répétitions terminales inversées (ITR) du virus adéno-associé 2 (AAV2). L'expression des composants d'édition de gènes vise à supprimer ou à inverser la région intronique du gène CEP290 contenant la mutation (IVS26) et à restaurer les niveaux fonctionnels de la protéine CEP290

brinretigén vesgedparvovec vector de virus adenoasociado del serotipo 5 recombinante (rAAV5), no replicativo, que codifica para (1) la proteína Cas 9 (Cas 9) asociada a repeticiones palindrómicas cortas agrupadas y espaciadas regularmente (CRISPR) de *Staphylococcus aureus*, con codones optimizados, flanqueado por secuencias del péptido señal de localización nuclear del virus del simio 40 (SV40) y (2) dos ARNs guía (ARNg-323 y ARNg-64) dirigidos al intrón 26 del gen de la proteína 290 del centrosoma humana (CEP290, nefrocistina-6). La expresión del gen CRISPR Cas9 está bajo el control del promotor del receptor de quinasa 1 acoplado a la proteína G humano (GRK1, rodopsina quinasa) junto a un sitio donante/aceptor de procesamiento (splicing) de SV40, una secuencia Kozak y una pequeña señal sintética de poliadenilación. La expresión de cada uno de los dos ARNg está bajo el control de un promotor de polimerasa III del ARN nuclear pequeño U6. El genoma del vector está flanqueado por las repeticiones terminales invertidas (ITRs) del virus adenoasociado 2 (AAV2). La expresión de los componentes editores pretende eliminar o invertir la región intrónica que contiene la mutación del gen CEP290 (IVS26) y restaurar los niveles funcionales de la proteína CDP290

budoprutugum #
budoprutug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD19 (B lymphocyte surface antigen B4, Leu-12)], monoclonal antibody; gamma1 heavy chain (1-450) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus*IGHV1-69*02(85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)/*Homo sapiens*IGHV1-46*01 (67.3%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) L123>S (115), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120)-*Homo sapiens*IGHG1*03 (100%), G1m3, nG1m1 CH1 R120, E12, M14 (CH1 R120 (217) (121-218), hinge 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-211')-disulfide with kappa light chain (1'-211') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus*IGKV4-70*01 (90.3%) -IGKJ1*01 (100%)/*Homo sapiens*IGKV3D-11*01 (63.8%) -IGKJ4*01 (90.9%) V124>L (101'), CDR-IMGT [5.3.7] (27'-31'.49'-51'.88'-94')) (1'-104') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (150'), V101 (188') (105'-211')]; dimer (229-229":232-232")-bisdisulfide, produced in YB2/0 cell line, glycoform alfa

budoprutug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD19 (antigène de surface B4 des lymphocytes B, Leu-12)], anticorps monoclonal; chaîne lourde gamma1 (1-450) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus*IGHV1-69*02 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)/*Homo sapiens*IGHV1-46*01 (67.3%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) L123>S (115), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120)-*Homo sapiens*IGHG1*03 (100%), G1m3, nG1m1 CH1 R120, E12, M14 (CH1 R120 (217) (121-218), charnière 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-211')-disulfure avec la chaîne légère kappa (1'-211') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus*IGKV4-70*01 (90.3%) -IGKJ1*01 (100%)/*Homo sapiens*IGKV3D-11*01 (63.8%) -IGKJ4*01 (90.9%) V124>L (101'), CDR-IMGT [5.3.7] (27'-31'.49'-51'.88'-94')) (1'-104') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (150'), V101 (188') (105'-211')]; dimère (229-229":232-232")-bisdisulfure, produit dans la lignée cellulaire YB2/0, glycoforme alfa

budoprutug

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD19 (antígeno de superficie B4 de los linfocitos B, Leu-12)], anticuerpo monoclonal; cadena pesada gamma1 (1-450) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus*IGHV1-69*02 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)/*Homo sapiens*IGHV1-46*01 (67.3%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) L123>S (115), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120)-*Homo*

sapiens IGHG1*03 (100%), G1m3, nG1m1 CH1 R120, E12, M14 (CH1 R120 (217) (121-218), pesada 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-211')-disulfuro con la cadena ligera kappa (1'-211') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV4-70*01 (90.3%) -IGKJ1*01 (100%)/*Homo sapiens* IGKV3D-11*01 (63.8%) -IGKJ4*01 (90.9%) V124>L (101'), CDR-IMGT [5.3.7] (27'-31'.49-51'.88'-94')) (1'-104') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (150'), V101 (188') (105'-211')]; dímero (229-229":232-232")-bisulfuro, producido en la línea celular YB2/0, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QVQLEQPGAE VVKPGASVKV SCKTSGYTFY SNWMHWVKQT PGKGLEWIGE 50
 IDPSSDYTYN NQKFDGKAKL TVDKSSSTAY MEVSDLTAEED SATYYCARGS 100
 NPYYIAMDYW GQGTSTVTVSS ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK 150
 DYFPEPVTVS WNSGALTSVG HTFFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT 200
 YICNVNHKPS NTKVDKRVPEP KSCDKTHTCP PCPAPELLGG PSVFLFPPKPT 250
 KDTLMISSRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA KTKPREEQYN 300
 STYRVVSVLT VLGHDQDLNGLK EYKCKVSNKA LPAPIEKTIIS KAKGQPREPQ 350
 VYTLPPSREE MTKNQVSLTCLVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTTPPV 400
 LDDSDGSEFPLY SKLTVDKSRW QQGNVFPSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPGK 450

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

QIVLTQSPATLSASPGEKATMTCSSASGVN YMHWYQQKPG TSPKRWIYDT 50
 DKTASGVPAR FSGSGSGTSY SLTISSMEAE DAATYYCHQR GSYTFGGGTK 100
 LEIKRTVAAP SVFIFPPSDEQLKSGTASV CLLNNFYPRE AKVQKQVNDNA 150
 LQSGNSQESVTEQDSKDSYSLSSLTLSK ADYEKHKVYA CEVTHQGLSS 200
 PVTKSFNRGE C 211

Post-translational modifications

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

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

Intra-L (C23-C104) 23"-87" 131"-191"
 23"-87" 131"-191"

Inter-H-L (h 5-CL 126) 223-211' 223"-211"
 Inter-H-H (h 11, h 14) 229-229" 232-232"

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

Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolil) / pyroglutamyle (pE, 5-oxoprolyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)
 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: 300, 300"

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

cabotamigum #
 cabotamig

immunoglobulin VH-G1CH1h-G4CH2CH3-scFv_L-kappa dimer, anti-[*Homo sapiens* CDH17 (cadherin 17)], anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], monoclonal antibody humanized, bispecific; VH-G1CH1h-G4CH2CH3-scFv fused heavy chain humanized (1-697) [VH-G1CH1h-G4CH2CH3 heavy chain anti-CDH17 humanized (1-446) [(VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (89.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (91.7%) S128>A (116), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116)-*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3 CH1-h, CH1 R120 (CH1 R120 (213) (117-214), hinge 1-15 (215-229)) (117-229) -*Homo sapiens* IGHG4*01 CH2-CH3, nG4m(a) CH2 L92, G4v1 CH2 L1.3 (CH2 F1.3>L (233), L92 (308) (230-339), CH3 (340-444), CHS (445-446)) (230-446) -7-mer (prolyl-alanyl-tetraglycyl-seryl) linker (447-453) -scFv heavy-kappa anti-CD3E humanized (454-697) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (76.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.15] (479-486.504-511.550-564)) (454-575) -15-mer tris(tetraglycyl-seryl) linker (576-590) -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-NL1*01 (88.4%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (617-622.640-642.679-687)) (591-697)]], (219-214')-disulfide with kappa light chain anti-CDH17 humanized (1'-214') [V-KAPPA

- (*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (83.2%) -IGKJ4*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')); dimer (225-225":228-228")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
- cabotamig immunoglobuline VH-G1CH1h-G4CH2CH3-scFv_L-kappa dimer, anti-[*Homo sapiens* CDH17 (cadhérine 17)], anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], anticorps monoclonal humanisé, bispécifique; chaîne lourde fusionnée VH-G1CH1h-G4CH2CH3-scFv humanisée (1-697) [VH-G1CH1h-G4CH2CH3 chaîne lourde anti-CDH17 humanisée (1-446) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (89.7%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (91.7%) S128>A (116), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%), G1m3 CH1-h, CH1R120 (CH1 R120 (213) (117-214), charnière 1-15 (215-229)) (117-229) -*Homo sapiens* IGHG4*01 CH2-CH3, nG4m(a) CH2 L92, G4v1 CH2 L1.3 (CH2 F1.3>L (233), L92 (308) (230-339), CH3 (340-444), CHS (445-446)) (230-446)] -7-mer (prolyl-alanyl-tétraglycyl-séryl) linker (447-453) -scFv heavy-kappa anti-CD3E humanisé (454-697) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (76.8%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.15] (479-486.504-511.550-564)) (454-575) -15-mer tris(tétraglycyl-séryl) linker (576-590) -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-NL1*01 (88.4%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (617-622.640-642.679-687)) (591-697)], (219-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa anti-CDH17 humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (83.2%) -IGKJ4*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214)]; dimère (225-225":228-228")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
- cabotamig inmunoglobulina VH-G1CH1h-G4CH2CH3-scFv_L-kappa dímero, anti-[*Homo sapiens* CDH17 (cadherina 17)], anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 épsilon, Leu-4)], anticuerpo monoclonal humanizado, biespecífico; cadena pesada fusionada VH-G1CH1h-G4CH2CH3-scFv humanizada (1-697) [VH-G1CH1h-G4CH2CH3 cadena pesada anti-CDH17 humanizada (1-446) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (89.7%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (91.7%) S128>A (116), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%), G1m3 CH1-h, CH1R120 (CH1 R120 (213) (117-214), bisagra 1-15 (215-229)) (117-229) -*Homo sapiens* IGHG4*01 CH2-CH3, nG4m(a) CH2 L92, G4v1 CH2 L1.3 (CH2 F1.3>L (233), L92 (308) (230-339), CH3 (340-444), CHS (445-446)) (230-446)] -7-mer (prolyl-alanyl-tétraglicil-seril) enlace (447-453) -scFv pesado-kappa anti-CD3E humanizado (454-697) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (76.8%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.15] (479-486.504-511.550-564)) (454-575) -15-mer tris(tétraglicil-seril) enlace (576-590) -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-NL1*01 (88.4%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (617-622.640-642.679-687)) (591-697)], (219-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa anti-CDH17 humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (83.2%) -IGKJ4*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214)]; dímero (225-225":228-228")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hamster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: anti-CDH17 G1-4 -anti-CD3 scFv
 EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS SYAMSWVRQT PGKGLEWVAV 50
 IDSGGGSTYY PDTVKDRFTI SRDNKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCSSYT 100
 NLGAYWGGQT LVTVSAASTK GPSVFLAPS SKSTSGGTAA LGCLVKDYFP 150
 EPVTVSNMNG ALTSGVHTFP AVLQSSGLYS LSSVVTVPSS SLGTQTYICN 200
 VNHKPSNTKV DKRVEPKSCD KTHTCPPCPA PELLGGPSVF LFPPKPKDTL 250
 MISRTPVETC VVVVDVQEDP EVQFNWYVDG VEVHNAKTKP REEQPNSTYR 300
 VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC KVSNGKLPSS IEKTIISKAKG QRPPEQVYTL 350
 PPSQEEMTKN QVSLTCLVKG FYPSDIAVEP ESNQGPENNY KTFPPVLDSD 400
 GSFFLYSRLT VDKSRWQEGN VFSCSVMHEA LHNHYTQKSL SLSLGKPPAGG 450
 GGSEVQLVES GGGLVQPGGS LRLSCAASGY SFTGYTMNWV RQAPGKLEW 500
 VALINPYKGV STYNQKPKDR FTISVDKSKN TAYLQMNLSR AEDTAVYYCA 550
 RSGYYGDSDW YFDVWQGTL VTVSSGGGGS GGGSGGGGGS DIQMTQSPSS 600
 LRSASVGRVT ITCRASQDIR NYLWYQQKPK GKAPKLLIY TSRLSESGVPS 650
 RFSGSGSGTD YTLTISSLQP EDFATYYCQQ GNTLPWTFGQ GTKVEIK 697

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: anti-CDH17
 DIQMTQSPSS LSASVGRVT ITCRASQDIS GYLNWLQKPK GGAIKRLIYT 50
 TSTLDSGVPK RFSGSGSGTD FTLTISSLQS EDFATYYCLQ YASSPFTFG 100
 GKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQKWK 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSSLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
 LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-96 143-199 260-320 366-424
 22"-96" 143"-199" 260"-320" 366"-424"
 475-549 613-678
 475"-549" 613"-678"

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

Inter-H-L (h 5-CL 126) 219-214' 219"-214"
 Inter-H-H (h 11, h 14) 225-225" 228-228"

N-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

canlitinibum

canlitinib

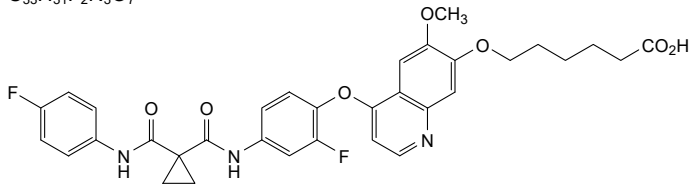
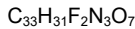
6-[[3²,9⁴-difluoro-1⁶-methoxy-5,7-dioxo-2-oxa-4,8-diaza-1(4)-quinolina-3(1,4),9(1)-dibenzena-6(1,1)-cyclopropananonaphan-1⁷-yl]oxy}hexanoic acid

canlitinib

acide 6-[[3²,9⁴-difluoro-1⁶-méthoxy-5,7-dioxo-2-oxa-4,8-diaza-1(4)-quinoléina-3(1,4),9(1)-dibenzéna-6(1,1)-cyclopropananonaphan-1⁷-yl]oxy}hexanoïque

canlitinib

ácido 6-[[3²,9⁴-difluoro-1⁶-metoxi-5,7-dioxo-2-oxa-4,8-diaza-1(4)-quinoleína-3(1,4),9(1)-dibencena-6(1,1)-ciclopropananonafan-1⁷-il]oxi}hexanoico



canvirceptum #

canvircept

human angiotensin-converting enzyme 2 (ACE2, angiotensin-converting enzyme homolog, ACEH, ACE-related carboxypeptidase, metalloprotease MPROT15, EC: 3.4.17.23) soluble extracellular domain fragment (3-598, 1-596 in the current sequence), enzymatically inactive variant (H³⁵⁷>N³⁵⁵, H³⁶¹>N³⁵⁹), fused to human immunoglobulin G1 Fc fragment (h-CH2-CH3-CHS domains [*Homo sapiens* IGHG1*01 (hinge C⁶⁰¹>S (597-611), CH2 (612-721), CH3 P⁸²⁶>T (722-826), CHS (827-828))]), fused to human immunoglobulin M (IgM) C-terminal tail fragment (829-846), covalent pentamer of

- dimers, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa
- canvircept enzyme de conversion de l'angiotensine 2 humaine (ACE2, homologue de l'enzyme de conversion de l'angiotensine, ACEH, carboxypeptidase liée à l'ACE, métalloprotéase MPROT15, EC: 3.4.17.23) fragment du domaine extracellulaire soluble (3-598, 1-596 dans la séquence actuelle), variant inactif sur le plan enzymatique (H³⁵⁷>N³⁵⁵, H³⁶¹>N³⁵⁹), fusionné au variant (C⁶⁰¹>S, P⁸²⁶>T) du fragment Fc de l'immunoglobuline G1 humaine (h-CH2-CH3-CHS domains [*Homo sapiens* IGHG1*01 (charnière C⁶⁰¹>S (597-611), CH2 (612-721), CH3 P⁸²⁶>T (722-826), CHS (827-828))]), fusionné à un fragment de la queue en C-terminal de l'immunoglobuline M humaine (829-846), pentamère covalent de dimères, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa
- canvircept enzima convertidora de la angiotensina 2 humana (ACE2, homólogo de la enzima convertidora de la angiotensina, ACEH, carboxipeptidasa relacionada con ACE, metaloproteasa MPROT15, EC: 3.4.17.23) fragmento del dominio soluble extracelular (3-598, 1-596 en la secuencia actual), variante inactiva enzimáticamente (H³⁵⁷>N³⁵⁵, H³⁶¹>N³⁵⁹), fusionada al fragmento Fc de la inmunoglobulina G1 humana (h-CH2-CH3-CHS domains [*Homo sapiens* IGHG1*01 (bisagra C⁶⁰¹>S (597-611), CH2 (612-721), CH3 P⁸²⁶>T (722-826), CHS (827-828))]), variante (C⁶⁰¹>S, P⁸²⁶>T) fusionada al fragmento de cubierta C-terminal de la inmunoglobulina M human, pentámero covalente de dímeros, producido en células ováricas de hámster Chino (CHO), forma glicosilada alfa

Monomer sequence / Séquence du monomère / Secuencia del monómero		
TIEEQAKTFL	DKFNHEAEDL	FYQSSLASWN YNTNITEENV QNMNNAGDKW 50
SAFLKEQSTL	AQMYPLQELQ	NLTVKLQLQA LQONGSSVLS EDKSKRLNTI 100
LNTMSTIYST	GKVCNPDNPF	ECLLLEPGLN EIMANSLDYN ERLWAWESWR 150
SEVGKQLRPL	YEEYVVLKNE	MARANHYEDY GDYWRGDYEV NGVDGYDYSR 200
GQLIEDVEHT	FEEIKPLYEH	LHAYVRAKLM NAYPSYISPI GCLPAHLLGD 250
MWGRFWTNLY	SLTVPFQKPK	NIDVTDAMVD QAWDAQRIFK EAEKFFVSVG 300
LPNMTQGFWE	NSMLTDPGNV	QKAVCHPTAW DLGKGDFFRIL MCTKVTMDDF 350
LTAHNEMGNI	QYDMAYAAQP	FLLRNGANEG FHEAVGEIMS LSAATPKHLK 400
SIGLLSPDFQ	EDNETEINFL	LKQALTI VGT LPFTYMLEKW RWMVFKGEIP 450
KDQWMKKWWE	MKREIVGVVE	PVPHDETYCD PASLFHVSND YSFIRYYTRT 500
LYQFQFQEAL	CQAAKHEGFL	HKCDISNSTE AGQKLFNMLR LGKSEPWTLA 550
LENVVGAKNM	NVRPLLNYFE	PLFTWLKQDN KNSFVGVWSTD WSPYADEPKS 600
SDKTHTCPPC	PAPELLGGPS	VFLFPPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVVDSHE 650
DPEVFNWYV	DGVEVHNAKT	KPREEQYNST YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY 700
KCFVSNKALP	APIERTISKA	KGQPREPQVY TLPSPRDELT KNQVSLTCLV 750
KGFYPSDIAV	EWESNGQPEN	NYKTTTPVPLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ 800
GNVFSCSVHM	EALHNYHTQK	SLSLSTGKPT LYNVSLVMSD TAGTCY 846

Mutation / Mutation / Mutación
¹QS²>del, H³⁵⁷>N³⁵⁵, H³⁶¹>N³⁵⁹, C⁶⁰¹>S, P⁸²⁶>T

Post-translational modifications

Disulfide location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
 Intra-chain in each of the 10 ACE2 monomers: 114-122, 325-342, 511-523, 642-702, 748-806
 Intra-chain within each of the five Fc dimers: 607-607, 607'-607', 610-610, 610'-610'
 Inter-chain among the five IgM tail dimers: 845^m-845ⁿ (1 ≤ m ≤ 5; 1 ≤ n ≤ 5; m ≠ n)

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
 N34, N71, N84, N303, N413, N527, N678, N833 (in all 10 subunits of the pentamer of dimers)

Deamidation sites / Sites de désamidation / Posiciones de desamidación
 98, 169, 175, 191, 375, 667, 696, 742, 765, 815 (in all 10 subunits of the pentamer of dimers)

cemacabtagenum ansegedleucelum #
 cemacabtagene ansegedleucel

allogeneic T lymphocytes obtained from peripheral blood mononuclear cells by leukapheresis of healthy volunteer donors, transduced with a self-inactivating, non-replicating lentiviral vector encoding a chimeric antigen receptor (CAR) targeting human CD19. The cells are also genetically modified using transcription activator-like (TAL) effector nucleases that are transiently delivered into the cell as mRNAs via electroporation and code for two pairs: one pair is designed for disruption of the T-cell receptor alpha constant (TRAC) and the other for disruption of the CD52 locus.

The expressed transgene comprises a mouse kappa light chain leader sequence, an anti-CD19 single chain variable fragment (scFv) derived from clone 4G7, a CD8 α hinge and transmembrane domain, and a 4-1BB (CD137) and CD3 ζ (TCR ζ) intracellular costimulatory domains, under control of the human elongation factor 1 alpha (EF1 α) short (EFS) promoter. The construct is flanked by 5' and 3' long terminal repeats (LTRs) and contains a ψ packaging signal, a truncated *gag*, a Rev response element (RRE), a central polypurine tract (cPPT) sequence and a mutated woodchuck post-transcriptional regulatory element (WPRE). The vector is pseudotyped with vesicular stomatitis virus (VSV) glycoprotein G.

The leukapheresis material is activated by CD3 and CD28 agonists to stimulate T lymphocyte growth in media containing serum and interleukin 2 (IL-2), transduced with the lentiviral vector, genetically modified, and then culture expanded. At the end of expansion, TCR⁻ cells are enriched by positive selection and residual TCR⁺ cells are depleted using magnetic bead purification. The T lymphocytes ($\geq 90\%$) are positive for the transgene ($\geq 30\%$ CAR positive) and are $\geq 50\%$ CD52⁻ and $\leq 3\%$ TCR $\alpha\beta$ ⁺. The cells respond to CD19 expressing target cells by releasing IFN gamma, and demonstrate cytotoxicity against cells expressing CD19

cémacabtagène anségedleucel

lymphocytes T allogéniques obtenus par leucaphérese à partir de cellules mononucléaires de sang périphérique de donneurs volontaires sains, transduits avec un vecteur lentiviral auto-inactivant et non répliquant codant un récepteur antigénique chimérique (CAR) ciblant le CD19 humain. Les cellules sont également modifiées génétiquement à l'aide de nucléases effectrices de type activateur de transcription (TAL) qui sont délivrées transitoirement dans la cellule sous forme d'ARNm par électroporation et qui codent deux paires: une paire est conçue pour la perturbation du récepteur des cellules T alpha constant (TRAC) et l'autre pour la perturbation du locus CD52.

Le transgène exprimé comprend une séquence de tête de chaîne légère kappa de souris, un fragment variable à chaîne unique (scFv) anti-CD19 dérivé du clone 4G7, une charnière et un domaine transmembranaire CD8 α , ainsi que des domaines co-stimulateurs intracellulaires 4-1BB (CD137) et CD3 ζ (TCR ζ), sous le contrôle du promoteur court (EFS) du facteur d'élongation 1 alpha

(EF1 α) humain. La construction est flanquée de répétitions terminales longues (LTR) en 5' et 3' et contient un signal d'encapsidation ψ , un *gag* tronqué, un élément de réponse Rev (RRE), une séquence du tractus polypurine central (cPPT) et un élément de régulation post-transcriptionnelle de la marmotte (WPRE) muté. Le vecteur est pseudotypé avec la glycoprotéine G du virus de la stomatite vésiculaire (VSV).

Le matériel de leucaphérèse est activé par des agonistes CD3 et CD28 pour stimuler la croissance des lymphocytes T dans un milieu contenant du sérum et de l'interleukine 2 (IL-2), transduites avec le vecteur lentiviral, génétiquement modifiées, puis amplifiées dans un milieu de culture. À la fin de l'expansion, les cellules TCR- sont enrichies par sélection positive et épuisement des cellules TCR+ résiduelles à l'aide d'une technologie de purification magnétique. Les lymphocytes T ($\geq 90\%$) sont positifs au transgène ($\geq 30\%$ CAR positif), et sont $\geq 50\%$ CD52- et $\leq 3\%$ TCR $\alpha\beta$ +. Les cellules répondent aux cellules cibles exprimant le CD19 en libérant de l'IFN gamma, et démontrent une cytotoxicité contre les cellules exprimant le CD19

cemacabtagén anesgedleuceel

linfocitos T alogénicos obtenidos de células mononucleares de sangre periférica mediante leucoaféresis de donantes voluntarios sanos, transducidos con un vector lentiviral auto inactivante, no replicativo, que codifica para un receptor de antígenos quimérico (CAR) dirigido al CD19 humano. Las células son también modificadas genéticamente usando nucleasas efectoras similares a un activador de la transcripción (TAL) que se administran de forma transitoria en la célula como ARNm por electroporación y que codifican para dos pares: un par está diseñado para romper el locus de la cadena constante α del receptor del linfocito T (TRAC) y el otro para romper el locus de CD52.

El transgén expresado contiene una secuencia líder de la cadena ligera kappa de ratón, un fragmento variable de cadena sencilla (scFv) anti-CD19 derivado del clon 4G7, un dominio bisagra y transmembrana de CD8 α y unos dominios co-estimuladores intracelulares de 4-1BB (CD137) y CD3z (TCR ζ), bajo el control del promotor corto del factor de elongación 1 alfa (EF1 α) humano. El constructo está flanqueado por repeticiones terminales largas (LTRs) en 5' y 3' y contiene una señal de empaquetamiento ψ , un *gag* truncado, un elemento de respuesta Rev (RRE), una secuencia de tracto de polipurina central (cPPT), y un elemento regulador post-transcripcional mutado de la marmota (WPRE). El vector está pseudotipado con la glicoproteína G del virus de la estomatitis vesicular (VSV).

El material de leucoaféresis se activa mediante agonistas de CD3 y CD28 para estimular el crecimiento de linfocitos T en medio que contiene suero e interleuquina 2 (IL-2), se transduce con el vector lentiviral, se modifica genéticamente y después se expande en cultivo con medio. Al final de la expansión, las células TCR- se enriquecen mediante selección

positiva y depleción de células TCR+ residuales usando tecnología de purificación magnética. Los linfocitos T ($\geq 90\%$) son positivos para el transgén ($\geq 30\%$ CAR positivos) y son $\geq 50\%$ CD52- y $\leq 3\%$ TCR $\alpha\beta$ +. Las células diana que expresan CD19 liberando IFN gamma y demuestran citotoxicidad contra células que expresan CD19

cepeprubartum #
cepeprubart

immunoglobulin G2-kappa, anti-[*Homo sapiens* SELPLG (selectin P ligand, PSGL-1, P-selectin glycoprotein ligand 1, CD162)], monoclonal antibody;
gamma2 heavy chain (1-439) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*03 (91.8%)-(IGHD)-IGHJ5*02 (100%) , CDR-IMGT [8.8.6] (26-33.51-58.97-102)) (1-113) -*Homo sapiens* IGHG2*02, G2m23 CH2 M45.1, A105 (CH1 (114-211), hinge 1-12 (212-223), CH2 M45.1 (274), K105>A (314) (224-332), CH3 (333-437), CHS (438-439)) (114-439)], (127-219')-disulfide with kappa light chain (1'-219') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV1-110*01 (90.0%)-IGKJ2*03 (81.8%), S120>Q (105'), K123>R (108')/*Homo sapiens* IGKV2D-29*02 (86.0%)-IGKJ5*01 (91.7%) CDR-IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102')) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (158'), V101 (196') (113'-219')]; dimer (215-215":216-216":219-219":222-222")-tetrakisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-S, glycoform alfa

cépéprubart

immunoglobuline G2-kappa, anti-[*Homo sapiens* SELPLG (ligand de la sélectine P, PSGL-1, ligand 1 de la glycoprotéine P-sélectine, CD162)], anticorps monoclonal;
chaîne lourde gamma2 (1-439) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*03 (91.8%)-(IGHD)-IGHJ5*02 (100%) , CDR-IMGT [8.8.6] (26-33.51-58.97-102)) (1-113) -*Homo sapiens* IGHG2*02, G2m23 CH2 M45.1, A105 (CH1 (114-211), charnière 1-12 (212-223), CH2 M45.1 (274), K105>A (314) (224-332), CH3 (333-437), CHS (438-439)) (114-439)], (127-219')-disulfure avec la chaîne légère kappa (1'-219') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV1-110*01 (90.0%) -IGKJ2*03 (81.8%), S120>Q (105'), K123>R (108')/*Homo sapiens* IGKV2D-29*02 (86.0%)-IGKJ5*01 (91.7%) CDR-IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102')) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (158'), V101 (196') (113'-219')]; dimère (215-215":216-216":219-219":222-222")- tétrakisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-S, glycoforme alfa

cepeprubart

immunoglobulina G2-kappa, anti-[*Homo sapiens* SELPLG (ligando de la selectina P, PSGL-1, ligando 1 de la glicoproteína P-selectina, CD162)], anticuerpo monoclonal;
cadena pesada gamma2 (1-439) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*03 (91.8%)-(IGHD)-IGHJ5*02 (100%) , CDR-IMGT [8.8.6] (26-33.51-58.97-102)) (1-113) -*Homo sapiens* IGHG2*02, G2m23 CH2 M45.1, A105 (CH1 (114-211), bisagra 1-12 (212-223), CH2 M45.1 (274), K105>A (314) (224-332), CH3 (333-437), CHS (438-439)) (114-439)], (127-219')-disulfuro con la cadena ligera kappa (1'-219') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV1-110*01 (90.0%) -IGKJ2*03 (81.8%), S120>Q (105'), K123>R (108')/*Homo sapiens* IGKV2D-29*02 (86.0%)-IGKJ5*01 (91.7%) CDR-IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102')) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (158'), V101 (196') (113'-219')]; dímero (215-215":216-216":219-219":222-222")- tetrakisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-S, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
 QVQLVESGGG VVQPGRSLRL SCAASGFTFS SFGMHWVROA PGKGLEWVAY 50
 ISSASSTIYY ADTVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNLSRAED TAVVYCASSY 100
 GYWGQGTLVV VSSASTKGPS VFPLAPCSRS TSESTAALGC LVKDYFPEPV 150
 TVSWNSGALT SGVHTFPAVL QSSGLYSLSS VVTVTSSNFG TQTYTCNVDH 200
 KPSNPKVDKT VERKCCVECP PCPAPPVAGP SVFLFPPKPK DTLMISRTP 250
 VTCVVVDVSH EDPEVQFNWY VDGMEVHNAK TKPREEQFNS TFRVVSULTV 300
 VHQQDLNGKE YKCAVSNKGL PAPIEKTI SK TKGQPREPQV YTLPPSREEM 350
 TRNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPML DSDGSFFLYS 400
 KLTVDKSRWQ QGNVFCSSVM HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 439

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
 DIVMTQTPLS LPVTPGEPAS ISCRSSRSLV HSNNGTYLHW YLQKFGSQPO 50
 LLIIYKVSIRF SGVPRDFSGS GSGTDFTLKI SRVEAEDVGV YYCSQTHVTP 100
 LTFGGQTRLE IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVCL LNNFYPREAK 150
 VQWVKVDNALQ SGNSQESVTE QDSKDYSTSL SSTLTLSKAD YEKHKVYACE 200
 VTHQGLSSPV TKSFNREGC 219

Post-translational modifications
 Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
 Intra-H (C23-C104) 22-96 140-196 253-313 359-417
 22"-96" 140"-196" 253"-313" 359"-417"
 Intra-L (C23-C104) 23-93' 139'-199'
 23'''-93''' 139'''-199'''
 Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 127-219' 127"-219"
 Inter-H-H (h 4, h 5, h 8, h11) 215-215" 216-216" 219-219" 222-222"

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

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
 H CH2 N84.4: 289, 289"
 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: 439, 439"

ciboterceptum #
 cibotercept

human activin receptor type 2-B (activin receptor type IIB, ACTR-IIB) extracellular domain (ECD) fragment (2-116, 1-115 in the current sequence), engineered variant (S¹>del, I¹¹>L, L²⁷>V, Q³⁴>K, ⁵⁰T⁵¹>SL, L⁵³>I, ⁶⁹Q^{E70}>DT, E⁷⁵>K, F⁸⁹>M) fused via the peptide linker ¹¹⁶GGG¹¹⁸ to a human immunoglobulin G1 Fc fragment (h-CH2-CH3-CHS domains [*Homo sapiens* IGHG1*01 (hinge (119-128), CH2 (129-238), CH3 (239-343), CHS K³⁴⁵>del (344-344))] (119-344), disulfide bridged homodimer, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa

cibotercept

fragment du domaine extracellulaire (ECD) du récepteur humain de l'activine de type 2-B (récepteur de l'activine de type IIB, ACTR-IIB) (2-116, 1-115 dans la séquence actuelle), variant modifié (S¹>del, I¹¹>L, L²⁷>V, Q³⁴>K, ⁵⁰T⁵¹>SL, L⁵³>I, ⁶⁹Q^{E70}>DT, E⁷⁵>K, F⁸⁹>M), fusionné via la liaison peptidique ¹¹⁶GGG¹¹⁸ au fragment Fc de l'immunoglobuline G1 humaine (domaines h-CH2-CH3-CHS [*Homo sapiens* IGHG1*01 (charnière (119-128), CH2 (129-238), CH3 (239-343), CHS K³⁴⁵>del (344-344))] (119-344), homodimère à ponts disulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

cibotercept

fragmento del dominio extracelular (ECD) del receptor humano de activina de tipo 2-B (receptor de activina de tipo IIB, ACTR-IIB) (2-116, 1-115 en la secuencia actual), variante diseñada (S¹>del, I¹¹>L, L²⁷>V, Q³⁴>K, ⁵⁰T⁵¹>SL, L⁵³>I, ⁶⁹Q^{E70}>DT, E⁷⁵>K, F⁸⁹>M) fusionada a través de un enlace peptídico ¹¹⁶GGG¹¹⁸ a un fragmento Fc de una inmunoglobulina humana G1 (dominios h-CH2-CH3-CHS [*Homo sapiens* IGHG1*01 (bisagra (119-128), CH2 (129-238), CH3 (239-343), CHS K³⁴⁵>del (344-344))] (119-344), homodímero unido a través de puentes disulfuro, producido en células ováricas de hámster Chino (CHO), forma glicosilada alfa

Sequence / Séquence / Secuencia

GRGEAETREC <u>L</u> YYNANWELE RTNQSG <u>V</u> ERC EGE <u>K</u> DKRLHC YASWRNSSGS	50
<u>L</u> E <u>I</u> VKKGCWL DDFNCYDR <u>D</u> T CVAT <u>K</u> ENPQV YFCCCEGN <u>M</u> C NERFTHLPEA	100
GGPEVTYEPF PTAPT <u>G</u> G <u>G</u> DK THTCPPCPAP ELLGGPSVFL FPPKPKDTLM	150
ISRTPEVTCV VVDVSHEDPE VKFNWYVDGV EVHNAKTKPR EEQYNSTYRV	200
VSVLTVLHQD WLNQKEYKCK VSNKALPAPI EKTISKAKGQ PREPQVYITLP	250
PSRDELTKNQ VSLTCLVKGF YPSDIAVEWE SNGQPENNYK TTPFVLDSDG	300
SFFLYSKLTV DKSRWQQGNV FSCSVMHEAL HNHYTQKSLS LSPG	344

Mutation / Mutation / Mutación

S¹, S¹>del, I¹¹, I¹¹>L, L²⁷, L²⁷>V, Q³⁴, Q³⁴>K, T⁵⁰, T⁵⁰>S, I⁵¹, I⁵¹>L, L⁵³, L⁵³>L, Q⁶⁹, Q⁶⁹>D, E⁷⁰, E⁷⁰>T, E⁷⁵, E⁷⁵>K, F⁸⁹, F⁸⁹>M

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión

¹¹⁶GGG¹¹⁸

Post-translational modifications

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

Intra-chain: 10-40, 30-58, 65-84, 71-83, 85-90, 159-219, 265-323,
10'-40', 30'-58', 65'-84', 71'-83', 85'-90', 159'-219', 265'-323'
Inter-chain: 124-124', 127-127'

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

N23, N46, N195, N23', N46', N195'

cibigrisenum

cibigrirsen

all-P-ambo-P-thiothymidyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thiocytidyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thiocytidyl-(3'→5')-P-thiothymidyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thiocytidyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thiocytidyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioguanyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioguanyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioguanyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thiocytidyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thiocytidyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioguanyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thiocytidyl-(3'→5')-thiothymidyl-(3'→5')-2'-deoxythymidine

cibigrirsen

tout-P-ambo-P-thiothymidyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thiocytidyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thiocytidyl-(3'→5')-thiothymidyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thiocytidyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thiocytidyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioguanyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioguanyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioadenyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioguanyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thiocytidyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thiocytidyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioadényl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thiocytidyl-(3'→5')-P-thiothymidyl-(3'→5')-2'-désoxythymidine

cibigrirsén

todo-P-ambo-P-tiotimidilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tiocitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tiocitidilil-(3'→5')-P-titimidilil-(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-P-tiocitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tiocitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioadénilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioadenilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tiocitidilil-(3'→5')-P-tiotimidilil-(3'→5')-2'-desoxitimidina

(3'-5')d(P-thio)(T-C-C-T-C-C-G-G-A-G-C-C-A-G-A-C-T-T)

cinsebrutinibum

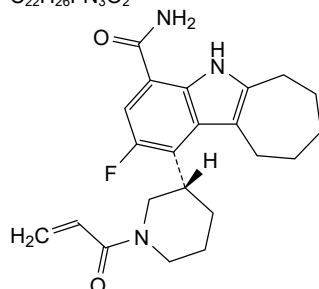
cinsebrutinib

2-fluoro-1-[(3*S*)-1-(prop-2-enoyl)piperidin-3-yl]-5,6,7,8,9,10-hexahydrocyclohepta[*b*]indole-4-carboxamide

cinsébrutinib

2-fluoro-1-[(3*S*)-1-(prop-2-énoyl)pipéridin-3-yl]-5,6,7,8,9,10-hexahydrocyclohepta[*b*]indole-4-carboxamide

cinsebrutinib

2-fluoro-1-[(3*S*)-1-(prop-2-enoil)piperidin-3-il]-5,6,7,8,9,10-hexahidrociclohepta[*b*]indol-4-carboxamidaC₂₂H₂₆FN₃O₂**civorebrutinibum**

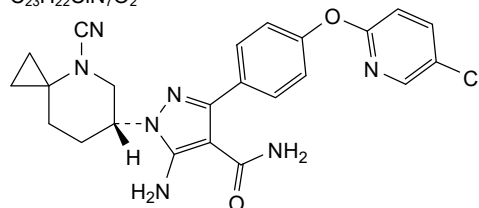
civorebrutinib

5-amino-3-{4-[(5-chloropyridin-2-yl)oxy]phenyl}-1-[(6*R*)-4-cyano-4-azaspiro[2.5]octan-6-yl]-1*H*-pyrazole-4-carboxamide

civorébrutinib

5-amino-3-{4-[(5-chloropyridin-2-yl)oxy]phényl}-1-[(6*R*)-4-cyano-4-azaspiro[2.5]octan-6-yl]-1*H*-pyrazole-4-carboxamide

civorebrutinib

5-amino-3-{4-[(5-cloropiridin-2-il)oxil]fenil}-1-[(6*R*)-4-ciano-4-azaspiro[2.5]octan-6-il]-1*H*-pirazolo-4-carboxamidaC₂₃H₂₂ClN₇O₂**clemidsogenum lanparvovecum #**

clemidsogene lanparvovec

recombinant, non-replicating adeno-associated virus serotype 9 (rAAV9) vector encoding human iduronate 2-sulfatase (IDS, α-L-iduronate sulfate sulfatase) under control of a human cytomegalovirus (CMV) immediate-early enhancer/chicken β-actin (CBA) promoter, with a chicken β-actin intron, terminated with the rabbit β-globin polyadenylation signal, and flanked by adeno-associated virus 2 (AAV2) inverted terminal repeats (ITRs)

Recommended INN: List 91

WHO Drug Information, Vol. 38, No. 1, 2024

clémidsogène lanparovvec

vecteur recombinant non répliquant du virus adéno-associé de sérotype 9 (rAAV9) codant pour l'iduronate 2-sulfatase humaine (IDS, α -L-iduronate sulfate sulfatase) sous le contrôle d'un amplificateur immédiat et précoce du cytomégalo-virus (CMV) humain/promoteur de la β -actine de poulet (CBA), avec un intron de β -actine de poulet, terminé par le signal de polyadénylation de la β -globine de lapin, et encadré par des répétitions terminales inversées (ITR) du virus adéno-associé 2 (AAV2)

clémidsogén lanparovvec

vector de virus adenoasociado del serotipo 9 recombinante (rAAV9), no replicativo, que codifica para la iduronato 2 sulfatasa (IDS, α -L-iduronato sulfato sulfatasa) bajo el control de un potenciador inmediato-temprano de citomegalovirus (CMV) humano /promotor de la β -actina de pollo (CBA), con un intrón de la β -actina de pollo, terminado con una señal de poliadenilación de la β -globina de conejo y flanqueado por repeticiones terminales invertidas (ITRs) del virus adenoasociado 2 (AAV2)

clofutribenum

clofutriben

4-{5-[2-(4-chloro-2,6-difluorophenoxy)propan-2-yl]-4-methyl-4H-1,2,4-triazol-3-yl}-3-fluorobenzamide

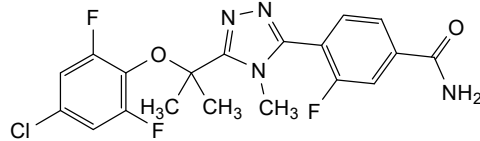
clofutribène

4-{5-[2-(4-chloro-2,6-difluorophénoxy)propan-2-yl]-4-méthyl-4H-1,2,4-triazol-3-yl}-3-fluorobenzamide

clofutribén

4-{5-[2-(4-cloro-2,6-difluorofenoxi)propan-2-il]-4-metil-4H-1,2,4-triazol-3-il}-3-fluorobenzamida

$C_{19}H_{16}ClF_3N_4O_2$



coramitugum

coramitug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TTR (transthyretin) misfolded], monoclonal antibody; gamma1 heavy chain (1-454) [VH (*Mus musculus* IGHV5-12-2*01 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (84.6%) S123>L (119), CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%), G1m3, nG1m1CH1 R120, E12, M14 (CH1 R120 (221) (125-222), hinge 1-15 (223-237), CH2 (238-347), CH3 E12 (363), M14 (365) (348-452), CHS (453-454)) (125-454)], (227-219')-disulfide with kappa light chain (1'-219') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV2-137*01 (89.0%) -IGKJ2*03 (90.9%) S120>Q (105'), 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 (233-233":236-236")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DG44, glycoform alfa

coramitug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TTR (transthyréline) mal repliée], anticorps monoclonal; chaîne lourde gamma1 (1-454) [VH (*Mus musculus* IGHV5-12-2*01 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (84.6%) S123>L (119),

CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%), G1m3, nG1m1CH1 R120, E12, M14 (CH1 R120 (221) (125-222), charnière 1-15 (223-237), CH2 (238-347), CH3 E12 (363), M14 (365) (348-452), CHS (453-454)) (125-454)], (227-219')-disulfure avec la chaîne légère kappa (1'-219') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV2-137*01 (89.0%) - IGKJ2*03 (90.9%) S120>Q (105'), 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 (233-233":236-236")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DG44, glycoforme alfa

coramitug

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TTR (transtiretina) mal plegada], anticuerpo monoclonal; cadena pesada gamma1 (1-454) [VH (*Mus musculus* IGHV5-12-2*01 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (84.6%) S123>L (119), CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%), G1m3, nG1m1CH1 R120, E12, M14 (CH1 R120 (221) (125-222), bisagra 1-15 (223-237), CH2 (238-347), CH3 E12 (363), M14 (365) (348-452), CHS (453-454)) (125-454)], (227-219')-disulfuro con la cadena ligera kappa (1'-219') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV2-137*01 (89.0%) -IGKJ2*03 (90.9%) S120>Q (105'), 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 (233-233":236-236")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DG44, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

```
EVQLVESGGG LVQPGGSLKL SCAASGFTFS SYTMSWVRQT PEKRLLELVAE 50
INNSGDTTYY PDTVKGRTFI SRDNAKNTLY LQMSLKSSED TAMYYCARHY 100
YYGGGYGGWF FVWVWGGTLV TVSSASTKGP SVFPLAPSSK STSGGTAALG 150
CLVKDYFPEP VTVSWNSGAL TSGVHTFPAV LQSSGLYSLS SVVTVPSSSL 200
GTQTYICNVN HKPSNTKVDK RVEPKSCDKT HTPCPPAPE LGGGPSVFLF 250
PKPKDTLMI SRTPEVTCVV VDVSHEDPEV KFNWYVDGVE VNAKTKPRE 300
EQYNSTYRVV SVLTVLHQDV LNKKEYCKV SNKALPAPIE KTIKAKGQP 350
REPQVYTLPP SREEMTKNQV SLTCLVKGFY PSDIAVEWES NGQPENNYKT 400
TPPVLDSGDS FFLYSKLTVD KSRWQQGNVF SCSVMHEALH NHYTQKLSL 450
SPGK 454
```

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

```
DIVMTQSFSL LPVTFGEPAI ISCRSSKSLI HSNQNTLYW FLQKPGQSPQ 50
LLIYRVSNLA SGVPSRFSGS GSGTDFTLKI SRVEAEDVGV YYCMQHLEYF 100
LTFGQGTKLE IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVVCL LNNFYPREAK 150
VQWVKDVALQ SGNISQESVTE QDSKSTYSL SSSLTSLKAD YEKHKVYACE 200
VTHQGLSSPV TKSFNRGEC 219
```

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-96 151-207 268-328 374-432
 22"-96" 151"-207" 268"-328" 374"-432"

Intra-L (C23-C104) 23'-93' 139"-199"
 23'"-93'" 139'"-199'"

Inter-H-L (h 5-CL 126) 227-219' 227"-219"

Inter-H-H (h 11, h 14) 233-233" 236-236"

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

H CH2 N84.4: 304, 304"

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

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 454, 454"

dasminapantum

dasminapant

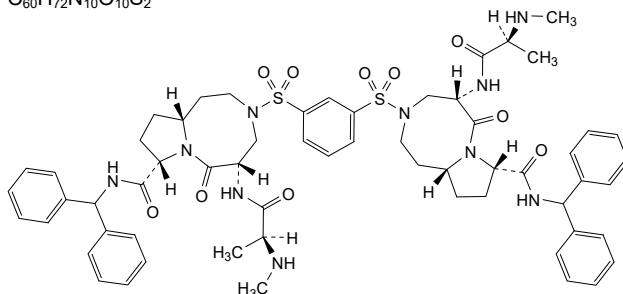
(5*S*,5'*S*,8*S*,8'*S*,10*aR*,10*a'R*)-3,3'-[1,3-phenylenebis(sulfonyl)]bis(*N*-(diphenylmethyl)-5-[(2*S*)-2-(methylamino)propanamido]-6-oxodecahydropyrrolo[1,2-*a*][1,5]diazocine-8-carboxamide}

dasminapant

(5*S*,5'*S*,8*S*,8'*S*,10*aR*,10'*aR*)-3,3'-[1,3-phénylènebis(sulfonyl)]bis(*N*-(diphénylméthyl)-5-[(2*S*)-2-(méthylamino)propanamido]-6-oxodécahydropyrrolo[1,2-*a*][1,5]diazocine-8-carboxamide}

dasminapant

(5*S*,5'*S*,8*S*,8'*S*,10*aR*,10'*aR*)-3,3'-[1,3-fenilenobis(sulfonyl)]bis(*N*-(difenilmetil)-5-[(2*S*)-2-(metilamino)propanamido]-6-oxodecahidropirrolo[1,2-*a*][1,5]diazocina-8-carboxamida}

C₆₀H₇₂N₁₀O₁₀S₂**davelizomibum**

davelizomib

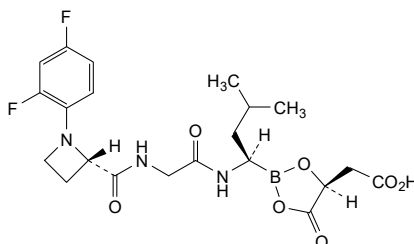
{{(4*S*)-2-[(1*R*)-1-{2-[(2*S*)-1-(2,4-difluorophenyl)azetidina-2-carboxamido]acetamido}-3-methylbutyl]-5-oxo-1,3,2-dioxaborolan-4-yl}acetic acid

davélizomib

acide {{(4*S*)-2-[(1*R*)-1-{2-[(2*S*)-1-(2,4-difluorophényl)azétidine-2-carboxamido]acétamido}-3-méthylbutyl]-5-oxo-1,3,2-dioxaborolan-4-yl}acétique

davelizomib

ácido {{(4*S*)-2-[(1*R*)-1-{2-[(2*S*)-1-(2,4-difluorofenil)azetidina-2-carboxamido]acetamido}-3-metilbutil]-5-oxo-1,3,2-dioxaborolan-4-il}acético

C₂₁H₂₆BF₂N₃O₇

dazagamglogenum autogedtemcelum #

dazagamglogene autogedtemcel

autologous CD34+ hematopoietic stem and progenitor cells (HSPCs) collected by leukapheresis and genetically modified *ex vivo* by a pair of zinc finger nucleases (ZFN) directed against the genomic sequence of the erythroid-specific enhancer (ESE) located in the second intron of the B-cell lymphoma/leukemia 11A (*BCL11A*) gene on chromosome 2. The ZFN editing components comprise two messenger RNAs (mRNAs) with one mRNA encoding the left optimized ZFN (mRENH1), and the other mRNA encoding the right optimized ZFN (mRENH2). The two mRNAs are introduced *ex vivo* into the target cell population via electroporation. Subsequent endogenous non-homologous end joining DNA repair results in an insertion or deletion (indel) event thus permanently disrupting the *BCL11A* erythroid enhancer region. The cell suspension is enriched for CD34+ cells using magnetic bead separation and cultured in media containing Fms-related tyrosine kinase 3 ligand (Flt3L), stem cell factor (SCF), and thrombopoietin (TPO), prior to electroporation. The substance consists of cells with $\geq 80\%$ CD34+ purity and detectable on-target editing

dazagamglogène autogedtemcel

cellules souches et progénitrices hématopoïétiques CD34+ autologues (HSPC) prélevées par leucaphérèse et génétiquement modifiées *ex vivo* par une paire de nucléases à doigts de zinc (ZFN) dirigées contre la séquence génomique de l'amplificateur spécifique de l'érythroïde (ESE) situé dans le deuxième intron du gène du lymphome/de la leucémie des cellules B 11A (*BCL11A*) présent sur le chromosome 2. Les composants d'édition ZFN comprennent deux ARN messagers (ARNm) dont l'un codant la ZFN optimisée à gauche (mRENH1) et l'autre la ZFN optimisée à droite (mRENH2). Les deux ARNm sont introduits *ex vivo* dans la population cellulaire cible par électroporation. La réparation endogène subséquente de l'ADN par jonction non homologue aboutit à un événement d'insertion ou de délétion (indel) qui perturbe de manière permanente la région de l'amplificateur érythroïde de *BCL11A*. La suspension cellulaire est enrichie en cellules CD34+ par séparation avec billes magnétiques et cultivée dans un milieu contenant du ligand de la tyrosine kinase 3 de type FMS (Flt3L), du facteur de cellules souches (SCF) et de la thrombopoïétine (TPO), avant l'électroporation. La substance est constituée de cellules d'une pureté en CD34+ $\geq 80\%$ et d'une édition sur cible détectable

dazagamglogén autogedtemcel

células madre y progenitoras hematopoyéticas (HSPCs) CD34+ autólogas, obtenidas mediante leucoaféresis y modificadas genéticamente *ex vivo* mediante un par de nucleasas con dedos de zinc (ZFN) dirigidas contra la secuencia genómica del potenciador específico eritroide (ESE) localizado

en el segundo intrón del gen de linfoma/leucemia de linfocitos B 11A (*BCL11A*) en el cromosoma 2. Los componentes editores de ZFN contienen dos ARN mensajeros (ARNm), con un ARm que codifica para la ZFN izquierda optimizada (mRENH1) y otro ARNm que codifica para la ZFN derecha optimizada (mRENH2). Los dos ARNm se introducen *ex vivo* en la población celular diana mediante electroporación. La reparación endógena subsiguiente de los extremos de unión no homólogos del ADN resulta en un evento de inserción o deleción (indel) que interrumpe permanentemente la región potenciadora eritroide del *BCL11A*.

La suspensión celular se enriquece en células CD34+ usando separación por bolas magnéticas y se cultivan en medio que contiene el ligando de tirosina quinasa 3 tipo FMS (Flt3L), factor de células madre (SCF) y trombopoyetina (TPO) antes de la electroporación. La sustancia consiste en células con una pureza de ≥80% CD34+ y edición detectable en el sitio deseado (*on-target*)

demannosum

demannose

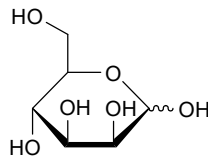
D-mannopyranose

démannose

D-mannopyranose

demanosa

D-manopiranosas



deunirmatrelvirum

deunirmatrelvir

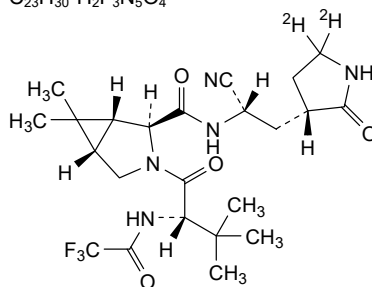
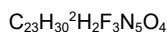
(1*R*,2*S*,5*S*)-*N*-{(1*S*)-1-cyano-2-[(3*S*)-2-oxo(5,5-²H₂)pyrrolidin-3-yl]ethyl}-3-[(2*S*)-3,3-dimethyl-2-(2,2,2-trifluoroacetamido)butanoyl]-6,6-dimethyl-3-azabicyclo[3.1.0]hexane-2-carboxamide

deunirmatrelvir

(1*R*,2*S*,5*S*)-*N*-{(1*S*)-1-cyano-2-[(3*S*)-2-oxo(5,5-²H₂)pyrrolidin-3-yl]éthyl}-3-[(2*S*)-3,3-diméthyl-2-(2,2,2-trifluoroacétamido)butanoyl]-6,6-diméthyl-3-azabicyclo[3.1.0]hexane-2-carboxamide

deunirmatrelvir

(1*R*,2*S*,5*S*)-*N*-{(1*S*)-1-ciano-2-[(3*S*)-2-oxo(5,5-²H₂)pirrolidin-3-il]etil}-3-[(2*S*)-3,3-dimetil-2-(2,2,2-trifluoroacetamido)butanoil]-6,6-dimetil-3-azabicio[3.1.0]hexano-2-carboxamida

**deusilicium**

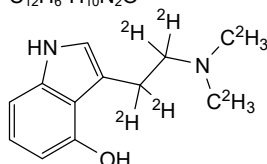
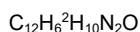
deusilicin

3-[2-{di[(²H₃)methyl]amino}(²H₄)ethyl]-1*H*-indol-4-ol

deusilicine

3-[2-{di[(²H₃)méthyl]amino}(²H₄)éthyl]-1*H*-indol-4-ol

deusilicina

3-[2-{di[(²H₃)metil]amino}(²H₄)etil]-1*H*-indol-4-ol**digadoglucitolum**

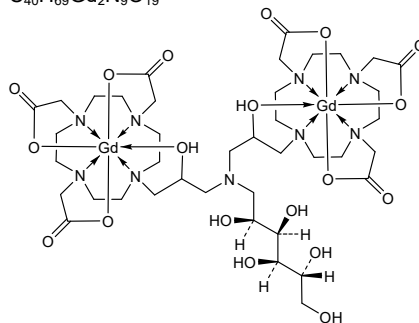
digadoglucitol

 μ -[2,2',2'',2''',2''''-(((2*S*,3*R*,4*R*,5*R*)-2,3,4,5,6-pentahydroxyhexyl)azanediyl)bis[[2-(hydroxy-κ*O*)propane-3,1-diyl]-1,4,7,10-tetraazacyclododecane-10,1,4,7-tetrayl-κ⁴*N*¹,*N*⁴,*N*⁷,*N*¹⁰)]hexa(acetato-κ*O*)]digadolium

digadoglucitol

 μ -[2,2',2'',2''',2''''-(((2*S*,3*R*,4*R*,5*R*)-2,3,4,5,6-pentahydroxyhexyl)azanediyl)bis[[2-(hydroxy-κ*O*)propane-3,1-diyl]-1,4,7,10-tétraazacyclododécane-10,1,4,7-tétrayl-κ⁴*N*¹,*N*⁴,*N*⁷,*N*¹⁰)]hexa(acétato-κ*O*)]digadolium

digadoglucitol

 μ -[2,2',2'',2''',2''''-(((2*S*,3*R*,4*R*,5*R*)-2,3,4,5,6-pentahidroxihexil)azanodii)bis[[2-(hidroxi-κ*O*)propano-3,1-dii]l]-1,4,7,10-tetraazaciclododecano-10,1,4,7-tetrail-κ⁴*N*¹,*N*⁴,*N*⁷,*N*¹⁰)]hexa(acetato-κ*O*)]digadolium

divesiranum

divesiran

*all-P-ambo-5'-O-[21-[(2-acetamido-2-deoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]-9,9-bis{12-[(2-acetamido-2-deoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]-7-hydroxy-7-sulfanylidene-2,6,8-trioxa-7λ⁵-phosphadodecan-1-yl]-1,16-dihydroxy-1,16-bis(sulfanylidene)-2,7,11,15,17-pentaoxa-1λ⁵,16λ⁵-diphosphahénicosan-1-yl]-2'-deoxy-2'-fluorouridylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorocytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroguanilyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorouridylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorocytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorouridylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorouridylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoro-*P*-thioguanilyl-(3'→5')-2'-O-methyl-*P*-thiouridylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorouridine, duplex with *all-P-ambo-2'-O-methyl-P-thioadenilyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoro-*P*-thioadenilyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorocytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenilyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroguanilyl-(3'→5')-2'-O-methyladenilyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenilyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroguanilyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroguanilyl-(3'→5')-2'-O-methyl-*P*-thiouridylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoro-*P*-thioguanilyl-(3'→5')-2'-O-methyladenosine**

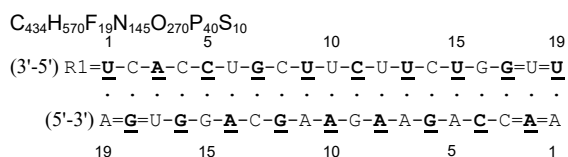
divésiran

*tout-P-ambo-5'-O-[21-[(2-acétamido-2-désoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]-9,9-bis{12-[(2-acétamido-2-désoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]-7-hydroxy-7-sulfanylidène-2,6,8-trioxa-7λ⁵-phosphadodécane-1-yl]-1,16-dihydroxy-1,16-bis(sulfanylidène)-2,7,11,15,17-pentaoxa-1λ⁵,16λ⁵-diphosphahénicosan-1-yl]-2'-désoxy-2'-fluorouridylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroadénylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluorocytidylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroguanilyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluorouridylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluorocytidylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluorouridylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluorouridylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoro-*P*-thioguanilyl-(3'→5')-2'-O-méthyl-*P*-thiouridylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluorouridine, duplex avec *tout-P-ambo-2'-O-méthyl-P-thioadénylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoro-*P*-thioadénylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluorocytidylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroguanilyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroadénylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroadénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroguanilyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroadénylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroguanilyl-(3'→5')-2'-O-méthyl-*P*-thiouridylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoro-*P*-thioguanilyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénosine**

divesirán

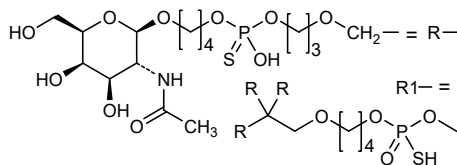
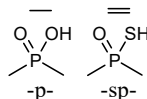
todo-P-ambo-5'-O-[21-[(2-acetamido-2-desoxi-β-D-galactopiranosil)oxi]-9,9-bis{12-[(2-acetamido-2-desoxi-β-D-galactopiranosil)oxi]-7-hidroxi-7-sulfanilideno-2,6,8-trioxa-7λ⁵-

fosfadodecan-1-il]-1,16-dihidroxi-1,16-bis(sulfanilideno)-2,7,11,15,17-pentaoxa-1λ⁵,16λ⁵-difosfahenicosan-1-il]-2'-desoxi-2'-fluorouridilil-(3'→5')-2'-O-metilcitolidilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroadenilil-(3'→5')-2'-O-metilcitolidilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorocitolidilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroguanilil-(3'→5')-2'-O-metilcitolidilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorouridilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorocitolidilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorouridilil-(3'→5')-2'-O-metilcitolidilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorouridilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoro-*P*-tioguanilil-(3'→5')-2'-O-metil-*P*-tiouridilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorouridina, dúplex con *todo-P-ambo-2'-O-metil-P-tioadenilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoro-P-tioadenilil-(3'→5')-2'-O-metilcitolidilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorocitolidilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroguanilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroadenilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroadenilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroguanilil-(3'→5')-2'-O-metilcitolidilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroadenilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroguanilil-(3'→5')-2'-O-metil-*P*-tiouridilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoro-*P*-tioguanilil-(3'→5')-2'-O-metiladenosina*

**Legend**

X : (2'*R*)2'-deoxy-2'-fluoronucleotide

X : 2'-*O*-methylnucleotide



donzakimigum #
donzakimig

immunoglobulin G1(VH-CH1-h)-scFv_L-kappa-scFv, anti-[*Homo sapiens* IL22 (interleukin 22, IL-22, ILTIF, IL-TIF)], anti-[*Homo sapiens* IL13 (interleukin 13, IL-13)] and anti-[*Homo sapiens* ALB (albumin, human serum albumin, HAS)], humanized, trispecific, trivalent; fused G1(VH-CH1-h)-scFv heavy-kappa heavy chain humanized (1-486) [G1(VH-CH1-h) anti-IL22 humanized (1-222) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (83.7%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.7.13] (26-33.51-57.96-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*01 CH1-h, G1m17 (CH1 K120 (216) (120-217), hinge 1-5 (218-222)) (120-222)] -11-mer seryl-bis(tetraglycyl-seryl) linker (223-233) -scFv heavy-kappa anti-ALB humanized, scFv-v1 C49 (VH)-C120 (VL) (234-486) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (78.6%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (93.3%) C49 (277), R120>Q (346) (CDR-IMGT [8.7.15] (259-266.284-290.329-343)) (234-354) -20-mer tetrakis(tetraglycyl-

	<p>seryl) linker (355-374) -V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-12*01 (86.5%) -IGKJ1*01 (90.9%) C120 (477), CDR-IMGT [7.3.11] (401-407.425-427.464-474)) (375-486)]; fused L-kappa-scFv heavy-kappa light chain humanized (1'-474') [L-KAPPA anti-IL22 humanized (1'-219') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-9*03 (89.8%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.14] (27'-32'.50'-52'.89'-102'')] (1'-112') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (158'), V101 (196') (113'-219')] -11-mer seryl-bis(tetraglycyl-seryl) linker (220'-230') -scFv heavy-kappa anti-IL13 humanized, scFv-1 C49 (VH)-C120 (VL) (231'-474') [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-69*08 (81.6%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), C49 (274), CDR-IMGT [8.8.9] (256'-263'.281'-288'.327'-335'')) (231'-346') -20-mer tetrakis(tetraglycyl-seryl) linker (347'-366') -V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-NL1*01 (83.9%) -IGKJ2*01 (91.7%) C120 (465'), CDR-IMGT [6.3.8] (393'-398'.416'-418'.455'-462'')) (367'-474')]]; produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DG44, non-glycosylated</p>
donzakimig	<p>immunoglobuline G1(VH-CH1-h)-scFv_L-kappa-scFv, anti-[<i>Homo sapiens</i> IL22 (interleukine 22, IL-22, ILTIF, IL-TIF)], anti-[<i>Homo sapiens</i> IL13 (interleukine 13, IL-13)] et anti-[<i>Homo sapiens</i> ALB (albumine, sérum albumine humaine, SAH)], anticorps monoclonal humanisé, trispécifique, trivalent; chaîne lourde gamma1 fusionnée G1(VH-CH1-h)-scFv lourde-kappa humanisée (1-486) [G1(VH-CH1-h) anti-IL22 humanisée (1-222) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-23*04 (83.7%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.7.13] (26-33.51-57.96-108)) (1-119) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01 CH1-h, G1m17 (CH1 K120 (216) (120-217), charnière 1-5 (218-222)) (120-222)] -11-mer séryl-bis(tétraglycyl-séryl) linker (223-233) -scFv lourde-kappa anti-ALB humanisé, scFv-v1 C49 (VH)-C120 (VL) (234-486) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-23*01 (78.6%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (93.3%), C49 (277), R120>Q (346), CDR-IMGT [8.7.15] (259-266.284-290.329-343)) (234-354) -20-mer tétrakis(tétraglycyl-séryl) linker (355-374) -V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-12*01 (86.5%) -IGKJ1*01 (90.9%) C120 (477), CDR-IMGT [7.3.11] (401-407.425-427.464-474)) (375-486)]]; chaîne légère kappa fusionnée L-kappa-scFv humanisée (1'-474') [L-KAPPA anti-IL22 humanisée (1'-219') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-9*03 (89.8%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.14] (27'-32'.50'-52'.89'-102'')] (1'-112') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (158'), V101 (196') (113'-219')] -11-mer séryl-bis(tétraglycyl-séryl) linker (220'-230') -scFv lourde-kappa anti-IL13 humanisé, scFv-1 C49 (VH)-C120 (VL) (231'-474') [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-69*08 (81.6%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), C49 (274), CDR-IMGT [8.8.9] (256'-263'.281'-288'.327'-335'')) (231'-346') -20-mer tétrakis(tétraglycyl-séryl) linker (347'-366') -V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-NL1*01 (83.9%) -IGKJ2*01 (91.7%) C120 (465'), CDR-IMGT [6.3.8] (393'-398'.416'-418'.455'-462'')) (367'-474')]]; produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DG44, non-glycosylé</p>
donzakimig	<p>immunoglobulina G1(VH-CH1-h)-scFv_L-kappa-scFv, anti-[<i>Homo sapiens</i> IL22 (interleukina 22, IL-22, ILTIF, IL-TIF)], anti-[<i>Homo sapiens</i> IL13 (interleukina 13, IL-13)] y anti-[<i>Homo sapiens</i> ALB (albúmina, albúmina sérica humana, SAH)],</p>

anticuerpo monoclonal humanizado, trispecífico, trivalente; cadena pesada gamma1 fusionada G1(VH-CH1-h)-scFv pesada-kappa humanizada (1-486) [G1(VH-CH1-h) anti-IL22 humanizada (1-222) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*04 (83.7%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.7.13] (26-33.51-57.96-108)) (1-119) -*Homo sapiens*IGHG1*01 CH1-h, G1m17 (CH1 K120 (216) (120-217), bisagra 1-5 (218-222)) (120-222))] -11-mer seril-bis(tetraglicil-seril) enlace (223-233) -scFv pesado-kappa anti-ALB humanizado, scFv-v1 C49 (VH)-C120 (VL) (234-486) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*01 (78.6%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (93.3%), C49 (277), R120>Q (346), CDR-IMGT [8.7.15] (259-266.284-290.329-343)) (234-354) -20-mer tetrakis(tetraglicil-seril) enlace (355-374) -V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-12*01 (86.5%) -IGKJ1*01 (90.9%) C120 (477), CDR-IMGT [7.3.11] (401-407.425-427.464-474)) (375-486)]; cadena ligera kappa fusionada L-kappa-scFv humanizada (1'-474') [L-KAPPA anti-IL22 humanizada (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-9*03 (89.8%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.14] (27'-32'.50'-52'.89'-102'')) (1'-112') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (158'), V101 (196') (113'-219')] -11-mer seril-bis(tetraglicil-seril) enlace (220'-230') -scFv pesado-kappa anti-IL13 humanizado, scFv-1 C49 (VH)-C120 (VL) (231'-474') [VH (*Homo sapiens*IGHV1-69*08 (81.6%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), C49 (274'), CDR-IMGT [8.8.9] (256'-263'.281'-288'.327'-335'')) (231'-346') -20-mer tetrakis(tetraglicil-seril) enlace (347'-366') -V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-NL1*01 (83.9%) -IGKJ2*01 (91.7%) C120 (465'), CDR-IMGT [6.3.8] (393'-398'.416'-418'.455'-462'')) (367'-474')]]; producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DG44, no glicosilado

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: anti-IL22 G1(VH-CH1-h)-anti-ALB scFv
 EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAVSGFSL S YAMIWVRQA PGKLEWIGI 50
 IDIEGSTYYA SWAKGRFTIS RDNSKNTVYL QMNSLRAEDT AVYYCARDRF 100
 VGVDFIDPFWG QGTLVTVSSA STRGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKLD 150
 YFPEPVTWV NSGALTSVGH TFPVAVLQSSG LYSLSSTVTV PSSSLGTQTY 200
 ICNVNHKPSN TKVDKKEPK SCSSGGGSGG GGSEVQLLES GGLVQPPGS 250
 LRLSCAVSGI DLSNYAINWV RQAPGKCLEW IGIWASGTT FYATWAKGRF 300
 TISRDNSKNT VYLMNSLRA EDTAVYYCAR TVPGYSTAPY FDLWGQGLTV 350
 TVSSGGGSGG GGGGGGGSG GGGSDIQMTQ SPSSVSASVG DRVTITCQSS 400
 PSVWSNFLSW YQQKPGKAPK LLIYEASKLT SGVPSRFSGS GSGTDFTLTI 450
 SSLQPEDPAT YYCGGYSI SDTTFGCGTK VEIKRT 486

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: anti-IL22 L-kappa - anti-IL13 scFv
 AVQLTQSPSS LSASVGDVTV ITCQASEDIY TNLAWYQQKPK GKAPKLLIYW 50
 ASTLASGVPS RFGSGSGSDT FTLTISLQPE EDFATYYCQA SVYGNAAADR 100
 YTFGGGTKVE IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVIVCL LNNFYPREAK 150
 VQMKVDNALQ SGNSQESVTE QDSKDYSTSL SSTLTLSKAD YEKHKVYACE 200
 VTHQGLSSPV TKSFNREGCS GGGSGGGGGS EVQLVQSGAE VKKPGSSVVK 250
 SCRASGYSFT SYIHWVRQA PGQCLEWMMGR IGPGGSDINY NEKFKGRATF 300
 TVDKSTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARFH YDGDADWQGT LVTVSSGGGG 350
 SGGGSGGGG SGGGSDIQM TQSPSSLSAS VGDRTVITCK ASQININENLD 400
 WYQQKPGKAP KLLIYYTDLI QTGIPSRFSG SGGSDYITLT ISSLQPEDFA 450
 TYYCYQYYSG YTFGCGTKLE IKRT 474

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104)	22-95	146-202	255-328	397-463
Intra-H scFv C49 (VH)-C120 (VL)*	277-477			
Intra-L (C23-C104)	23'-88'	139'-199'	252'-326'	389'-454'
Intra-L scFv C49 (VH)-C120 (VL)*	274'-465'			
Inter-H-L (h 5-CL 126)	222-219'			

*Engineered additional disulfide bond to stabilize the scFv.

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

dorocubicelum

dorocubice

allogeneic human umbilical cord blood derived CD34+ hematopoietic stem and progenitor cells (HSPCs). The CD34+ HSPC fraction is selected from cord blood and expanded *ex vivo* in serum-free growth medium in the presence of UM171 (*trans-N*¹-[2-benzyl-7-(2-methyl-2*H*-tetrazol-5-yl)-9*H*-pyrimido[4,5-*b*]indol-4-yl]cyclohexane-1,4-diamine) dihydrobromide dihydrate and recombinant cytokines such as stem cell factor (SCF), FMS-related tyrosine kinase 3 ligand (Flt3L), thrombopoietin (TPO) and interleukin-6 (IL-6).

The expanded fraction predominantly consists of HSPCs (CD34+ CD45RA- cells), with varying levels of dendritic cell progenitors (CD34+ CD86+ cells), mast cell progenitors (Fc epsilon receptor 1a (FCER1A)+ CD117+ cells), and other cell types

dorocubice

cellules souches et progénitrices hématopoïétiques CD34+, allogéniques, dérivées du sang de cordon ombilical humain (HSPC). La fraction CD34+ des HSPC est sélectionnée à partir de sang de cordon ombilical et amplifiée *ex vivo* dans un milieu de croissance sans sérum en présence du dihydrate de bromhydrate de UM171 (*trans-N*¹-[2-benzyl-7-(2-méthyl-2*H*-tétrazol-5-yl)-9*H*-pyrimido[4, 5-*b*]indol-4-yl]cyclohexane-1,4-diamine) et des cytokines recombinantes telles que le facteur de cellules souches (SCF), le ligand de la tyrosine kinase 3 de type FMS (Flt3L), la thrombopoïétine (TPO) et l'interleukine-6 (IL-6).

La fraction amplifiée se compose principalement de cellules souches et progénitrices hématopoïétiques (HSPC) (cellules CD34+ CD45RA-), avec des niveaux variables de progéniteurs de cellules dendritiques (cellules CD34+ CD86+), de progéniteurs de mastocytes (cellules CD117+ de la sous-unité alpha du récepteur Fc de l'IgE (FCER1A)), et d'autres types cellulaires

dorocubice

células madre y progenitoras hematopoyéticas (HSPCs) CD34+, alogénicas, humanas, derivadas de sangre de cordón umbilical. La fracción de HSPC CD34+ se selecciona de sangre de cordón y se expande *ex vivo* en medio de crecimiento sin suero en presencia de dihidrobromida dihidrato de UM171 (*trans-N*¹-[2-bencil-7-(2-metil-2*H*-tetrazol-5-il)-9*H*-pirimido [4,5-*b*]indol-4-il]ciclohexano-1,4-diamina) y citoquinas recombinantes tales como factor de células madre (SCF), ligando de tirosina quinasa 3 tipo FMS (Flt3L), trombopoyetina (TPO) e interleuquina 6 (IL-6).

La fracción expandida consiste predominantemente en células madre y progenitoras hematopoyéticas (HSPCs) (células CD34+ CD45RA-), con niveles variables de progenitores de células dendríticas (células CD34+ CD86+), progenitores de mastocitos (células FCER1A (subunidad alfa del receptor Fc de IgE)+ CD117+) y otros tipos celulares

edelinontrinum

edelinontrine

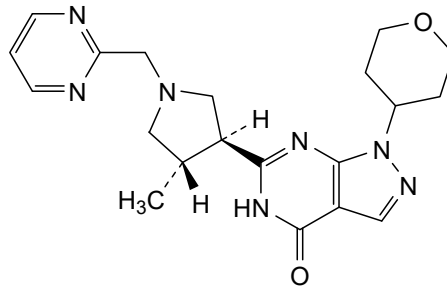
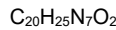
6-{{(3*S*,4*S*)-4-methyl-1-[(pyrimidin-2-yl)methyl]pyrrolidin-3-yl}-1-(oxan-4-yl)-1,5-dihydro-4*H*-pyrazolo[3,4-*d*]pyrimidin-4-one

édélinontrine

6-{{(3*S*,4*S*)-4-méthyl-1-[(pyrimidin-2-yl)méthyl]pyrrolidin-3-yl}-1-(oxan-4-yl)-1,5-dihydro-4*H*-pyrazolo[3,4-*d*]pyrimidin-4-one

edelinontrina

6-{{(3*S*,4*S*)-4-metil-1-[(pirimidin-2-il)metil]pirrolidin-3-il}-1-(oxan-4-il)-1,5-dihidro-4*H*-pirazolo[3,4-*d*]pirimidin-4-ona



efercoleukinum alfa #
efercoleukin alfa

human immunoglobulin G1 Fc fragment (h-CH2-CH3-CHS domains [*Homo sapiens* IGHG1*01 (hinge (1-10), CH2 N⁷⁷>A (11-120), CH3 Y¹²⁹>C, T¹⁴⁶>S, L¹⁴⁸>A, Y¹⁸⁷>V (121-225), CHS K²²⁷>del (226-226))]) (1-226), fused via the peptide linker ²²⁷GPPSGSSPMPYDLYHPSGGG²⁴⁶ to interleukin 2 receptor subunit beta (IL2RB, high affinity IL-2 receptor subunit β, CD122) fragment (27-239, 247-459 in the current sequence), variant (C¹²²>S³⁶⁸, C¹⁶⁸>S⁴¹⁴), disulfide bridged to human immunoglobulin G1 Fc fragment (h-CH2-CH3-CHS domains [*Homo sapiens* IGHG1*01 (hinge (1'-10'), CH2 N⁷⁷>A (11'-120'), CH3 S¹³⁴>C, T¹⁴⁶>W (121'-225'), CHS K²²⁷>del (226'-226'))]) (1-226), fused via peptide linker ²²⁷GGSSPPGGSSGGSGP²⁴³ to human interleukin 2 (IL2) (21-153, 244-376 in the current sequence), variant (R⁵⁸>A²⁸¹, F⁶²>A²⁸⁵, Y⁶⁵>A²⁸⁸, E⁸²>A³⁰⁵, C¹⁴⁵>A³⁶⁸), heterodimer, produced in Chinese hamster ovary (CHO) K1 cells, glycoform alfa

efercoleukine alfa

fragment Fc de l'immunoglobuline G1 humaine (domaines h-CH2-CH3-CHS [*Homo sapiens* IGHG1*01 (charnière (1-10), CH2 N⁷⁷>A (11-120), CH3 Y¹²⁹>C, T¹⁴⁶>S, L¹⁴⁸>A, Y¹⁸⁷>V (121-225), CHS K²²⁷>del (226-226))]) (1-226), fusionné via le peptide liant ²²⁷GPPSGSSPMPYDLYHPSGGG²⁴⁶ au fragment (27-239, 247-459 dans la séquence actuelle) de la sous-unité bêta du récepteur de l'interleukine 2 (IL2RB, sous-unité β du récepteur de l'IL-2 à haute affinité, CD122), variant (C¹²²>S³⁶⁸, C¹⁶⁸>S⁴¹⁴), réuni par des ponts disulfure au fragment Fc de l'immunoglobuline G1 humaine (domaines h-CH2-CH3-CHS [*Homo sapiens* IGHG1*01 (charnière (1'-10'), CH2 N⁷⁷>A (11'-120'), CH3 S¹³⁴>C, T¹⁴⁶>W (121'-225'), CHS K²²⁷>del (226'-226'))]) (1-226), fusionné via la liaison peptidique ²²⁷GGSSPPGGSSGGSGP²⁴³ à l'interleukine 2 humaine (IL2) (21-153, 244-376 dans la séquence actuelle), variant (R⁵⁸>A²⁸¹, F⁶²>A²⁸⁵, Y⁶⁵>A²⁸⁸, E⁸²>A³⁰⁵, C¹⁴⁵>A³⁶⁸), hétérodimère, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO) K1, glycoforme alfa

efercoleukina alfa

fragmento Fc de la inmunoglobulina humana (dominio h-CH2-CH3-CHS [*Homo sapiens* IGHG1*01 (bisagra (1-10), CH2 N⁷⁷>A (11-120), CH3 Y¹²⁹>C, T¹⁴⁶>S, L¹⁴⁸>A, Y¹⁸⁷>V (121-225), CHS K²²⁷>del (226-226))]) (1-226), fusionado a través del enlace peptídico ²²⁷GPPSGSSPMPYDLYHPSGGG²⁴⁶ a la subunidad beta del receptor de la interleukina 2 (IL2RB, subunidad β del receptor de la IL-2 de alta afinidad, CD122) fragmento (27-239, 247-459 en la secuencia actual), variante (C¹²²>S³⁶⁸, C¹⁶⁸>S⁴¹⁴), unido a puentes disulfuro al fragmento Fc de la inmunoglobulina humana G1 (dominios h-CH2-CH3-CHS [*Homo sapiens* IGHG1*01 (bisagra (1'-10'), CH2 N⁷⁷>A (11'-120'), CH3 S¹³⁴>C, T¹⁴⁶>W (121'-225'), CHS K²²⁷>del (226'-226'))]), fusionado a través del enlace peptídico ²²⁷GGSSPPGGSSGGSSGP²⁴³ a la interleukina 2 humana (IL2) (21-153, 244-376 en la secuencia actual), variante (R⁵⁸>A²⁸¹, F⁶²>A²⁸⁵, Y⁶⁵>A²⁸⁸, E⁸²>A³⁰⁵, C¹⁴⁵>A³⁶⁸), heterodímero, producido en células ováricas de hámster Chino (CHO) K1, forma glicosilada alfa

Fc-IL2RB

DKTHTCPPCP APELLGGPSV FLFPPKPKDT LMISRTPEVT CVVVDVSHED	50
PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYA ^{STY} RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK	100
CKVSNKALPA PIEKTISKAK GQPREPQV ^{CT} LPPSRDELTK NQVSI ^{SA} AVK	150
GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTTTPPVLDL DGSFFLY ^{SKL} TVDKSRWQQG	200
NVFSQSVNME ALHNHYTQKS LSLSPGG ^{PSS} <i>GSSPMPYDLY</i> <i>HPSGGG</i> AVNG	250
TSQFTCFYNS RANISCVNSQ DGALQDTSCQ VHAWPDRRRW NQTCELLPVS	300
QASWACNLIL GAPDSQKLT ^T VDIVTLRVLC REGVRWRVMA IQDFKPFENL	350
RLMAPISLQV VHVETHR ^{SN} I SWEISQASHY FERHLEFEAR TLSPGHTWEE	400
APLLTLKQKQ EWIS ^{LE} LETLP DTQYEFQVRV KPLQGEFTTW SPWSQPLAFR	450
TKPAALGKD	459

Fc-IL2

DKTHTCPPCP APELLGGPSV FLFPPKPKDT LMISRTPEVT CVVVDVSHED	50
PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYA ^{STY} RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK	100
CKVSNKALPA PIEKTISKAK GQPREPQV ^{YT} LPPC ^R DELTK NQVSI ^W CLVK	150
GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTTTPPVLDL DGSFFLY ^{SKL} TVDKSRWQQG	200
NVFSQSVNME ALHNHYTQKS LSLSPGG ^{GSS} <i>PPGGSSGGG</i> <i>SGPAPTSSS</i> T	250
KKTQLQLEHL LLDLQMLING INNYKNPKLT <i>AMLTAKFAMP</i> KKATELKH ^{LQ}	300
CLEEA ^L KPLE EVLNLAQSKN FHLRPRDLIS NINVIVLELK GSETTFMCEY	350
ADETATIV ^E FNLRWIT ^E AQS IISTLT	376

Mutations / Mutation / Mutación

Fc-IL2RB chain: N⁷⁷>A, Y¹²⁹>C, T¹⁴⁶>S, L¹⁴⁸>A, Y¹⁸⁷>V, K²²⁷>del, C¹²²>S³⁶⁸, C¹⁶⁸>S⁴¹⁴
 Fc-IL2 chain: N⁷⁷>A, S¹³⁴>C, T¹⁴⁶>W, K²²⁷>del, R⁵⁸>A²⁸¹, F⁶²>A²⁸⁵, Y⁶⁵>A²⁸⁸, E⁸²>A³⁰⁵, C¹⁴⁵>A³⁶⁸

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión

Fc-IL2RB chain: ²²⁷GPPSGSSPMPYDLYHPSGGG²⁴⁶
 Fc-IL2 chain: ²²⁷GGSSPPGGSSGGSSGP²⁴³

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
 Intra Fc-IL2RB: 41-101, 147-205, 256-266, 279-330, 294-306
 Intra Fc-IL2: 41'-101', 147'-205', 301'-348'
 Intra Fc-IL2RB chain- Fc-IL2 chain: 6-6', 9-9', 129-134'

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

Fc-IL2RB: N249, N263, N291, N369

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

O-glycosylation is experimentally confirmed in the 220-261 peptide of the Fc-IL2RB chain and in the 220-251 peptide of the Fc-IL2 chain with uncertainty on precise Ser and Thr glycosylated residues

efpegerglucagonum

efpegerglucagon

human immunoglobulin G4 Fc fragment (h-CH2-CH3-CHS domains [*Homo sapiens*IGHG4*01 (hinge (1-4), CH2 (5-114), CH3 (115-219), CHS (220-221))] (1-221), disulfide bridged dimer, produced in *Escherichia coli*, with one Fc chain conjugated (P¹→C³⁰) via a bifunctional maleimide-polyethylene glycol-aldehyde linker to a synthetic glucagon peptide analogue (1"-30") (E¹⁶→K²⁰ linked by a lactam ring)

efpégerglucagon

fragment Fc de l'immunoglobuline G4 humaine (domaines h-CH2-CH3-CHS [*Homo sapiens*IGHG4*01 (charnière (1-4), CH2 (5-114), CH3 (115-219), CHS (220-221))] (1-221), dimère à ponts disulfure, produit chez *Escherichia coli*, avec une chaîne Fc conjuguée (P¹→C³⁰) via une liaison bifonctionnelle maléimide-polyéthylène glycol-aldéhyde à un analogue synthétique du peptide du glucagon (1"-30") (E¹⁶→K²⁰ liés par un anneau lactame)

efpegerglucagón

fragmento Fc de la inmunoglobulina G4 humana (dominios h-CH2-CH3-CHS [*Homo sapiens*IGHG4*01 (bisagra (1-4), CH2 (5-114), CH3 (115-219), CHS (220-221))] (1-221), dímero unido a través de puentes disulfuro, producido en *Escherichia coli*, con una cadena Fc conjugada (P¹→C³⁰), a través de un enlace bifuncional maléimido-poliétileno glicol-aldehído a un análogo peptídico del glucagón sintético (1"-30") (E¹⁶→K²⁰ unido a través de un anillo lactámico)

Sequence / Séquence / Secuencia

IgG4 Fc:

PSCPAPEFLG	GPSVFLFPPK	PKDTLMISRT	PEVTCVVVDV	SQEDPEVQFN	50
WYVDGVEVHN	AKTKPREEQF	NSTYRVVSVL	TVLHQDWLNG	KEYKCKVSNK	100
GLPSSIEKTI	SKAKGQPREP	QVYTLPPSQE	EMTKNQVSLT	CLVKGFPYPSD	150
IAVEWESNGQ	PENNYKTTTP	VLDSGDSFFL	YSRLTVDKSR	WQEGNVFSCS	200
VMHEALHNHY	TQKSLSLSLG	K			221

glucagon:

YXQGTFTSDY SKYLDERRAK EEFVQWLMNTC 30

Mutation / Mutation / Mutación

glucagon: H1>Y', S2>Aib (X'), S16>E', Q20>K', D21>E', C30' added

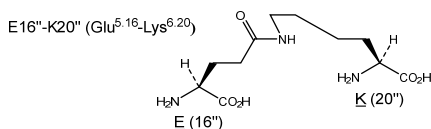
Post-translational modifications

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

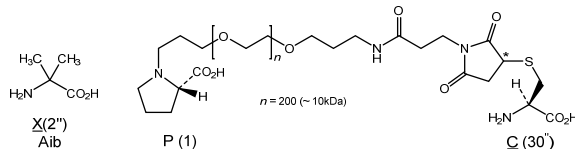
Intra-chain: 35-95, 141-199, 35'-95', 141'-199'

Inter-chain: 3-3'

Amide bridge location / Position du pont amide / Posición del puente amido

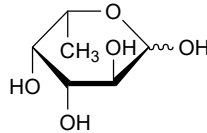


Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados



elfucosum

elfucose	L-fucopyranose (6-deoxy-L-galactopyranose)
elfucose	L-fucopyranose (6-désoxy-L-galactopyranose)
elfucosa	L-fucopiranososa (6-desoxi-L-galactopiranososa)



eltrekibartum #

eltrekibart

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* CXCL1, CXCL2, CXCL3, CXCL5, CXCL6, CXCL7 and CXCL8 (C-X-C chemokines with the Glu-Leu-Arg (ELR) motif)], humanized monoclonal antibody;
 gamma4 heavy chain humanized (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%), CDR-IMGT [8.8.19] (26-33.51-58.97-115)) (1-126)-*Homo sapiens* IGHG4*01, *nG4m(a)* CH2 L92, G4v5 h P10 (CH1 (127-224), hinge 1-12 S10>P (234) (225-236), CH2 L92 (315) (237-346), CH3 (347-451), CHS K2>del (452)) (127-452)], (140-214')-disulfide with kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*01 (85.3%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dimer (232-232''-235-235'')-bisdisulfide, produced in a Chinese hamster ovary (CHO)-derived cell line transfected with the glutamine synthetase (GS) gene, glycoform alfa

eltrekibart

immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* CXCL1, CXCL2, CXCL3, CXCL5, CXCL6, CXCL7 et CXCL8 (chémokines C-X-C avec le motif Glu-Leu-Arg (ELR))], anticorps monoclonal humanisé;
 chaîne lourde gamma4 humanisée (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (86.7%) -(IGHD) - IGHJ4*01 (92.3%), CDR-IMGT [8.8.19] (26-33.51-58.97-115)) (1-126)-*Homo sapiens* IGHG4*01, *nG4m(a)* CH2 L92, G4v5 h P10 (CH1 (127-224), charnière 1-12 S10>P (234) (225-236), CH2 L92 (315) (237-346), CH3 (347-451), CHS K2>del (452)) (127-452)], (140-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*01 (85.3%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dimère (232-232''-235-235'')-bisdisulfure, produite dans une lignée cellulaire dérivée des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO) transfectée avec le gène de la glutamine synthétase (GS), glycoforme alfa

eltrekibart

immunoglobulina G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* CXCL1, CXCL2, CXCL3, CXCL5, CXCL6, CXCL7 y CXCL8 (quimiocinas C-X-C com el motivo Glu-Leu-Arg (ELR))], anticuerpo monoclonal humanizado;
 cadena pesada gamma4 humanizada (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (86.7%) -(IGHD) - IGHJ4*01 (92.3%), CDR-IMGT [8.8.19] (26-33.51-58.97-115)) (1-126)-*Homo sapiens* IGHG4*01, *nG4m(a)* CH2 L92, G4v5 h P10 (CH1 (127-224), bisagra 1-12

S10>P (234) (225-236), CH2 L92 (315) (237-346), CH3 (347-451), CHS K2>del (452) (127-452)], (140-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*01 (85.3%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dímero (232-232":235-235")-bisdisulfuro, producido en una línea celular derivada de las células ováricas de hámster chino (CHO) transfectada con el gen de la glutamina sintetasa (GS), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

```

VQQLVQSGAE VVKPGASVKV SCKASGYEFT SYWIHWVRQA PGQGLEWMGN 50
ISPNSSGANY NEKFKSRVTM TRDTSTSTVY MELSSLRSED TAVYYCAREG 100
PYSYPSREY YGSDLWGGQT LVTVSSASTK GPSVFPLAPC SRSTSESTAA 150
LGCLVKDYFP EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP AVLQSSGLYS LSSVVTVPSS 200
SLGKTYTCN VDHKPSNTKV DKRVESKYGP PCPPCPAPEF LGGPSVFLFP 250
PKPKDTLMIS RTPEVTCVVV DVSQEDPEVQ FNWYVDGVEV HNAKTKPREE 300
QFNSTYRVVS VLTVLHQDWL NGKEYKCKVS NKGLPSSIEK TISKAKGQPR 350
EPQVYTLPPS QEEMTKQVS LTCLVKGFYP SDIAVEWESN GQPENNYKTT 400
PPVLDSDGSF FLYSRLTVDK SRWQEGNVFS CSMVHEALHN HYTQKSLSL 450
LG 452

```

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

```

EIVLTQSPAT LSLSPGERAT LSCRASQISV NNLHWYQQKP GQAPRLLIYY 50
TSRSVSGIPA RFGSGSGTD FTLTISLLEP EDFAVYYCGQ NNEWPEVFGG 100
GTKVEIKRTV AAFSVFIFFP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQNKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSSILT LSKADYKHKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGECC 214

```

Post-translational modifications

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

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

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

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

23"-88" 134"-194"

Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 140-214' 140"-214"

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

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal /

Ciclación del glutaminilo N-terminal

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

piroglutamilo (pE, 5-oxoprolylo)

H VH Q1: 1, 1"

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.

emidurdarum

emidurdar

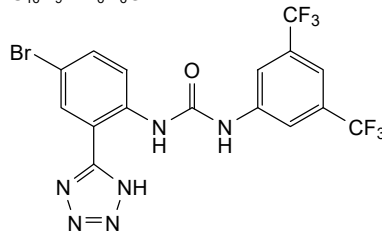
N-[3,5-bis(trifluoromethyl)phenyl]-N'-[4-bromo-2-(1H-tetrazol-5-yl)phenyl]urea

émidurdar

N-[3,5-bis(trifluorométhy)phényl]-N'-[4-bromo-2-(1H-tétrazol-5-yl)phényl]urée

emidurdar

N-[3,5-bis(trifluorometil)fenil]-N'-[4-bromo-2-(1H-tetrazol-5-il)fenil]urea

C₁₆H₉BrF₆N₆O

emilumenibum

emilumenib

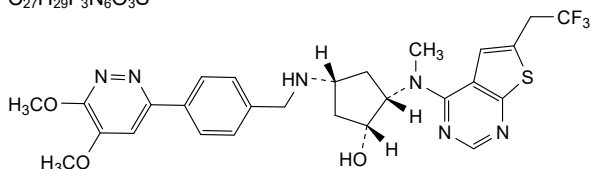
(5¹R,5³S,5⁴R)-1⁵,1⁶-dimethoxy-6-methyl-7⁶-(2,2,2-trifluoroethyl)-4,6-diaza-7(4)-thieno[2,3-*d*]pyrimidina-1(3)-pyridazina-2(1,4)-benzena-5(1,3)-cyclopentanaheptaphan-5⁴-ol

émiluménib

(5¹R,5³S,5⁴R)-1⁵,1⁶-diméthoxy-6-méthyl-7⁶-(2,2,2-trifluoroéthyl)-4,6-diaza-7(4)-thiéno[2,3-*d*]pyrimidina-1(3)-pyridazina-2(1,4)-benzéna-5(1,3)-cyclopentanaheptaphan-5⁴-ol

emilumenib

(5¹R,5³S,5⁴R)-6-metil-1⁵,1⁶-dimetoxi-7⁶-(2,2,2-trifluoroetil)-4,6-diaza-7(4)-tieno[2,3-*d*]pirimidina-1(3)-piridazina-2(1,4)-bencena-5(1,3)-ciclopentanaheptafan-5⁴-ol

C₂₇H₂₉F₃N₆O₃S**emzadiribum**

emzadirib

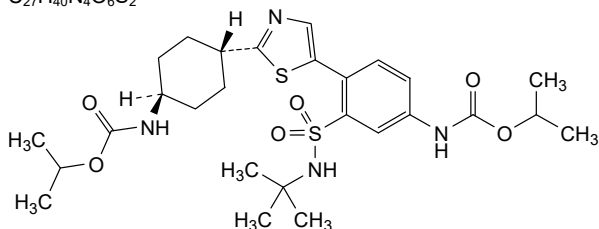
propan-2-yl [3-(*tert*-butylsulfamoyl)-4-{2-[*trans*-4-(((propan-2-yl)oxy)carbonyl)amino]cyclohexyl}-1,3-thiazol-5-yl]phenyl]carbamate

emzadirib

[3-(*tert*-butylsulfamoyl)-4-{2-[*trans*-4-(((propan-2-yl)oxy)carbonyl)amino]cyclohexyl}-1,3-thiazol-5-yl]phényl]carbamate de propan-2-yle

emzadirib

[3-(*tert*-butilsulfamoi)-4-{2-[*trans*-4-(((propan-2-il)oxi]carbonil)amino]ciclohexil}-1,3-tiazol-5-il]fenil]carbamato de propan-2-ilo

C₂₇H₄₀N₄O₆S₂**enavermotidum**

enavermotide

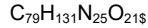
L-lysyl-L-seryl-L-valyl-L-tryptophyl-L-seryl-L-lysyl-L-leucyl-L-glutaminyll-L-seryl-L-isoleucylglycyl-L-isoleucyl-L-arginyl-L-glutaminyll-L-histidine

énavermotide

L-lysyl-L-séryl-L-valyl-L-tryptophyl-L-séryl-L-lysyl-L-leucyl-L-glutaminyll-L-séryl-L-isoleucylglycyl-L-isoleucyl-L-arginyl-L-glutaminyll-L-histidine

enavermotida

L-lisil-L-seril-L-valil-L-triptofil-L-seril-L-lisil-L-leucil-L-glutaminiil-L-seril-L-isoleucilglicil-L-isoleucil-L-arginil-L-glutaminiil-L-histidina



Lys-Ser-Val-Trp-Ser-Lys-Leu-Gln-Ser-Ile-Gly-Ile-Arg-Gln-His

enristomigum

enristomig

immunoglobulin VH-VH'-G1(h-CH2-CH3) heavy chain dimer, anti-[*Homo sapiens* CD274 (programmed cell death 1 ligand 1, PDL1, PD-L1, B7 homolog 1, B7H1, B7-H1, PDCD1LG1)] and anti-[*Homo sapiens* TNFRSF9 (TNF receptor superfamily member 9, 4-1BB, T-cell antigen ILA, CD137)], monoclonal antibody humanized, bispecific, tétravalent;
 IG VH-VH'-G1(h-CH2-CH3) heavy chain humanized (1-466) [VH anti-CD274 humanized (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (78.1%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (81.8%) S127>K (110), S128>P (111), CDR-IMGT [8.7.5] (26-33.51-57.96-100)) (1-111) -6-mer bis(diglycylseryl) linker (112-117) -VH' anti-TNFRSF9 humanized (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (80.2%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (81.8%) S127>K (237), S128>P (238), CDR-IMGT [8.7.15] (143-150.168-174.213-227)) (118-238) -4-mer tetraglycyl linker (239-242) -*Homo sapiens* IGHG1*01 h-CH2-CH3 (100%), G1m1CH3 D12, L14G1v71 CH2 ELL1.4-1.2>del (hinge 6-15 (243-252), CH2 ELL1.4-1.2>del (254^255) (253-359), CH3 D12 (375), L14 (377) (360-464), CHS (465-466)) (243-466)]; dimer (248-248":251-251")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa

enristomig

immunoglobuline VH-VH'-G1(h-CH2-CH3) chaîne lourde dimère, anti-[*Homo sapiens* CD274 (ligand 1 de mort programmée 1, PDL1, PD-L1, B7 homologue 1, B7H1, B7-H1, PDCD1LG1)] and anti-[*Homo sapiens* TNFRSF9 (membre 9 de la superfamille des récepteurs du TNF, 4-1BB, antigène ILA des cellules T, CD137)], anticorps monoclonal humanisé, bispécifique, tétravalent;
 IG VH-VH'-G1(h-CH2-CH3) chaîne lourde humanisée (1-466) [VH anti-CD274 humanisé (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (78.1%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (81.8%) S127>K (110), S128>P (111), CDR-IMGT [8.7.5] (26-33.51-57.96-100)) (1-111) -6-mer bis(diglycylséryl) linker (112-117) -VH' anti-TNFRSF9 humanisé (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (80.2%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (81.8%) S127>K (237), S128>P (238), CDR-IMGT [8.7.15] (143-150.168-174.213-227)) (118-238) -4-mer tétraglycyl linker (239-242) -*Homo sapiens* IGHG1*01 h-CH2-CH3 (100%), G1m1CH3 D12, L14,G1v71 CH2 ELL1.4-1.2>del (charnière 6-15 (243-252), CH2 ELL1.4-1.2>del (254^255) (253-359), CH3 D12 (375), L14 (377) (360-464), CHS (465-466)) (243-466)]; dimère (248-248":251-251")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

enristomig

immunoglobulina VH-VH'-G1(h-CH2-CH3) cadena pesada dímero, anti-[*Homo sapiens* CD274 (ligando 1 de muerte programada 1, PDL1, PD-L1, B7 homólogo 1, B7H1, B7-H1, PDCD1LG1)] y anti-[*Homo sapiens* TNFRSF9 (miembro 9 de la superfamilia de los receptores del TNF, 4-1BB, antígeno ILA de las células T, CD137)], anticuerpo monoclonal humanizado, biespecífico, tetraivalente;
 IG VH-VH'-G1(h-CH2-CH3) cadena pesada humanizada (1-466) [VH anti-CD274 humanizado (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (78.1%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (81.8%) S127>K (110), S128>P (111), CDR-IMGT [8.7.5] (26-33.51-57.96-100)) (1-111) -6-mer bis(diglicil-seril) enlace (112-117) -VH' anti-TNFRSF9 humanizado (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (80.2%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (81.8%)

S127>K (237), S128>P (238), CDR-IMGT [8.7.15] (143-150.168-174.213-227)) (118-238) -4-mer tetraglicil enlace (239-242) -*Homo sapiens* IGHG1*01 h-CH2-CH3 (100%), G1m1CH3 D12, L14, G1v71 CH2 ELL1.4-1.2>del (bisagra 6-15 (243-252), CH2 ELL1.4-1.2>del (254^255) (253-359), CH3 D12 (375), L14 (377) (360-464), CHS (465-466)) (243-466)]; dímero (248-248":251-251")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
 EVQLLESGGG EVQPGGSLRL SCAASGGIFA IKPISWYRQA PGKQREWVST 50
 TTSSGATNYA ESVKGRFTIS RDNAKNTLYL QMSLRAEDT AVYYCNVFEY 100
 WQQGLVTVK PGGSGGSEVQ LLESGGGEVQ PGGSLRLSCA ASGFSFSINA 150
 MGWYRQAPGK RREFVAIES GRNTVYAESV KGRFTISRDN AKNTVYLQMS 200
 SLRAEDTAVY YCGLLKGNRV VSPSVAYWQO GTLVTVKPGG GGDKTHTCP 250
 CPAPGGPSVF LFPPKPKDTL MISRTPEVTC VVVDVSHEDF EVKFNWYVDG 300
 VEVHNAKTKP REEQYNSTYR VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC KVSNKALPAP 350
 IEKTIKAKG QPREPQVYTL PPSRDELTKN QVSLTCLVKG FYPSDIAVEW 400
 ESNQQPENNY KTTTPVLDSD GSFFLYSKLT VDKSRWQQGN VFSCSVMHEA 450
 LHNHYTQKSL SLSPGK 466

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
 Intra-H (C23-C104) 22-95 139-212 280-340 386-444
 22'-95' 139'-212' 280'-340' 386'-444'
 Inter-H-H (h 11, h 14) 248-248' 251-251'

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
 H CH2 N84.4: 316, 316'

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

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
 H CHS K2: 466, 466'

envuretelum
 envuretel

allogeneic retinal pigment epithelial (RPE) cells derived from human embryonic stem cells (hESC). The hESC are expanded in a defined, serum-free, xeno-free culture medium on plates containing mitomycin C (MitC)-inactivated human dermal fibroblast (HDF) feeder cells, seeded initially on laminin/E-cadherin and finally on a reconstituted basement membrane matrix to generate a master cell bank (MCB).

The manufacturing of the human embryonic stem cell-derived retinal pigment epithelial (hESC-RPE) cells consists of 4 phases. First, expansion of the MCB-derived hESCs on plates containing MitC-inactivated HDF feeder cells, coated with laminin/E-cadherin. Second, the hESCs are induced to differentiate into RPE cells in embryoid body differentiation medium (EBDM) over a time frame of 80-140 days. Third, the resulting pigmented clusters are dissociated and expanded on gelatin-coated plates, in media containing a serum replacement additive, fetal bovine serum, basic human fibroblast growth factor (bFGF) and 2-mercaptoethanol, with the cells monitored for medium pigmentation and typical cobblestone epithelial morphology. Finally, the cells are tested for expression of RPE-specific markers (bestrophin-1 [BEST1] and/or paired box 6 [PAX6]), before cell harvest (step 4). The final cell population is characterized by the upregulation of RPE-specific cell marker (BEST1, PAX6, microphthalmia-associated transcription factor [MITF] and RPE-65), downregulation of embryonic stem cell genes (NANOG, octamer-binding transcription factor 4 [OCT4] and SOX-2) and the capability to phagocytose fluorescence particles (≥40%)

envuretel

cellules allogènes de l'épithélium pigmentaire rétinien (EPR) dérivées de cellules souches embryonnaires humaines (CSEh). Les CSEh sont amplifiées dans un milieu de culture défini, sans sérum et non-xéno, sur des plaques contenant des cellules

nourricières de fibroblastes dermiques humains (HDF) inactivés par la mitomycine C (MitC), ensemencées initialement sur de la laminine/E-cadhérine et finalement sur une matrice de membrane basale reconstituée pour générer une banque cellulaire primaire (MCB). La fabrication des cellules de l'épithélium pigmentaire rétinien dérivées de cellules souches embryonnaires humaines (CSEh-EPR) comprend 4 phases. Premièrement, l'amplification des CSEh dérivées de la MCB sur des plaques contenant des cellules nourricières HDF inactivées par MitC, recouvertes de laminine/E-cadhérine. Deuxièmement, les CSEh sont induites à se différencier en cellules de l'EPR dans un milieu de différenciation de corps embryotaire (EBDM) sur une période de 80 à 140 jours. Troisièmement, les amas pigmentés qui en résultent sont dissociés et étendus sur des plaques recouvertes de gélatine, dans un milieu contenant un additif de remplacement du sérum, du sérum bovin foetal, du facteur de croissance de base des fibroblastes humains (bhFGF) et du 2-mercaptoéthanol, les cellules étant contrôlées pour une pigmentation moyenne et une morphologie épithéliale typique en pavé. Enfin, les cellules sont testées pour l'expression des marqueurs spécifiques de l'EPR (bestrophine-1 [BEST1] et/ou boîte 6 [PAX6]), avant prélèvement des cellules (étape 4).

La population cellulaire finale est caractérisée par la régulation positive des marqueurs cellulaires spécifiques de l'EPR (BEST1, PAX6, facteur de transcription associé à la microphthalmie [MITF] et RPE-65) et la régulation négative des gènes des cellules souches embryonnaires (NANOG, facteur de transcription de liaison à l'octamère 4 [OCT4] et SOX-2) et la capacité de phagocytose des particules fluorescentes (≥40%)

envuretsel

células del epitelio pigmentario de retina (RPE), alogénicas, derivadas de células madre embrionarias humanas (hESC). Las hESC se expanden en un medio de cultivo definido, sin suero ni componentes xenogénicos, en placas que contienen fibroblastos dérmicos humanos (HDF) inactivados con mitomicina C (MitC) como células alimentadoras, tras sembrarse inicialmente en laminina/E-caderina y finalmente en una matriz de membrana basal reconstituída para generar un banco de células maestro (MCB). La fabricación de las células del epitelio pigmentario de retina derivadas de células madre embrionarias humanas (hESC-RPE) consiste en 4 fases. Primero, expansión de las células hESCs derivadas del MCB en placas que contienen células alimentadoras HDF inactivadas con MitC, forradas con laminina/E-caderina. Segundo, las hESCs se inducen a diferenciarse a células RPE en medio de diferenciación de cuerpos embrioides (EBDM) durante un rango de tiempo de 80-140 días. Tercero, los agrupamientos pigmentados resultantes se disocian y expanden en placas forradas de gelatina, en medio que contiene como aditivo un sustituto de suero, suero bovino fetal, factor de crecimiento básico de fibroblastos humanos (bhFGF) y 2-mercaptoetanol, con las células siendo monitorizadas para pigmentación del medio y morfología típica de empedrado epitelial. Finalmente, las células se evalúan para la expresión de marcadores específicos de RPE (bestrofina-1 [BEST1] y/o caja apareada 6 [PAX6]), antes de ser cosechadas (paso 4).

La población celular final se caracteriza por la sobre expresión de marcadores específicos de células RPE (BEST1, PAX6, factor de transcripción asociado a microftalmia (MITF) y REP-65) y la baja expresión de genes de células madre embrionarias (NANOG, factor de transcripción de unión a octámero 4 [OCT4] y SOX-2) y la capacidad de fagocitar partículas fluorescentes (≥40%)

evalstotugum

evalstotug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CTLA4 (cytotoxic T-lymphocyte associated protein 4, CTLA-4, CD152)], monoclonal antibody; gamma1 heavy chain (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*02 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) - *Homo sapiens* IGHG1*01 (100%), G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (215) (119-216), hinge 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 D12 (357), L14 (359) (342-446), CHS K2>del (447)) (119-447)], (221-215')-disulfide with kappa light chain (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (78.1%) - 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')]; dimer (227-227":230-230")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DG44, glycoform alfa

évalstotug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CTLA4 (protéine 4 associée aux lymphocytes T cytotoxiques, CTLA-4, CD152)], anticorps monoclonal; chaîne lourde gamma1 (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*02 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) - *Homo sapiens* IGHG1*01 (100%), G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (215) (119-216), charnière 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 D12 (357), L14 (359) (342-446), CHS K2>del (447)) (119-447)], (221-215')-disulfure avec la chaîne légère kappa (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (78.1%) -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')]; dimère (227-227":230-230")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DG44, glycoforme alfa

evalstotug

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CTLA4 (proteína 4 asociada a los linfocitos T citotóxicos, CTLA-4, CD152)], anticuerpo monoclonal; cadena pesada gamma1 (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*02 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) - *Homo sapiens* IGHG1*01 (100%), G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (215) (119-216), bisagra 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 D12 (357), L14 (359) (342-446), CHS K2>del (447)) (119-447)], (221-215')-disulfuro con la cadena ligera kappa (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (78.1%) -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')]; 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

EVQLVESGGG	LVQPFGSRL	SCAASGFTFS	HYTMHWVRQA	PGKLEWVSF	50
ISYDGNKKYY	ADSVKGRFTI	SRDNSKNTLY	LQMNSLRAED	TAVYYCARTG	100
WLGPFDFYWGQ	GTLVTVSSAS	TKGPSVFPLA	PSSKSTSGGT	AALGCLVKDY	150
FPEFVTVSWN	SGALTSGVHT	FPAVLQSSGL	YSLSSVVTVP	SSSLGTQTYI	200
CNVNHKPSNT	KVDKKVEPKS	CDKTHICTPPC	PAPELLGGPS	VFLFPPKPKD	250
TLMISRTPEV	TCVVVDVSH	DPEVKFNWYV	DGVEVHNAKT	KPREEQYNST	300
YRVVSVLTVL	HQDWLNGKEY	KCKVSNKALP	APIEKTISKA	KGQPREPVQY	350
TLPPSRDEL	KNQVSLTCLV	KGFYPSDIAV	EWESNGQPEN	NYKTTTPVLD	400
SDGSFFLYSK	LTVDKSRWQQ	GNVFSCSVMH	EALHNNHYTQK	SLSLSPG	447

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

AIQLTQSPSS	LSASVGDRTV	ITCRASQYVG	SSYLAWYLQK	PGQSPQLLIY	50
GAFSRATGIP	ARFSGSGSGT	EFTLTITSSLQ	SEDFAVYCYCQ	QDGSSPFTWG	100
QGTKVEIKRT	VAAPSVFIFP	PSDEQLKSGT	ASVVCLLNPF	YPREAKVQHW	150
VDNALQSGNS	QESVTEQDSK	DSTYLSLSTL	TLSKADYEKH	KVYACEVTHQ	200
GLSSPVTKSF	NRGEC				215

Post-translational modifications

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

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

Intra-L (C23-C104) 23"-89" 135"-195"
 23"-89" 135"-195"

Inter-H-L (h 5-CL 126) 221"-215" 221"-215"

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

evruleucelum
 evruleucel

allogeneic cytotoxic T lymphocytes (CTLs) specific for Epstein-Barr virus (EBV) latency proteins, including latent membrane protein 1 (LMP1), LMP2, and EBV nuclear antigen 1 (EBNA1). Peripheral blood mononuclear cells (PBMCs) isolated by apheresis from healthy EBV-seropositive donors are stored according to human leukocyte antigen (HLA) typing. The PBMCs are then co-cultured in media containing interleukin 2 (IL-2) together with irradiated antigen-presenting cells, created by incubation of PBMCs from the same donor with a replication-deficient adenovirus encoding a transgene that expresses a truncated EBNA1 protein fused to a polypeptide containing multiple epitopes from LMP1 and LMP2. The final cell population consists of >70% CD3+ T lymphocytes (mix of CD4+/CD8+ T lymphocytes), with the remaining cells made up of natural killer (NK) cells, B lymphocytes, and monocytes (typically <1%). The cells are specific for EBV protein antigens (LMP1, LMP2 and EBNA1) and lyse cells presenting epitopes from these EBV antigens in complex with a matching HLA

évruleucel

lymphocytes T cytotoxiques allogéniques (CTLs) spécifiques des protéines de latence du virus d'Epstein-Barr (EBV), notamment la protéine de membrane latente 1 (LMP1), la LMP2 et l'antigène nucléaire 1 de l'EBV (EBNA1). Les cellules mononucléaires de sang périphérique (PBMc) isolées par aphérese à partir de donneurs sains séropositifs pour l'EBV sont stockées en fonction du typage de l'antigène leucocytaire humain (HLA). Les PBMc sont ensuite co-cultivées dans un milieu contenant de l'interleukine 2 (IL-2) avec des cellules présentatrices d'antigènes irradiées, créées par incubation de PBMc provenant du même donneur avec un adénovirus déficient en réplication codant un transgène qui exprime une protéine EBNA1 tronquée fusionnée à un polypeptide contenant de multiples épitopes de LMP1 et LMP2. La population cellulaire finale est composée à plus de 70% de lymphocytes T CD3+ (mélange de lymphocytes T CD4+/CD8+), le reste étant constitué de cellules tueuses naturelles (NK), de

	<p>lymphocytes B et de monocytes (typiquement <1%). Les cellules sont spécifiques des antigènes protéiques de l'EBV (LMP1, LMP2 et EBNA1) et lysent les cellules présentant des épitopes de ces antigènes EBV en complexe avec un HLA correspondant</p>
<p>evruleucel</p>	<p>linfocitos T citotóxicos (CTLs) alogénicos específicos de proteínas de latencia del virus de Epstein-Barr (EBV), incluyendo la proteína latente de membrana 1 (LMP1), LMP2 y el antígeno nuclear 1 de EBV (EBNA1). Las células mononucleares de sangre periférica (PBMCs) aisladas mediante aféresis de donantes sanos seropositivos para EBV se almacenan según su tipaje de antígeno común leucocitario (HLA). Las PBMCs a continuación se cultivan en medio que contiene interleuquina 2 (IL-2) junto con células presentadora de antígeno irradiadas creadas mediante incubación de PBMCs del mismo donante con un adenovirus deficiente para replicación que codifica un transgén que expresa una proteína EBNA1 truncada fusionada a un polipéptido que contiene múltiples epítomos de LMP1 y LMP2. La población celular final consiste en >70% linfocitos T CD3+ (mezcla de linfocitos T CD4+/CD8+), con el resto de células compuesto por células NK, linfocitos B y monocitos (típicamente <1%). Las células son específicas frente a los antígenos proteicos de EBV (LMP1, LMP2 y EBNA1) y lisan células que presentan epítomos de estos antígenos de EBV en complejo con un HLA concordante</p>
<p>fanastomigum # fanastomig</p>	<p>immunoglobulin L-kappa-H-gamma1_G1(VH-CH1-h)_L-kappa dimer, anti-[<i>Homo sapiens</i> LAG3 (lymphocyte activating 3, lymphocyte-activation 3, CD223)] and anti-[<i>Homo sapiens</i> PDCD1 (programmed cell death 1, PD-1, PD1, CD279)], monoclonal antibody, bispecific; [L-kappa-H-gamma1 heavy chain anti-LAG3 and anti-PDCD1 (1-665) [L-kappa anti-LAG3 (1-214) [V-KAPPA <i>Musmus/Homsap</i> (<i>Mus musculus</i> IGKV9-124*01 (88.4%) -IGKJ5*01 (91.7%) A120>Q (100)/<i>Homo sapiens</i> IGKV1-16*01 (84.2%) -IGKJ2*01 (90.9%) I126>L (106), 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)] -H-gamma1 heavy chain anti-PDCD1 (215-665) [VH (<i>Homo sapiens</i>IGHV3-48*02 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.14] (240-247.265-272.311-324)) (215-335)-<i>Homo sapiens</i> IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14, IGHG1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 R120>K (432) (336-433), hinge 1-15 (434-448), CH2 L1.3>A (452), L1.2>A (453)(449-558), CH3 E12 (574), M14 (576) (559-663), CHS (664-665)] (336-665)]; (214-216')-disulfide with G1(VH-CH1-h) light chain anti-LAG3 (1'-216') [VH <i>Musmus/Homsap</i> (<i>Mus musculus</i> IGHV14-4*01 (86.6%) -IGHD -IGHJ4*01 (92.3%) S123>T (108')/<i>Homo sapiens</i> IGHV1-69-2*01 (72.9%) -IGHD -IGHJ6*01 (87.5%), CDR-IMGT [8.8.6] (26'-33'.51'-58'.97'-102')) (1'-113') -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120 (CH1 R120>K (210') (114'-211'), hinge 1-5 (212'-216')) (114'-216')]; (438-214'')-disulfide with L-kappa light chain <i>Homo sapiens</i> anti-PDCD1 (1'''-214''') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-33*01 (86.3%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'''-32''', 51'''-53''', 89'''-97''')) (1'''-107''') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153'''), V101 (191''') (108'''-214''')]; dimer (444-444''':447-447''')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa</p>

fanastomig

immunoglobuline L-kappa-H-gamma1_G1(VH-CH1-h)_L-kappa dimère, anti-[*Homo sapiens* LAG3 (activateur 3 des lymphocytes, lymphocyte-activation 3, CD223)] et anti-[*Homo sapiens* PDCD1 (protéine 1 de mort cellulaire programmée, PD-1, PD1, CD279)], anticorps monoclonal, bispécifique;

[L-kappa-H-gamma1 chaîne lourde anti-LAG3 et anti-PDCD1 (1-665) [L-kappa anti-LAG3 (1-214) [V-KAPPA *Musmus/Homsap* (*Mus musculus* IGKV9-124*01 (88.4%) -IGKJ5*01 (91.7%) A120>Q (100)/*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (84.2%) -IGKJ2*01 (90.9%) I126>L (106), 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)] -chaîne lourde H-gamma1 anti-PDCD1 (215-665) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-48*02 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.14] (240-247.265-272.311-324)) (215-335)-*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14, IGHG1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 R120>K (432) (336-433), charnière 1-15 (434-448), CH2 L1.3>A (452), L1.2>A (453) (449-558), CH3 E12 (574), M14 (576) (559-663), CHS (664-665)) (336-665)]; (214-216')-disulfure avec la chaîne légère G1(VH-CH1-h) anti-LAG3 (1'-216') [VH *Musmus/Homsap* (*Mus musculus* IGHV14-4*01 (86.6%) -IGHD -IGHJ4*01 (92.3%) S123>T (108')/*Homo sapiens* IGHV1-69-2*01 (72.9%) -IGHD -IGHJ6*01 (87.5%), CDR-IMGT [8.8.6] (26'-33'.51'-58'.97'-102'')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120 (CH1 R120>K (210') (114'-211'), charnière 1-5 (212'-216')) (114'-216')]; (438-214'')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa anti-PDCD1 (1'''-214''') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (86.3%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'''-32'''-51'''-53'''-89'''-97''')) (1'''-107''') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153'''), V101 (191''') (108'''-214''')]; dimère (444-444'':447-447'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa

fanastomig

inmunoglobulina L-kappa-H-gamma1_G1(VH-CH1-h)_L-kappa dímero, anti-[*Homo sapiens* LAG3 (activador 3 de los linfocitos, activación del linfocito 3, CD223)] y anti-[*Homo sapiens* PDCD1 (proteína 1 de muerte celular programada, PD-1, PD1, CD279)], anticuerpo monoclonal, biespecífico;

[L-kappa-H-gamma1 cadena pesada anti-LAG3 y anti-PDCD1 (1-665) [L-kappa anti-LAG3 (1-214) [V-KAPPA *Musmus/Homsap* (*Mus musculus* IGKV9-124*01 (88.4%) -IGKJ5*01 (91.7%) A120>Q (100)/*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (84.2%) -IGKJ2*01 (90.9%) I126>L (106), 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)] -cadena pesada H-gamma1 anti-PDCD1 (215-665) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-48*02 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.14] (240-247.265-272.311-324)) (215-335)-*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14, IGHG1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 R120>K (432) (336-433), bisagra 1-15 (434-448), CH2 L1.3>A (452), L1.2>A (453) (449-558), CH3 E12 (574), M14 (576) (559-663), CHS (664-665)) (336-665)]; (214-216')-disulfuro con la cadena ligera G1(VH-CH1-h) anti-LAG3 (1'-216') [VH *Musmus/Homsap* (*Mus musculus* IGHV14-4*01 (86.6%) -IGHD -IGHJ4*01 (92.3%) S123>T (108')/*Homo sapiens* IGHV1-69-2*01 (72.9%) -IGHD -IGHJ6*01 (87.5%), CDR-IMGT [8.8.6] (26'-33'.51'-58'.97'-102'')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120 (CH1 R120>K (210') (114'-211'), bisagra 1-5 (212'-216')) (114'-216')]; (438-214'')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa anti-PDCD1 (1'''-214''') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (86.3%) -IGKJ4*01 (100%),

CDR-IMGT [6.3.9] (27^{'''}-32^{'''}.51^{'''}-53^{'''}.89^{'''}-97^{'''})(1^{'''}-107^{'''})-*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153^{'''}), V101 (191^{'''})(108^{'''}-214^{'''}); dímero (444-444^{'''}:447-447^{'''})-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada : anti-LAG3 and anti-PDCD1 (H, H^{'''})
 DIQMTQSPSS LSASVGDRTVITCRASQEIISGYLSWLQKPKGGAIKRLIYA 50
 ASALDSGVPS RFGSGRSGSDYTLTISSLQPEDFADYYCLOYASYPLTFGG 100
 GTKLELKRIVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNMFYPREAKVQWKV 150
 DNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSSLTLSKADYKHKVYACEVTHQG 200
 LSSPVTKSFNRGECEVQLVLESGGGLVQPGGLRLSCAASGFTSSDYGMHW 250
 VRQAPFKGLEWVSYISGSGYTIYADYTKVGRFTISRDNKNSLYLQMNSL 300
 RDEDTAVYYCAKRGSSSHVNVMDYWGQGTFTVIVSSASTKPSVFFLAPSS 350
 KSTSGGTAALGCLVKDYFPEPTVSWNSGALTSQGVTHFPAVLQSSGLYSYL 400
 SSVVTVFSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKEVPEKSCDKTHTCPPCPAP 450
 EAAGGSPSFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNHYVDMGV 500
 EVHNAKTKPR EEQYNSYTRVYVSVLTVLHQD WLNKGKEYKCKVSNKALPAPI 550
 EKTISAKAQGPREPQVYTLFPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWEE 600
 SNGQFPENNYKTTTPVLDSDGSEFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMEAL 650
 HNHYYTKQKSLSLSPGK 665

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera : anti-LAG3 G1(VH-CH1-h) (L', L^{'''})
 EVQLVQSGAEVKKPGATVKLSCTASGPNIKDDYMHVVKQRPEQGLDHWIG 50
 IYVFNANTVYASKFQGGKATITADTSTNTAYLELSSLRSED TAVYYCTVYG 100
 DYWGQGTFTVYVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTGGTAALGCLVKDYFPEPV 150
 TISWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSLSSVTVFSSSLG TQTYICNVNH 200
 KPSNTKVDKKEVEPKSC 216

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera : anti-PDCD1 L-kappa (L^{'''}, L^{''''})
 DIQMTQSPSS LSASVGDRTVITCKASDHINWNLAWYQKPKGAPKLLIYG 50
 ATSLTEGVPSSRFGSGSGSDYTFTISSLQPEDIATYYCQQYNSPPYTFGG 100
 GTKVEIKRIVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNMFYPREAKVQWKV 150
 DNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSSLTLSKADYKHKVYACEVTHQG 200
 LSSPVTKSFNRGEC 214

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 23^{'''}-88^{'''} 134^{'''}-194^{'''} 236^{'''}-310^{'''} 362^{'''}-418^{'''} 479^{'''}-539^{'''} 585^{'''}-643^{'''}
 23^{'''}-88^{'''} 134^{'''}-194^{'''} 236^{'''}-310^{'''} 362^{'''}-418^{'''} 479^{'''}-539^{'''} 585^{'''}-643^{'''}
 Intra-L (C23-C104) 22^{'''}-96^{'''} 140^{'''}-196^{'''}
 22^{'''}-96^{'''} 140^{'''}-196^{'''}
 23^{'''}-88^{'''} 134^{'''}-194^{'''}
 23^{'''}-88^{'''} 134^{'''}-194^{'''}

Inter-H-L (CL 126-h 5)* 214-216^{'''} 214^{'''}-216^{'''}

Inter-H-L (h 5-CL 126) 438-214^{'''} 438^{'''}-214^{'''}

Inter-H-H (h 11, h 14) 444-444^{'''} 447-447^{'''}

*crosslink between the H chain (L-kappa-H-gamma-1) and the L chain (G1(VH-CH1-h)).

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

H CH2 N84.4: 515, 515^{'''}

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: 675, 675^{'''}

fencabtagenem autoleucelum #

fencabtagene autoleucel

autologous CD4/CD8 enriched T lymphocytes obtained from peripheral blood by leukapheresis, transduced with a self-inactivating, non-replicating lentiviral vector encoding a chimeric antigen receptor targeting human receptor tyrosine-protein kinase erbB-2 (also known as epidermal growth factor receptor 2 (HER2)). The expressed transgene comprises a human immunoglobulin G (IgG) leader sequence, an extracellular HER2-binding domain provided by a designed ankyrin repeat protein, a human c-Myc tag sequence, an anti-T cell receptor (TCR)/CD3ε binding domain provided by the humanized UCHT1 single-chain antibody fragment (scFv), and a CD4 co-receptor membrane anchoring and intracellular domain, under the control of the murine stem cell virus (MSCV) promoter. The construct is flanked by 5' and 3' long terminal repeats (LTRs) and also contains a ψ packaging signal, a truncated gag, a Rev response element (RRE), a central polypurine tract (cPPT) sequence, a Woodchuck hepatitis virus posttranscriptional regulatory element (WPRE) and a synthetic ID tag sequence. The

	<p>vector is pseudotyped by vesicular stomatitis virus (VSV) glycoprotein G.</p> <p>The leukapheresis material is enriched for CD4+ and CD8+ T lymphocytes by positive immunoselection. The cells are then activated by CD3 and CD28 agonists and transduced with the lentiviral vector. The cells are further culture expanded in growth media with serum replacement containing interleukin 2 (IL-2) and 7 (IL-7). The cell suspension consists of T lymphocytes (>96% CD3+) with greater than 10% (average 45%) of the T lymphocytes expressing the transgene</p>
fencabtagène autoleucel	<p>lymphocytes T autologues enrichis en CD4/CD8 obtenus par leucaphérèse à partir de sang périphérique, transduits avec un vecteur lentiviral auto-inactivant et non répliquant codant un récepteur antigénique chimérique ciblant le récepteur de la tyrosine-protéine kinase humaine erbB-2 (également connu sous le nom de récepteur 2 du facteur de croissance épidermique (HER2)). Le transgène exprimé comprend une séquence de tête de l'immunoglobuline G (IgG) humaine, un domaine extracellulaire de liaison à HER2 fourni par une protéine conçue avec des répétitions d'ankyrine, une séquence de marquage c-Myc humaine, un domaine de liaison au récepteur des cellules T (TCR)/CD3ε fourni par le fragment d'anticorps humanisé à chaîne unique UCHT1 (scFv), et un domaine intracellulaire et d'ancrage à la membrane du co-récepteur CD4, sous le contrôle du promoteur du virus des cellules souches murines (MSCV). La construction est flanquée de longues répétitions terminales (LTR) en 5' et 3' et contient également un signal d'encapsulation ψ, un gag tronqué, un élément de réponse Rev (RRE), une séquence du tractus polypurine central (cPPT), un élément régulateur post-transcriptionnel du virus de l'hépatite de Woodchuck (WPRE) et une séquence synthétique avec étiquette d'identification. Le vecteur est pseudotypé par la glycoprotéine G du virus de la stomatite vésiculaire (VSV). Le matériel de leucaphérèse est enrichi en lymphocytes T CD4+ et CD8+ par immunosélection positive. Les cellules sont ensuite activées par des agonistes CD3 et CD28 et transduites avec le vecteur lentiviral. Les cellules en culture sont ensuite amplifiées dans un milieu de croissance avec un remplacement du sérum contenant de l'interleukine 2 (IL-2) et 7 (IL-7). La suspension cellulaire est constituée de lymphocytes T (>96% CD3+) avec plus de 10% (moyenne 45%) des lymphocytes T exprimant le transgène</p>
fencabtagén autoleucel	<p>linfocitos T autólogos enriquecidos en CD4/CD8 obtenidos de sangre periférica mediante leucoaféresis, transducidos con un vector lentiviral auto inactivante, no replicativo, que codifica para un receptor de antígenos quimérico dirigido al receptor tirosina-proteína quinasa erbB-2 humano (también conocido como receptor del factor de crecimiento epidérmico 2 (HER2)). El transgén expresado contiene una secuencia líder de la inmunoglobulina G (IgG) humana, un domino extracelular de unión a HER2 proporcionado por una proteína con repeticiones de anquirina diseñada para ello, una secuencia etiqueta c-Myc humana, un dominio de unión anti-receptor del linfocito T (TCR)/CD3ε proporcionado por el fragmento de cadena sencilla (scFv) del anticuerpo UCHT1 humanizado y un dominio de anclaje a la membrana e intracelular del co-receptor CD4, bajo el control de un promotor del virus de células madre murino (MSCV). El constructo está flanqueado por repeticiones terminales largas y también contiene una señal de empaquetamiento ψ, un gag truncado, un elemento de respuesta Rev (RRE), una secuencia de tracto de</p>

polipurina central (cPPT), un elemento regulador post-transcripcional del virus de la hepatitis de la marmota (WPRE) y una secuencia etiqueta ID sintética. El vector está pseudotipado con la glicoproteína G del virus de la estomatitis vesicular (VSV). El material de leucoaféresis se enriquece para linfocitos T CD4+ y CD8+ mediante inmunoselección positiva. Las células se activan después mediante agonistas de CD3 y CD28, y se transducen con el vector lentiviral. Las células se expanden más en cultivo en medio de crecimiento con sustituto de suero que contiene interleuquinas 2 (IL-2) y 7 (IL-7). La suspensión celular consiste en linfocitos T (>96% CD3+), con más del 10% (media 45%) de los linfocitos T que expresan el transgén.

fexagratinibum

fexagratinib

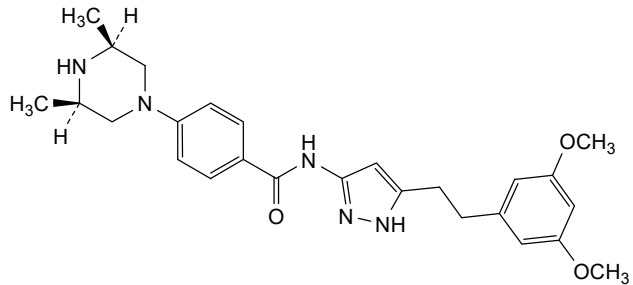
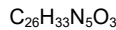
N-{5-[2-(3,5-dimethoxyphenyl)ethyl]-1*H*-pyrazol-3-yl]-4-[(3*R*,5*S*)-3,5-dimethylpiperazin-1-yl]benzamide

fexagratinib

N-{5-[2-(3,5-diméthoxyphényl)éthyl]-1*H*-pyrazol-3-yl]-4-[(3*R*,5*S*)-3,5-diméthylpipérazin-1-yl]benzamide

fexagratinib

4-[(3*R*,5*S*)-3,5-dimethylpiperazin-1-yl]-*N*-{5-[2-(3,5-dimetoxyfenil)etil]-1*H*-pirazol-3-yl}benzamide



firicabtagenum autoleucelum #

firicabtagene autoleucel

autologous T lymphocytes obtained from peripheral blood by leukapheresis, transduced with a self-inactivating, non-replicating lentiviral vector encoding a chimeric antigen receptor (CAR) targeting human CD22. The expressed transgene comprises the granulocyte-macrophage colony-stimulating factor receptor subunit alpha (GMCSFR-alpha) signal sequence, an anti-CD22 single chain variable fragment (scFv), a CD8α hinge and transmembrane domain, a 4-1BB costimulatory domain and CD3ζ primary stimulatory domain, under control of the human elongation factor 1 alpha (EF-1α) promoter. The construct is flanked by 5' and 3' long terminal repeats (LTRs) and also contains a ψ packaging signal, a truncated *gag*, a Rev response element (RRE), a central polypurine tract (cPPT) sequence 5' to the transgene, and a partial *nef*/polypurine tract (PPT) sequence 3' to the transgene. The vector is pseudotyped with vesicular stomatitis virus (VSV) glycoprotein G.

The leukapheresis material is enriched for CD4/CD8 T lymphocytes by positive immunoselection, activated by CD3 and CD28 agonists and transduced with the lentiviral vector. The cells are then expanded in media containing human AB serum, interleukin 7 (IL-7) and 15 (IL-15). The T lymphocytes (≥70% CD3+) are positive for the transgene (≥10% CAR positive),

demonstrate cytotoxicity against CD22 expressing cells, and secrete interferon gamma in response to CD22 expressing tumour cell lines

firicabtagène autoleucel

lymphocytes T autologues obtenus par leucaphérèse à partir de sang périphérique, transduits avec un vecteur lentiviral auto-inactivant et non répliquant codant un récepteur antigénique chimérique (CAR) ciblant le CD22 humain. Le transgène exprimé comprend la séquence signal du récepteur de la sous-unité alpha du facteur de stimulation des colonies de granulocytes et de macrophages (GMCSFR-alpha), un fragment variable à chaîne unique (scFv) anti-CD22, une charnière et un domaine transmembranaire CD8 α , un domaine co-stimulateur 4-1BB et un domaine stimulateur primaire CD3 ζ , sous le contrôle du promoteur du facteur d'élongation humain 1 alpha (EF-1 α). La construction est flanquée de longues répétitions terminales (LTR) en 5' et 3' et contient également un signal d'encapsidation ψ , un *gag* tronqué, un élément de réponse Rev (RRE) et une séquence du tractus polypurine central (cPPT) en 5' du transgène, ainsi qu'une séquence partielle du tractus *nef*/polypurine (PPT) en 3' du transgène. Le vecteur est pseudotypé avec la glycoprotéine G du virus de la stomatite vésiculaire (VSV).

Le matériel de leucaphérèse est enrichi en lymphocytes T CD4/CD8 par immunosélection positive, activé par des agonistes CD3 et CD28 et transduit avec le vecteur lentiviral. Les cellules sont ensuite amplifiées dans un milieu contenant du sérum AB humain, de l'interleukine 7 (IL-7) et 15 (IL-15). Les lymphocytes T ($\geq 70\%$ CD3+) sont positifs pour le transgène ($\geq 10\%$ CAR positif), démontrent une cytotoxicité contre les cellules exprimant CD22 et sécrètent de l'interféron gamma en réponse à des lignées de cellules tumorales exprimant CD22

firicabtagén autoleucel

linfocitos T autólogos obtenidos de sangre periférica mediante leucoaféresis, transducidos con un vector lentiviral auto inactivante, no replicativo, que codifica para un receptor de antígenos quimérico (CAR) dirigido al CD22 humano. El transgén expresado contiene la secuencia señal de la subunidad alfa del receptor del factor estimulador de colonias de monocitos-macrófagos (GMCSFR-alfa), un fragmento variable de cadena sencilla (scFv) anti-CD22, un dominio bisagra y transmembrana de CD8 α , un dominio co-estimulador de 4-1BB y un dominio estimulador primario de CD3 ζ , bajo el control del promotor del factor de elongación 1 alfa (EF1 α) humano. El constructo está flanqueado por repeticiones terminales largas (LTRs) en 5' y 3' y también contiene una señal de empaquetamiento ψ , un *gag* truncado, un elemento de respuesta Rev (RRE), una secuencia de tracto de polipurina central (cPPT) en posición 5' con respecto al transgén, y una secuencia de tracto de poli-purina/*nef* parcial (PPT) en posición 3' con respecto al transgén. El vector está seudotipado con la glicoproteína G del virus de la estomatitis vesicular (VSV).

El material de leucoaféresis se enriquece para linfocitos T CD4/CD8 mediante inmunoselección positiva, se activa mediante agonistas de CD3 y CD28 y se transduce con el vector lentiviral. Las células se expanden después en medio que contiene suero AB e interleuquinas 7 (IL-7) y 15 (IL-15). Los linfocitos T ($\geq 70\%$ CD3+) son positivos para el transgén ($\geq 10\%$ CAR positivos), demuestran citotoxicidad contra células que expresan CD22 y secretan interferón gamma en respuesta a líneas de células tumorales que expresan CD22

firmonertinibum

firmonertinib

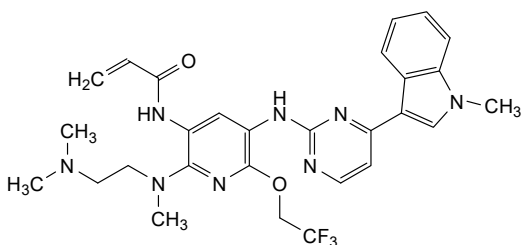
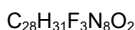
N-[2-[[2-(dimethylamino)ethyl](methyl)amino]-5-[[4-(1-methyl-1*H*-indol-3-yl)pyrimidin-2-yl]amino]-6-(2,2,2-trifluoroethoxy)pyridin-3-yl]prop-2-enamide

firmonertinib

N-[2-[[2-(diméthylamino)éthyl](méthyl)amino]-5-[[4-(1-méthyl-1*H*-indol-3-yl)pyrimidin-2-yl]amino]-6-(2,2,2-trifluoroéthoxy)pyridin-3-yl]prop-2-énamide

firmonertinib

N-[2-[[2-(dimetilamino)etil](metil)amino]-5-[[4-(1-metil-1*H*-indol-3-il)pirimidin-2-il]amino]-6-(2,2,2-trifluoroetoxi)piridin-3-il]prop-2-enamida

**florbenguanum (¹⁸F)**florbenguane (¹⁸F)

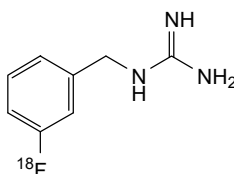
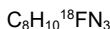
N-[[3-(¹⁸F)fluorophenyl]methyl]guanidine

florbenguane (¹⁸F)

N-[[3-(¹⁸F)fluorophényl]méthyl]guanidine

florbenguano (¹⁸F)

N-[[3-(¹⁸F)fluorofenil]metil]guanidina

**fosigotifatorum**

fosigotifator

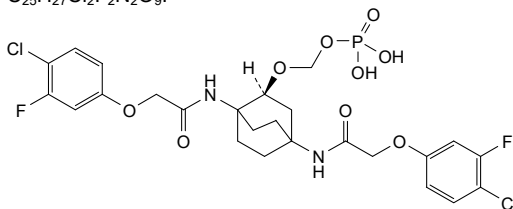
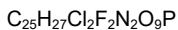
{{(2*S*)-1,4-bis[2-(4-chloro-3-fluorophenoxy)acetamido]bicyclo[2.2.2]octan-2-yl]oxy)methyl dihydrogen phosphate

fosigotifator

dihidrogénophosphate de {{{(2*S*)-1,4-bis[2-(4-chloro-3-fluorophénoxy)acétamido]bicyclo[2.2.2]octan-2-yl]oxy)méthyle

fosigotifator

dihidrogenofosfato de {{{(2*S*)-1,4-bis[2-(4-cloro-3-fluorofenoxi)acetamido]bicyclo[2.2.2]octan-2-il]oxi)metilo

**friluglanstatum**

friluglanstat

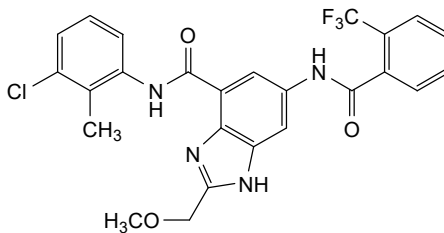
N-(3-chloro-2-methylphenyl)-2-(methoxymethyl)-6-[2-(trifluoromethyl)benzamido]-1*H*-1,3-benzimidazole-4-carboxamide

friluglanstat

N-(3-chloro-2-méthylphényl)-2-(méthoxyméthyl)-6-[2-(trifluorométhyl)benzamido]-1*H*-1,3-benzimidazole-4-carboxamide

friluglanstat

N-(3-cloro-2-metilfenil)-2-(metoximetil)-6-[2-(trifluorometil)benzamido]-1*H*-1,3-benzimidazol-4-carboxamida

**frunexianum**

frunexian

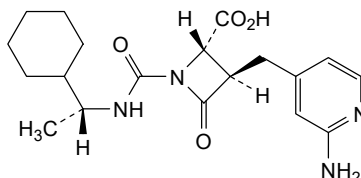
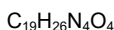
(2*S*,3*R*)-3-[(2-aminopyridin-4-yl)methyl]-1-[[1*R*]-1-cyclohexylethyl]carbamoyl]-4-oxoazetidine-2-carboxylic acid

frunéxian

acide (2*S*,3*R*)-3-[(2-aminopyridin-4-yl)méthyl]-1-[[1*R*]-1-cyclohexyléthyl]carbamoyl]-4-oxoazétidine-2-carboxylique

frunexián

ácido (2*S*,3*R*)-3-[(2-aminopiridin-4-il)metil]-1-[[1*R*]-1-ciclohexiletíl]carbamoi]-4-oxoazetidina-2-carboxílico



galvokimigum #
galvokimig

immunoglobulin G1(VH-CH1-h)-scFv_L-kappa-scFv, anti-[*Homo sapiens* IL17A (interleukin 17A, IL-17A) and IL17F (interleukin 17F, IL-17F)], anti-[*Homo sapiens* IL13 (interleukin 13, IL-13)], anti-[*Homo sapiens* ALB (albumin, human serum albumin, HSA)], humanized monoclonal antibody, trispécifique, trivalent;

Fused G1(VH-CH1-h)-scFv heavy-kappa heavy chain humanized (1-492) [VH-IGHG1 CH1-h anti-IL-17A/F humanized (1-228) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-7*01 (88.7%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) T123>L (120), CDR-IMGT [8.8.18] (26-33.51-58.97-114))] (1-125)-*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17 CH1 K120 (CH1 K120 (222) (126-223), hinge 1-5 (224-228) (126-228))] -11-mer (séryl-tétraglycyl-thréonyl-tétraglycyl-séryl) linker (229-239) -scFv heavy-kappa anti-ALB humanized, scFv-v1 C49 (VH)-C120 (VL) (240-492) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (78.6%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (93.3%), C49 (283), CDR-IMGT [8.7.15] (265-272.290-296.335-349)) (240-360) -20-mer tétrakis(tétraglycyl-séryl) linker (361-380) -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (86.5%) -(IGHD) -IGKJ1*01 (90.9%) C120 (483), CDR-IMGT [7.3.11] (407-413.431-433.470-480)) (381-492)]], (228-214')-disulfide with the fused L-kappa-scFv heavy-kappa light chain humanized (1'-469') [L-kappa anti-IL-17A/F humanized (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-13*02 (80.0%) -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'')] -11-mer séryl-bis(tétraglycyl-séryl) linker (215'-225') -scFv heavy-kappa anti-IL13 humanized, scFv-v1 C49 (VH)-C120 (VL) (226'-469') [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*08 (81.6%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), C49 (269'), CDR-IMGT [8.8.9] (251'-258'.276'-283'.322'-330'')] (226'-341') -20-mer tétrakis(tétraglycyl-séryl) linker (342'-361') -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-NL1*01 (83.9%) -(IGHD) -IGKJ2*01 (91.7%), C120 (460'), CDR-IMGT [6.3.8] (388'-393'.411'-413'.450'-457'')] (362'-469'')], produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DG44, non-glycosylated

galvokimig

immunoglobuline G1(VH-CH1-h)-scFv_L-kappa-scFv, anti-[*Homo sapiens* IL17A (interleukine 17A, IL-17A) et IL17F (interleukine 17F, IL-17F)], anti-[*Homo sapiens* IL13 (interleukine 13, IL-13)], anti-[*Homo sapiens* ALB (albumine, sérum albumine humaine, SAH)], anticorps monoclonal humanisé, trispécifique, trivalent;

chaîne lourde fusionnée G1(VH-CH1-h)-scFv heavy-kappa humanisée (1-492) [VH-IGHG1 CH1-h anti-IL-17A/F humanisée (1-228) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-7*01 (88.7%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) T123>L (120), CDR-IMGT [8.8.18] (26-33.51-58.97-114))] (1-125)-*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17 CH1 K120 (CH1 K120 (222) (126-223), charnière 1-5 (224-228) (126-228))] -11-mer (séryl-tétraglycyl-thréonyl-tétraglycyl-séryl) linker (229-239) -scFv heavy-kappa anti-ALB humanisé, scFv-v1 C49 (VH)-C120 (VL) (240-492) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (78.6%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (93.3%), C49 (283), R120>Q (352), CDR-IMGT [8.7.15] (265-272.290-296.335-349)) (240-360) -20-mer tétrakis(tétraglycyl-séryl) linker (361-380) -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (86.5%) -

(IGHD) -IGKJ1*01 (90.9%), C120 (483), CDR-IMGT [7.3.11] (407-413.431-433.470-480)) (381-492)], (228-214')-disulfure avec la chaîne légère fusionnée L-kappa-scFv heavy-kappa humanisée (1'-469') [L-kappa anti-IL-17A/F humanisée (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-13*02 (80.0%) -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')] -11-mer séryl-bis(tétraglycyl-séryl) linker (215'-225') -scFv heavy-kappa anti-IL13 humanized, scFv-v1 C49 (VH)- C120 (VL) (226'-341') [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*08 (81.6%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), C49 (269'), CDR-IMGT [8.8.9] (251'-258'.276'-283'.322'-330')) (226'-341') -20-mer tétrakis(tétraglycyl-séryl) linker (342'-361) -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-NL1*01 (83.9%) -(IGHD) -IGKJ2*01 (91.7%), C120 (460'), CDR-IMGT [6.3.8] (388'-393'.411'-413'.450'-457')) (362'-469')]], produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DG44, non-glycosylé

galvokimig

inmunoglobulina G1(VH-CH1-h)-scFv_L-kappa-scFv, anti-[*Homo sapiens* IL17A (interleukina 17A, IL-17A) e IL17F (interleukina 17F, IL-17F)], anti-[*Homo sapiens* IL13 (interleukina 13, IL-13)], anti-[*Homo sapiens* ALB (albúmina, sero albúmina humana, SAH)], anticuerpo monoclonal humanizado, trispecifico, trivalente; cadena pesada fusionada G1(VH-CH1-h)-scFv pesada-kappa humanizada (1-492) [VH-IGHG1 CH1-h anti-IL-17A/F humanizada (1-228) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-7*01 (88.7%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) T123>L (120), CDR-IMGT [8.8.18] (26-33.51-58.97-114)) (1-125)-*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17 CH1 K120 (CH1 K120 (222) (126-223), bisagra 1-5 (224-228) (126-228))] -11-mer (seril-tétraglicil-treonil-tétraglicil-seril) enlace (229-239) -scFv pesada-kappa anti-ALB humanizada, scFv-v1 C49 (VH)-C120 (VL) (240-492) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (78.6%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (93.3%), C49 (283), R120>Q (352), CDR-IMGT [8.7.15] (265-272.290-296.335-349)) (240-360) -20-mer tétrakis(tétraglicil-seril) enlace (361-380) -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (86.5%) -(IGHD) -IGKJ1*01 (90.9%), C120 (483), CDR-IMGT [7.3.11] (407-413.431-433.470-480)) (381-492)], (228-214')-disulfuro con la cadena ligera fusionada L-kappa-scFv pesada-kappa humanizada (1'-469') [L-kappa anti-IL-17A/F humanizada (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-13*02 (80.0%) -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')] -11-mer seril-bis(tétraglicil-seril) enlace (215'-225') -scFv pesada-kappa anti-IL13 humanizada, scFv-v1 C49 (VH)- C120 (VL) (226'-341') [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*08 (81.6%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), C49 (269'), CDR-IMGT [8.8.9] (251'-258'.276'-283'.322'-330')) (226'-341') -20-mer tétrakis(tétraglicil-seril) enlace (342'-361) -V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-NL1*01 (83.9%) -(IGHD) -IGKJ2*01 (91.7%), C120 (460'), CDR-IMGT [6.3.8] (388'-393'.411'-413'.450'-457')) (362'-469')]], producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DG44, no glicosilado

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada:
 anti-IL-17A/F G1(VH-CHI-h)-anti-ALB scFv
 EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS DYNMAWRQA PGKGLEWVAT 50
 ITYEGRNTYY RDSVKGRFTI SRDNAKNSLY LQMNLSRAED TAVYYCASPP 100
 QYYEGSIYRL WFAHWGGTL VTVSSASTKG PSVFPLAPSS KSTSGGTAAL 150
 GCLVKDYFPE PVTVSWNSGA LTSGVHTFPA VLQSSGLYSL SSVVTVPSSS 200
 LGTQTYICNV NHPKPNKVD KKVPEKSCSG GGGTGGGSE VQLLESGGGL 250
 VQPGGSLRLS CAVSGIDLSN YAINWVRQAP GKCLEWIGII WASGTTYFAT 300
 WAKGRFTISR DNSKNTVYLO MNSLRAEDTA VYYCARTVPG YSTAPYFDLW 350
 GQGTLLVTVSS GGGGSGGGGS GGGGSGGGGS DIQMTQSPSS VSASVGDVRT 400
 ITCQSSPSVW SNFLSWYQQK PGKAPKLLIY EASKLTSGVP SRFSGSGSGT 450
 DFTLTISSLQ PEDFATYYCG GGYSSISDIT FCGGTKVEIK RT 492

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: anti-IL-17A/F L-kappa -anti-IL13 scFv
 AIQLTQSPSS LSASVGDVRT ITCRADESVR TLMHWYQQKP GKAPKLLIYL 50
 VSNSEIGVPD RFGSGSGSDT FRLTISSLQ EDFAITYCQQ TWSDFWTFQG 100
 GTKVEIKRTV AAPSVFIAPP SDEQLKSGTA SVVCLNNFY PREAKVQWKV 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSTLT LSKADYKHK VYACEVTHQG 200
 LSSPVTKSFN RGECSSGGGS GGGGSEVQLV QSGAEVKKPK SSVKVSCKAS 250
 GYSFTSYIYH WVRQAPGQCL EWMGRIGPGS GDINYNEKFK GRATFTVDKS 300
 TSTAYMELSS LRSEDATVYV CARFHYDGAD WGQGTLLVTVS SGGGSGGGG 350
 SGGGSGGGG SDIQMTQSPS SLSASVGDVRT TITCKASQNI NENLDWYQQK 400
 PGKAPKLLIY YTDILQGTIP SRFSGSGSGT DYTLTISSLQ PEDFATYYCY 450
 QYYSGYTFGC GTKLEIKRT 469

Post-translational modifications
 Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
 Intra-H (C23-C104) 22-96 152-208 261-334 403-469
 Intra-H scFv C49 (VH)-C120 (VL)* 283-483
 Intra-L (C23-C104) 23'-88' 134'-194' 247'-321' 384'-449'
 Intra-L scFv C49 (VH)-C120 (VL)* 269'-460'
 Inter-H-L (h 5-CL 126) 228-214'
 * Engineered additional disulfide bond to stabilize the scFv.

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

gamcemetinibum

gamcemetinib

(10*R*)-3-[[2-chloro-5-(ethoxymethyl)pyrimidin-4-yl]oxy]-10-methyl-9,10,11,12-tetrahydro-8*H*-[1,4]diazepino[5',6':4,5]thieno[3,2-*f*]quinolin-8-one

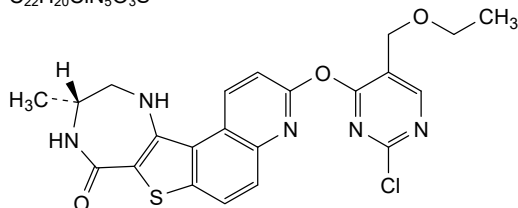
gamcémétinib

(10*R*)-3-[[2-chloro-5-(éthoxyméthyl)pyrimidin-4-yl]oxy]-10-méthyl-9,10,11,12-tétrahydro-8*H*-[1,4]diazépino[5',6':4,5]thiéno[3,2-*f*]quinoléin-8-one

gamcemetinib

(10*R*)-3-[[2-cloro-5-(etoximetil)pirimidin-4-il]oxi]-10-metil-9,10,11,12-tetrahidro-8*H*-[1,4]diazepino[5',6':4,5]tieno[3,2-*f*]quinolein-8-ona

C₂₂H₂₀ClN₅O₃S



ganipatidium

ganipatide

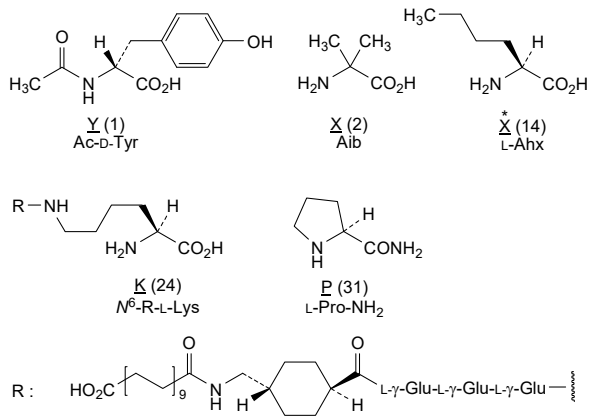
*N*¹-acetyl,*N*^{6,24}-(((1*r*,4*r*)-4-[(19-carboxynadecanamido)methyl]cyclohexane-1-carbonyl)-*L*-γ-glutamyl-*L*-γ-glutamyl-*L*-γ-glutamyl[D-Tyr¹,Aib²,Ahx¹⁴,Arg¹⁸,Lys²⁴,Pro³¹]human gastric inhibitory polypeptide (GIP)-(52-82)-peptide-31-amide

ganipatide N^1 -acétyl, $N^{6,24}$ -(((1*r*,4*r*)-4-[(19-carboxynonadécánamido)méthyl]cyclohexane-1-carbonyl)-L- γ -glutamyl-L- γ -glutamyl-L- γ -glutamyl)[D-Tyr¹,Aib²,Ahx¹⁴,Arg¹⁸,Lys²⁴,Pro³¹]polypeptide inhibiteur gastrique humaine (GIP)-(52-82)-peptide-31-amide

ganipatida N^1 -acetil, $N^{6,24}$ -(((1*r*,4*r*)-4-[(19-carboxinonadecanamido)méthyl]cyclohexane-1-carbonil)-L- γ -glutamyl-L- γ -glutamyl-L- γ -glutamyl)[D-Tir¹,Aib²,Ahx¹⁴,Arg¹⁸,Lis²⁴,Pro³¹]polipeptido inhibidor gástrico humano (GIP)-(52-82)-péptido-31-amida

YXEGTFISDY SIAXDKIRQQ DFKWLLAQK P 31

Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados



gengleucelum
gengleucel

allogeneic memory-like natural killer (NK) cells derived after cytokine induction from peripheral blood mononuclear cells (PBMCs) of HLA-haploidentical donors. The PBMCs are depleted of CD3+ cells and cultured in media containing interleukin 15 and 21 (IL-15, IL-21), hydrocortisone and fetal bovine serum (FBS) to induce trans-differentiation. The final cell population consists of NK cells (CD3-CD56+ >80%), expressing CD122 (>80%) and does not contain CD3+ cells (<5%). The cells can produce perforin 1 and granzyme and demonstrate cytotoxicity against myelogenous leukemia cells *in vitro* (≥50%)

gengleucel

cellules tueuses naturelles (NK) allogéniques présentant une fonction mémoire dérivées de cellules mononucléaires de sang périphérique (PBMC) de donneurs HLA-haploidentiques après une induction par cytokines. Les PBMC sont débarrassées des cellules CD3+ et cultivées dans un milieu contenant des interleukines 15 et 21 (IL-15, IL-21), de l'hydrocortisone et du sérum bovin foetal (FBS) pour induire la transdifférenciation. La population cellulaire finale se compose de cellules NK (CD3-CD56+ >80%), exprimant CD122 (>80%) et ne contenant pas de cellules CD3+ (<5%). Les cellules peuvent produire de la perforine 1 et de la granzyme, et démontrent

une cytotoxicité contre les cellules de leucémie myéloïde K562 (≥50%)

gengleucel

células NK similares a memoria alogénicas, derivadas, tras inducción por citoquinas, de células mononucleares de sangre periférica (PBMCs) de donantes haploidénticos para HLA. Las PBMCs se deplecionan de células CD3+ y se cultivan en medio que contiene interleuquinas 15 y 21 (IL-15, IL-21), hidrocortisona y suero bovino fetal (FBS) para inducir transdiferenciación.

La población celular final consiste en células NK (CD3-CD56+ >80%) que expresan CD122 (>80%) y no contiene células CD3+ (<5%). Las células pueden producir perforina 1 y granzima y demuestran citotoxicidad (≥50%) frente a las células de leucemia mielógena K562

givastomigum #

givastomig

immunoglobulin G1-scFv_L-kappa, anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudin 18, claudin-18, SFTPJ, surfactant associated protein J) isoform 2, extracellular domain 1 (EC1)], anti-[*Homo sapiens* TNFRSF9 (TNF receptor superfamily member 9, 4-1BB, T cell antigen ILA, CD137)], humanized monoclonal antibody, bispecific, agonist;

fused G1-scFv lambda-heavy chain humanized (1-716) [gamma1 heavy chain anti-CLDN18 humanized (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-3*01 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120)-*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14, IGHG1v29 CH2 A84.4 (CH1 R120>K (217) (121-218), hinge 1-15 (219-233), CH2 N84.4>A (300) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)] -15-mer tris(tetraglycyl-seryl) linker (451-465) -scFv lambda-heavy anti-TNFRSF9 humanized, scFv-v2 C120 (VL)-C49 (VH) (466-716) [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-47*02 (91.8%) -IGLJ2*01 (90.9%), C120 (568), CDR-IMGT [8.3.11] (491-498.516-518.555-565)) (466-575) -20-mer tetrakis(tetraglycyl-seryl) linker (576-595) -VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (93.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), C49 (639), CDR-IMGT [8.8.14] (621-628.646-653.692-705)) (596-716)]; (223-220')-disulfide with kappa light chain anti-CLDN18 humanized (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (88.1%) -IGKJ2*01 (91.7%) Q120>G (106'), 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 (229-229":232-232")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, non-glycosylated

givastomig

immunoglobuline G1-scFv, anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudine 18, claudine-18, SFTPJ, protéine J associée au surfactant) isoforme 2, domaine extracellulaire 1 (EC1)], anti-[*Homo sapiens* TNFRSF9 (membre 9 de la superfamille des récepteurs du TNF, 4-1BB, antigène ILA des cellules T, CD137)], anticorps monoclonal humanisé, bispécifique, agoniste; chaîne lourde fusionnée G1-scFv lambda-lourde humanisée (1-716) [chaîne lourde gamma1 anti-CLDN18 humanisée (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-3*01

(85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120)-*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14, IGHG1v29 CH2 A84.4 (CH1 R120>K (217) (121-218), charnière 1-15 (219-233), CH2 N84.4>A (300) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)] -15-mer tris(tétraglicyl-séryl) linker (451-465) -scFv lambda-lourde anti-TNFRSF9 humanisé, scFv-v2 C120 (VL)-C49 (VH) (466-575) [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-47*02 (91.8%) -IGLJ2*01 (90.9%), C120 (568), CDR-IMGT [8.3.11] (491-498.516-518.555-565)) (466-575) -20-mer tétrakis(tétraglicyl-séryl) linker (576-595) -VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (93.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), C49 (639), CDR-IMGT [8.8.14] (621-628.646-653.692-705)) (596-716)]; (223-220')-disulfure avec la chaîne légère kappa anti-CLDN18 humanisée 1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (88.1%) -IGKJ2*01 (91.7%) Q120>G (106'), 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 (229-229":232-232")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, non-glycosylé

givastomig

inmunoglobulina G1-scFv, anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudina 18, claudina-18, SFTPJ, proteína J asociada con surfactante) isoforma 2, dominio extracelular 1 (EC1)], anti-[*Homo sapiens* TNFRSF9 (miembro 9 de la superfamilia de los receptores del TNF, 4-1BB, antígeno ILA de las células T, CD137)], anticuerpo monoclonal humanizado, biespecífico, agonista;
cadena pesada fusionada G1-scFv lambda-pesada humanizada (1-716) [cadena pesada gamma1 anti-CLDN18 humanizada (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-3*01 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120)-*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14, IGHG1v29 CH2 A84.4 (CH1 R120>K (217) (121-218), bisagra 1-15 (219-233), CH2 N84.4>A (300) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)] -15-mer tris(tétraglicil-seril) enlace (451-465) -scFv lambda-pesado anti-TNFRSF9 humanizado, scFv-v2 C120 (VL)-C49 (VH) (466-575) [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-47*02 (91.8%) -IGLJ2*01 (90.9%), C120 (568), CDR-IMGT [8.3.11] (491-498.516-518.555-565)) (466-575) -20-mer tétrakis(tétraglicil-seril) enlace (576-595) -VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (93.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), C49 (639), CDR-IMGT [8.8.14] (621-628.646-653.692-705)) (596-716)]; (223-220')-disulfuro con la cadena ligera kappa anti-CLDN18 humanizada 1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (88.1%) -IGKJ2*01 (91.7%) Q120>G (106'), 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 (229-229":232-232")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, no glicosilado

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: anti-CLDN18 G1 -anti-TNFRSF9 scFv

QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT TYPIEWRQA PGQRLEWMGN	50
FHPYNDDTKY NEKFKGRVTI TRDTSASTAY MELSSLSRSED TAVYYCARRA	100
YGYPYAMDYW GQGLTLVTVSS ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK	150
DYFPPEPVTVS WNSGALTSKV HTPFAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT	200
YICNVNHKPS NTKVDKVEP KSCDKHTCP PCPAPELLGG PSVFLFPPPK	250
KDTLMISRTPEVTCVVDVSD HEDPEVFKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYA	300
STYRVVSVLT VLHQDWLNGK EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ	350
VYTLPPSREE MTKNQVSLTLC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV	400
LDSDSGSFFLY SKLTVDKSRW QQGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPGK	450
GGGGSGGGGS GGGGSQSVLT QPPASAGTPG QRVTISCSGS SNIIGNNYVT	500
WYQQLPFTAP KLLIYADSHR PSGVPDRFSG SKSGTASLA ISGLRSEDEA	550
DYCATWDYS LSGYVFGCGT KLTVLGGGGS GGGSGGGGS GGGGSEVQLL	600
ESGGGLVQPG GQLRLSCAAS GFTFSSYDMS WVRQAPGKGL EWVSWISYSG	650
GSIIYADSVK GRFTISRDNLS KNTLYLQMNS LRAEDTAVIY CARDQRNSM	700
REFDYWGQGT LVTVSS	716

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera : anti-CLDN18 L-kappa

DIVMTQSPDS LAVSLGERAT INCKSSQSLL NAGNQKNYLT WYQQKPGQPP	50
KLLIYRASSR ESGVPDRFSG SGSGLDFTLT ISSLQAEDVA VYQCNDYIY	100
PYTFGGGTKL EIKRTVAAPS VFIKPPSDEQ LKSGTASVVC LLNMFYPREA	150
KVQWKVDNAL QSGNSQESVT EQDSKDSSTYS LSSTLTLSKA DYEKHKVYAC	200
EVTHQGLSSP VTKSFNRGEC	220

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-96 147-203 264-324 370-428 487-554 617-691
22"-96" 147"-203" 264"-324" 370"-428" 487"-554" 617"-691"

Intra-H scFv VL120-VH49* 568-639
568"-639"

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

Inter-H-L (h 5-CL 126) 223-220 223"-220"

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

*Engineered additional disulfide bond to stabilize the scFv.

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

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

H VH Q1: 1, 1"

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

H CH2 N84.4>A (G1v29): 300, 300"

glecirasibum
glecirasib

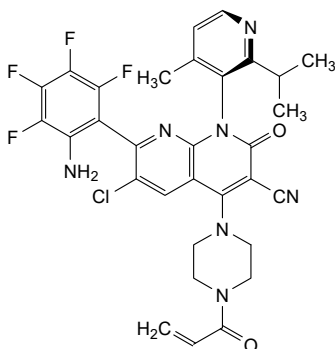
(1*M*)-7-(2-amino-3,4,5,6-tetrafluorophenyl)-6-chloro-1-[4-methyl-2-(propan-2-yl)pyridin-3-yl]-2-oxo-4-[4-(prop-2-enoyl)piperazin-1-yl]-1,2-dihydro-1,8-naphthyridine-3-carbonitrile

glécirasib

(1*M*)-7-(2-amino-3,4,5,6-tétrafluorophényl)-6-chloro-1-[4-méthyl-2-(propan-2-yl)pyridin-3-yl]-2-oxo-4-[4-(prop-2-énoyl)pipérazin-1-yl]-1,2-dihydro-1,8-naphthyridine-3-carbonitrile

glecirasib

(1*M*)-7-(2-amino-3,4,5,6-tetrafluorofenil)-6-cloro-1-[4-metil-2-(propan-2-il)piridin-3-il]-2-oxo-4-[4-(prop-2-enoil)piperazin-1-il]-1,2-dihidro-1,8-naftiridina-3-carbonitrilo



golmestrocelum

golmestrocel

allogeneic mesenchymal stromal cells (MSC) derived from synovial donor tissue. The primary culture is performed in serum-free media containing lipids and cytokines (e.g. epidermal growth factor (EGF), fibroblast growth factor (FGF)), followed by expansion and high density culture in media containing additional growth factors (e.g. L-ascorbic acid 2-phosphate, transforming growth factor- β (TGF- β)) to form *ex vivo* a three-dimensional tissue. The final cells express mesenchymal progenitor cell markers CD13, CD44, CD73, and CD90 (>95% each) and are CD11b, CD34 and CD45 negative. The MSCs are capable of differentiating into chondrocytes and produce glycosaminoglycan

golmestrocel

cellules stromales mésenchymateuses (MSC) allogènes dérivées du tissu synovial du donneur. La culture primaire est effectuée dans un milieu sans sérum contenant des lipides et des cytokines (par exemple, facteur de croissance épidermique (EGF), facteur de croissance des fibroblastes (FGF)), suivie d'une expansion et de cultures à haute densité dans un milieu contenant des facteurs de croissance supplémentaires (par exemple, acide L-ascorbique 2-phosphate, facteur de croissance transformant- β (TGF- β)) pour former un tissu tridimensionnel *ex vivo*. Les cellules finales expriment les marqueurs de cellules progénitrices mésenchymateuses CD13, CD44, CD73 et CD90 (>95% chacun) et sont négatives pour CD11b, CD34 et CD45. Les MSCs sont capables de se différencier en chondrocytes et de produire du glycosaminoglycane.

golmestrocel

células mesenquimales estromales (MSC) alogénicas, derivadas de tejido sinovial donante. El cultivo primario se realiza en medio libre de suero que contiene lípidos y citoquinas (por ejemplo factor de crecimiento epidérmico (EGF), factor de crecimiento de fibroblastos (EGF)), seguido de expansión y cultivos

en alta densidad en medio que contiene factores de crecimiento adicionales (por ejemplo ácido L-ascórbico 2-fosfato, factor de crecimiento transformante β (TGF- β)) para formar un tejido tridimensional *ex vivo*. Las células finales expresan los marcadores de célula mesenquimal progenitora CD13, CD44, CD73 y CD90 (>95% cada uno) y son negativas para CD11b, CD34 y CD45. Las MSCs son capaces de diferenciarse en condrocitos y producen glicosaminoglicano.

gruticibartum #
gruticibart

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* F11 (coagulation factor XI, FXI, plasma thromboplastin antecedent, PTA)], monoclonal antibody; gamma4 heavy chain (1-443) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV2-6-7*01 (83.5%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (92.3%) L124>V (112)/*Homo sapiens* IGHV4-38-2*02 (76.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) L123>T (111), CDR-IMGT [8.7.10] (26-33.51-57.96-105)) (1-116) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10 (CH1 (117-214), hinge 1-12 S10>P (224) (215-226), CH2 L92 (305) (227-336), CH3 (337-441), CHS (442-443)) (117-443)], (130-214')-disulfide with kappa light chain (1'-214') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV6-17*01 (82.1%) -IGKJ2*01 (83.3%) L124>V (104')/*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (82.1%) -IGKJ4*01 (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 (222-222'':225-225'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO)/dhFr- cell line lacking the enzyme dihydrofolate reductase (DHFR), glycoform alfa

gruticibart

immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* F11 (facteur de coagulation XI, FXI, antécédent de la thromboplastine plasmatique, PTA)], anticorps monoclonal; chaîne lourde gamma1 (1-443) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV2-6-7*01 (83.5%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (92.3%) L124>V (112)/*Homo sapiens* IGHV4-38-2*02 (76.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) L123>T (111), CDR-IMGT [8.7.10] (26-33.51-57.96-105)) (1-116) - *Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10 (CH1 (117-214), charnière 1-12 S10>P (224) (215-226), CH2 L92 (305) (227-336), CH3 (337-441), CHS (442-443)) (117-443)], (130-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa (1'-214') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV6-17*01 (82.1%) -IGKJ2*01 (83.3%) L124>V (104')/*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (82.1%) -IGKJ4*01 (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')]; dimère (222-222'':225-225'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO) lignée cellulaire CHO/dhFr- ne présentant pas l'enzyme dihydrofolate reductase (DHFR), glycoforme alfa

gruticibart

inmunoglobulina G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* F11 (factor de coagulación XI, FXI, antecedente de la tromboplastina plasmática, PTA)], anticuerpo monoclonal; cadena pesada gamma1 (1-443) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV2-6-7*01 (83.5%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (92.3%) L124>V (112)/*Homo sapiens* IGHV4-38-2*02 (76.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) L123>T (111), CDR-IMGT [8.7.10] (26-33.51-57.96-105)) (1-116) - *Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10 (CH1 (117-214), bisagra 1-12 S10>P (224) (215-226), CH2 L92 (305) (227-336), CH3 (337-441), CHS (442-443)) (117-443)], (130-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa (1'-214') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV6-17*01 (82.1%) -IGKJ2*01 (83.3%) L124>V (104')/*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (82.1%) -IGKJ4*01 (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 (222-222''-225-225'')-bisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO) línea celular CHO/dhFr- en ausencia de la enzima dihidrofolato reductasa (DHFR), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QVQLQESGPG	LVKPSETLSI	TCTVSGFSLT	GYGIYWRQP	PGKGLEWLG	50
IWGDGRDYN	SALKSRVTIS	KDNSKQSVSL	KLSSVTAADT	ARYYCARDYY	100
GSKDYWGQGT	TVTVSSASTK	GPSVFPLAFC	SRSTSESTAA	LGCLVKDYFP	150
EPVTVSWNSG	ALTSVGHTEP	AVLQSSGLYS	LSSVTVFPSS	SLGKTHTYTCN	200
VDHKPSNTKV	DKRVESKYG	PCPPCPAPEF	LGGPSVLEFP	PKPKDTLMLIS	250
RTPEVTVCVV	DVSGDEPEVQ	FNWYVDGVEV	HNAKTKPREE	QFNSTYRVVS	300
VLTVLHQDWL	NGKEYKCKVS	NKGLPSSIEK	TISKAKGQPR	EPQVYTLPPS	350
QEMTKNQVS	LTCVLKGFYP	SDIAVEWESN	GQFENNYKTT	PPVLDSDGSF	400
FLYSRLTVDK	SRWQEGNVFS	CSVMHEALHN	HYTQKSLSL	LGK	443

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

DIQMTQSPSS	LSASVGDRTV	ITCKASQDVS	TAVAWYQQK	GKAPKLLIYL	50
TSYRNTGVPD	RFSGSGSGTD	FTFTISLLQP	EDIAVYQCQ	HYKTPYSPFG	100
GTKVEIKRTV	AAPSVFIFPP	SDEQLKSGTA	SVVCLLNNFY	PREAKVQGWK	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)	22-95	143-199	257-317	363-421
	22"-95"	143"-199"	257"-317"	363"-421"
Intra-L (C23-C104)	23'-88'	134'-194'		
	23'''-88'''	134'''-194'''		
Inter-H-L (CH1 10-CL 126)	130-214'	130"-214"		
Inter-H-H (h 8, h 11)	222-222"	225-225"		

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal /

Ciclación del glutaminilo N-terminal

Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolil) / pyroglutamyle (pE, 5-oxoprolyle) /

piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)

H VH Q1: 1, 1"

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

H CH2 N84.4: 293, 293"

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

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

H CHS K2: 443, 443"

ibentatugum #
ibentatug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CSP1 (cell surface plectin 1)], monoclonal antibody; gamma1 heavy chain (1-451) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV5-9-3*01 (87.8%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (91.7%) A128>S (122)/*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111))

	<p>(1-122) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01 (100%), G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (219) (123-220), hinge 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 D12 (361), L14 (363) (346-450), CHS K2>del (451)) (123-451)], (225-219')-disulfide with kappa light chain (1'-219') [V-KAPPA Musmus/Homsap (<i>Mus musculus</i> IGKV2-109*01 (94.0%) -IGKJ2*03 (90.9%) S120>Q (105')/<i>Homo sapiens</i> IGKV2-28*01 (83.0.5%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27'-32'.55'-57'.94'-102')) (1'-112') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (158'), V101 (196') (113'-219'))]; dimer (231-231":234-234")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa</p>
<p>ibentatug</p>	<p>immunoglobuline G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> CSP1 (pectine 1 de surface cellulaire)], anticorps monoclonal; chaîne lourde gamma1 (1-451) [VH Musmus/Homsap (<i>Mus musculus</i> IGHV5-9-3*01 (87.8%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (91.7%) A128>S (122)/<i>Homo sapiens</i> IGHV3-23*04 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01 (100%), G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (219) (123-220), charnière 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 D12 (361), L14 (363) (346-450), CHS K2>del (451)) (123-451)], (225-219')-disulfure avec la chaîne légère kappa (1'-219') [V-KAPPA Musmus/Homsap (<i>Mus musculus</i> IGKV2-109*01 (94.0%) -IGKJ2*03 (90.9%) S120>Q (105')/<i>Homo sapiens</i> IGKV2-28*01 (83.0.5%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27'-32'.55'-57'.94'-102')) (1'-112') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (158'), V101 (196') (113'-219'))]; dimère (231-231":234-234")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa</p>
<p>ibentatug</p>	<p>immunoglobulina G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> CSP1 (pectina 1 de superficie celular)], anticuerpo monoclonal; cadena pesada gamma1 (1-451) [VH Musmus/Homsap (<i>Mus musculus</i> IGHV5-9-3*01 (87.8%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (91.7%) A128>S (122)/<i>Homo sapiens</i> IGHV3-23*04 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01 (100%), G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (219) (123-220), bisagra 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 D12 (361), L14 (363) (346-450), CHS K2>del (451)) (123-451)], (225-219')-disulfuro con la cadena ligera kappa (1'-219') [V-KAPPA Musmus/Homsap (<i>Mus musculus</i> IGKV2-109*01 (94.0%) -IGKJ2*03 (90.9%) S120>Q (105')/<i>Homo sapiens</i> IGKV2-28*01 (83.0.5%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27'-32'.55'-57'.94'-102')) (1'-112') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (158'), V101 (196') (113'-219'))]; dímero (231-231":234-234")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa</p>

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

EVQLVESGGG	LVQPFGSLRL	SCAASGFTFS	RYGMSWVRQA	PGKRLEWVAT	50
ISIGGTYTY	PDSMKGRFTI	SRDNSKNTLY	LQMNLSRAED	TAMYCCARR	100
YGYYSYGLD	YWGQTLVTV	SSASTKGPSV	FPLAPSSKST	SGGTAALGCL	150
VKDYFPEPVT	VSNWNGALTS	GVHTFPAVLQ	SSGLYSLSSV	VTVPSSSLGT	200
QTYICNVNHK	PSNTKVDKKV	EPKSCDKTHT	CPPCPAPELL	GGPSVFLFPP	250
KPKDITLMIS	TPEVTCVVVD	VSHEDPEVKF	NWYVDGVEVH	NAKTKPREEQ	300
YNSTYRVVSV	LTVLHQDWLN	GKEYCKKQVSN	KALPAPIEKT	ISKAKGQPRE	350
PQVYTLPPSR	DELTKNQVSL	TCLVKGFYPS	DIAVEWESNG	QFENNYKTTT	400
PVLDSDGSFF	LYSKLTVDKS	RWQQGNVFC	SVMHEALHNN	YTQKSLSLSP	450
G					451

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

DIVMTQSAIS	NPVTLGQAS	ISCRSSKSL	HSQGITYLYW	YLQKPGQSPQ	50
LLIYQMSNRA	SGVPDFRFS	SGSTDFTLKI	SRVEAEDVGV	YYCAQNLLEP	100
LTFGQGTKLE	IKRTVAAPSV	FIFPPSDEQL	KSGTASVVCL	LNMFYPREAK	150
VQWKVDNALQ	SGNSQESVTE	QDSKDSYSL	SSTLTLSKAD	YEKHKVYACE	200
VTHQGLSSPV	TKSFNRGEC				219

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22"-96" 149"-205" 266"-326" 372"-430"

Intra-L (C23-C104) 23"-93" 139"-199"

Inter-H-L (h 5-CL 126) 225"-219" 225"-219"

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

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

H CH2 N84.4: 302, 302"

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

ibuzatrelvirum

ibuzatrelvir

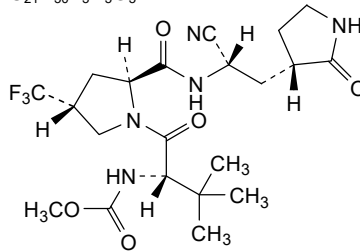
methyl {(2S)-1-[(2S,4R)-2-(((1S)-1-cyano-2-[(3S)-2-oxopyrrolidin-3-yl]ethyl)carbamoyl)-4-(trifluoromethyl)pyrrolidin-1-yl]-3,3-dimethyl-1-oxobutan-2-yl}carbamate

ibuzatrelvir

{(2S)-1-[(2S,4R)-2-(((1S)-1-cyano-2-[(3S)-2-oxopyrrolidin-3-yl]éthyl)carbamoyl)-4-(trifluorométhyl)pyrrolidin-1-yl]-3,3-diméthyl-1-oxobutan-2-yl}carbamate de méthyle

ibuzatrelvir

{(2S)-1-[(2S,4R)-2-(((1S)-1-ciano-2-[(3S)-2-oxopirrolidin-3-il]etil)carbamoi)-4-(trifluorometil)pirrolidin-1-il]-3,3-dimetil-1-oxobutan-2-il}carbamato de metilo

C₂₁H₃₀F₃N₅O₅**icalcaprantum**

icalcaprant

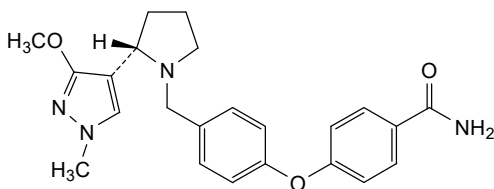
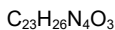
4-(4-(((2S)-2-(3-methoxy-1-methyl-1H-pyrazol-4-yl)pyrrolidin-1-yl)methyl)phenoxy)benzamide

icalcaprant

4-(4-(((2S)-2-(3-méthoxy-1-méthyl-1H-pyrazol-4-yl)pyrrolidin-1-yl)méthyl)phénoxy)benzamide

icalcaprant

4-(4-(((2S)-2-(1-metil-3-metoxi-1H-pirazol-4-il)pirrolidin-1-il]metil)fenoxi)benzamida



igermetostatum

igermetostat

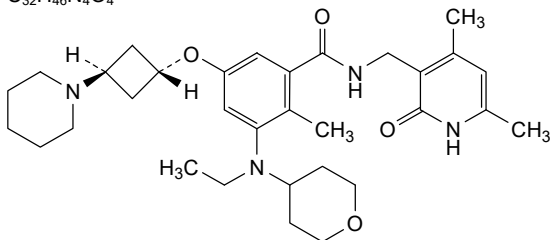
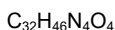
N-[(4,6-dimethyl-2-oxo-1,2-dihydropyridin-3-yl)methyl]-3-[ethyl(oxan-4-yl)amino]-2-methyl-5-[(1*r*,3*r*)-3-(piperidin-1-yl)cyclobutyl]oxy}benzamide

igermétostat

N-[(4,6-diméthyl-2-oxo-1,2-dihydropyridin-3-yl)méthyl]-3-[éthyl(oxan-4-yl)amino]-2-méthyl-5-[(1*r*,3*r*)-3-(pipéridin-1-yl)cyclobutyl]oxy}benzamide

igermetostat

N-[(4,6-dimetil-2-oxo-1,2-dihidropiridin-3-il)metil]-3-[etil(oxan-4-il)amino]-2-metil-5-[(1*r*,3*r*)-3-(piperidin-1-il)ciclobutil]oxi}benzamide



imdatifanum

imdatifan

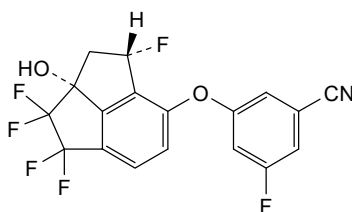
3-fluoro-5-[[[(2*aR*,4*S*)-1,1,2,2,4-pentafluoro-2a-hydroxy-2,2*a*,3,4-tetrahydro-1*H*-cyclopenta[*cd*]inden-5-yl]oxy]benzimidazole]

imdatifan

3-fluoro-5-[[[(2*aR*,4*S*)-1,1,2,2,4-pentafluoro-2a-hydroxy-2,2*a*,3,4-tétrahydro-1*H*-cyclopenta[*cd*]indén-5-yl]oxy]benzimidazole]

imdatifán

3-fluoro-5-[[[(2*aR*,4*S*)-1,1,2,2,4-pentafluoro-2a-hidroxi-2,2*a*,3,4-tetrahydro-1*H*-ciclopenta[*cd*]inden-5-il]oxi]benzimidazole]



invopressinum

invopressin

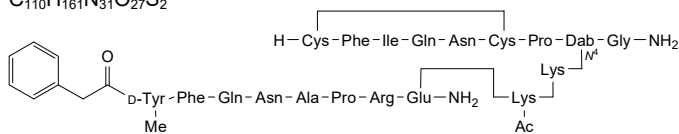
S^{A1}, S^{A6} -cyclo[L-cysteinyl-L-phenylalanyl-L-isoleucyl-L-glutaminyll-asparaginyll-L-cysteinyl-L-prolyl-(2S)-2-amino-4-({N⁶-[O-methyl-N-(2-phenylacetyl)-D-tyrosyl-L-phenylalanyl-L-glutaminyll-L-asparaginyll-L-alanyl-L-prolyl-L-arginyl-L-isoglutaminyll-N⁶-acetyl-L-lysyl]-L-lysyl)amino)butanoylglycinamide]

invopressine

S^{A1}, S^{A6} -cyclo[L-cystéinyl-L-phénylalanyl-L-isoleucyl-L-glutaminyll-asparaginyll-L-cystéinyl-L-prolyl-(2S)-2-amino-4-({N⁶-[O-méthyl-N-(2-phénylacétyl)-D-tyrosyl-L-phénylalanyl-L-glutaminyll-L-asparaginyll-L-alanyl-L-prolyl-L-arginyl-L-isoglutaminyll-N⁶-acétyll-L-lysyl]-L-lysyl)amino)butanoylglycinamide]

invopresina

S^{A1}, S^{A6} -ciclo[L-cisteinil-L-fenilalanil-L-isoleucil-L-glutaminil-L-asparaginil-L-cisteinil-L-proil-(2S)-2-amino-4-({N⁶-[O-metil-N-(2-fenilacetil)-D-tirosil-L-fenilalanil-L-glutaminil-L-asparaginil-L-alanil-L-proil-L-arginil-L-isoglutaminil-N⁶-acetil-L-lisil]-L-lisil)amino)butanoilglicinamida]

C₁₁₀H₁₆₁N₃₁O₂₇S₂

Dab = (2S)-2,4-diaminobutanoic acid

irpagratinibum

irpagratinib

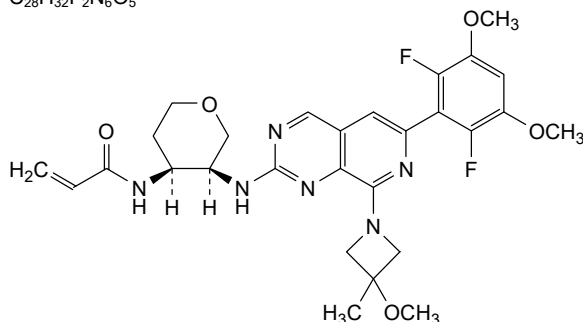
N-[[(3S,4S)-3-[[6-(2,6-difluoro-3,5-dimethoxyphenyl)-8-(3-methoxy-3-methylazetidin-1-yl)pyrido[3,4-*d*]pyrimidin-2-yl]amino]oxan-4-yl]prop-2-enamide

irpagratinib

N-[[(3S,4S)-3-[[6-(2,6-difluoro-3,5-diméthoxyphényl)-8-(3-méthoxy-3-méthylazétidin-1-yl)pyrido[3,4-*d*]pyrimidin-2-yl]amino]oxan-4-yl]prop-2-énamide

irpagratinib

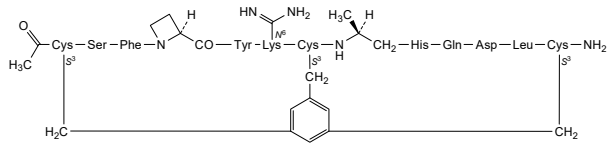
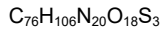
N-[[(3S,4S)-3-[[6-(2,6-difluoro-3,5-dimetoxifenil)-8-(3-metil-3-metoxiazetidín-1-il)pirido[3,4-*d*]pirimidín-2-il]amino]oxan-4-il]prop-2-enamida

C₂₈H₃₂F₂N₆O₅**irucalantidum**

irucalantide

$C^{3,3,1}, S^7; C^{5,3,1}, S^{13}$ -dicyclo{*N*-acetyl-S-[(3,5-dimethylphenyl)methyl]-L-cysteinyl-L-seryl-L-phenylalanyl-(2S)-azetidine-2-carbonyl-L-tyrosyl-N⁶-carbamimidoyl-L-lysyl-L-cysteinyl-L-alanyl-ψ(CH₂-NH)-L-histidyl-L-glutaminyll-L-α-aspartyl-L-leucyl-L-cysteinamide}

- irucalantide $C^{3.3.1}, S^7: C^{5.3.1}, S^{13}$ -dicyclo(*N*-acétyl-*S*-[(3,5-diméthylphényl)méthyl]-*L*-cystéinyl-*L*-séryl-*L*-phénylalanil-(2*S*)-azétidine-2-carbonyl-*L*-tyrosyl-*N*⁶-carbamidoyl-*L*-lysyl-*L*-cystéinyl-*L*-alanil-ψ(CH₂-NH)-*L*-histidyl-*L*-glutaminyll-*L*-α-aspartyl-*L*-leucyl-*L*-cystéinamide}
- irucalantida $C^{3.3.1}, S^7: C^{5.3.1}, S^{13}$ -dicio(*N*-acetil-*S*-[(3,5-dimetilfenil)metil]-*L*-cisteinil-*L*-seril-*L*-fenilalanil-(2*S*)-azetidina-2-carbonil-*L*-tirozil-*N*⁶-carbamidoyl-*L*-lisil-*L*-cisteinil-*L*-alanil-ψ(CH₂-NH)-*L*-histidil-*L*-glutaminil-*L*-α-aspartil-*L*-leucil-*L*-cisteinamida}



izalontamabum brengitecanum #

izalontamab brengitecan

immunoglobulin G1-scFv_L-kappa dimer, anti-[*Homo sapiens* EGFR (epidermal growth factor receptor, receptor tyrosine-protein kinase erbB-1, ERBB1, HER1, HER-1, ERBB)] and anti-[*Homo sapiens* ERBB3 (receptor tyrosine protein kinase erbB-3, HER3)], chimeric and *Homo sapiens* monoclonal antibody, tetravalent, bispecific, conjugated to a camptothecin derivative; fused G1-scFv heavy-lambda heavy chain chimeric and *Homo sapiens* (1-702) [gamma1 heavy chain anti-EGFR chimeric (1-448) [VH (*Mus musculus* IGHV2-2*03 (93.8%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (92.9%) A128>S (119), CDR-IMGT [8.7.13] (26-33.51-57.96-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*08p (100%), G1m3,1 (CH1 I103 (201), R120 (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 D12 (358), L14 (360) (343-447), CHS K2>del (448)) (120-448)] -10-mer bis(tetraglycyl-seryl) linker (449-458) -scFv heavy-lambda anti-ERBB3 *Homo sapiens* (459-702) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-7*01 (91.8%) - (IGHD) -IGHJ2*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (484-491.509-516.555-565)) (459-576) -15-mer tris(tetraglycyl-seryl) linker (577-591) -V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV2-14*03 (93.9%) - IGLJ2*01 (83.3%) L124>V (699), CDR-IMGT [9.3.11] (617-625.643-645.682-692)) (592-702)], (222-214')-disulfide with kappa light chain anti-EGFR chimeric (1'-214') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV5-48*01 (95.8%) -IGKJ5*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; substituted at the sulfur atoms of the L-cysteinyl residues 214', 214"', 222, 222", 228, 228", 231, 231" with (3*RS*)-1-[(4*S*,13*S*,21*S*)-13-benzyl-1-carboxy-22-[[[(1*S*,9*S*)-9-ethyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-methyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1*H*,12*H*-benzo[*de*]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolin-1-yl]amino]-21-methyl-5,8,11,14,17,22-hexaoxo-20-oxa-2,6,9,12,15,18-hexaazadocosan-4-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl groups (*brengitecan*)

izalontamab brengitecan

immunoglobuline G1-scFv_L-kappa dimère, anti-[*Homo sapiens* EGFR (récepteur du facteur de croissance épidermique,

récepteur tyrosine-protéine kinase erbB-1, ERBB1, HER1, HER-1, ERBB]) et anti-[*Homo sapiens* ERBB3 (récepteur à activité tyrosine kinase erbB-3, HER3)], anticorps monoclonal chimérique et *Homo sapiens*, tétravalent, bispécifique, conjugué à un dérivé de la camptothécine;

chaîne lourde fusionnée G1-scFv lourd-lambda chimérique et *Homo sapiens* (1-702) [gamma1 anti-EGFR chimérique (1-448) [VH (*Mus musculus* IGHV2-2*03 (93.8%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (92.9%) A128>S (119), CDR-IMGT [8.7.13] (26-33.51-57.96-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*08p (100%), G1m3,1 (CH1 I103 (201), R120 (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 D12 (358), L14 (360) (343-447), CHS K2>del (448)) (120-448)] -10-mer bis(tétraglycyl-séryl) linker (449-458) -scFv lourd-lambda anti-ERBB3 *Homo sapiens* (459-702) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-7*01 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (484-491.509-516.555-565)) (459-576) -15-mer tris(tétraglycyl-séryl) linker (577-591) -V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV2-14*03 (93.9%) -IGLJ2*01 (83.3%) L124>V (699), CDR-IMGT [9.3.11] (617-625.643-645.682-692)) (592-702)], (222-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa anti-EGFR chimérique (1'-214') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV5-48*01 (95.8%) -IGKJ5*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, substitué sur les atomes de soufre des résidus L-cystéinyl 214', 214", 222, 222", 228, 228", 231, 231" avec un groupe 3RS)-1-[(4S,13S,21S)-13-benzyl-1-carboxy-22-[[[(1S,9S)-9-éthyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-méthyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1H,12H-benzo[de]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinoléin-1-yl]amino]-21-méthyl-5,8,11,14,17,22-hexaoxo-20-oxa-2,6,9,12,15,18-hexaazadocosan-4-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (*brentigécán*)

izalontamab brengitecán

inmunoglobulina G1-scFv L-kappa dimero, anti-[*Homo sapiens* EGFR (receptor del factor de crecimiento epidérmico, receptor tirosina-proteína kinasa erbB-1, ERBB1, HER1, HER-1, ERBB)] y anti-[*Homo sapiens* ERBB3 (receptor con actividad tirosina kinasa erbB-3, HER3)], anticuerpo monoclonal quimérico y *Homo sapiens*, tetravalente, biespecífico, conjugado con un derivado de la camptotecina;

cadena pesada fusionada G1-scFv pesada-lambda quimérica y *Homo sapiens* (1-702) [gamma1 anti-EGFR quimérico (1-448) [VH (*Mus musculus* IGHV2-2*03 (93.8%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (92.9%) A128>S (119), CDR-IMGT [8.7.13] (26-33.51-57.96-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*08p (100%), G1m3,1 (CH1 I103 (201), R120 (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 D12 (358), L14 (360) (343-447), CHS K2>del (448)) (120-448)] -10-mer bis(tetraglicil-seril) enlace (449-458) -scFv pesada-lambda anti-ERBB3 *Homo sapiens* (459-702) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-7*01 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (484-491.509-516.555-565)) (459-576) -15-mer tris(tetraglicil-seril) enlace (577-591) -V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV2-14*03 (93.9%) -IGLJ2*01 (83.3%) L124>V (699), CDR-IMGT [9.3.11] (617-625.643-645.682-692)) (592-702)], (222-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa anti-EGFR quimérica (1'-214') [V-KAPPA (*Mus musculus* IGKV5-48*01 (95.8%) -IGKJ5*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, sustituido en los átomos de azufre de los residuos de L-cisteinil 214', 214'', 222, 222'', 228, 228'', 231, 231'' con grupo (3RS)-1-[(4S,13S,21S)-13-bencil-1-carboxi-22-[[[(1S,9S)-9-etil-5-fluoro-9-hidroxi-4-metil-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahidro-1H,12H-benzo[de]pirano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinolein-1-il]amino]-21-metil-5,8,11,14,17,22-hexaoxo-20-oxa-2,6,9,12,15,18-hexaazadocosan-4-il]-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo (*bregitecán*)

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: anti-EGFR G1 - anti-ERBB3 scFv
 QVQLKQSGPG LVQPSQSLSI TCTVSGFSLT NYGVHWVRRQS PGKGLEWLVG 50
 IWSGGNTDYN TPFTSRLSIN KDNSKSVQFF KMNSLQSNLT AIYYCARALT 100
 YYDYEFAYWG QGTLVTVSSA STKGPSVFLP APSKSTSGG TAALGLCVKD 150
 YFPEPVTVSW NSGALTSVGH TFPVAVLQSSG LYSLSVSVTV PSSSLGTQTY 200
 ICNVNHHKPSN TKVDRKVEPK SCDKTHTCP CPAPPELLGGP SVFLFPPKPK 250
 DTLMISRTPE VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
 TYRVVSVLTV LHQDNLNGKE YKCKVSNKAL PAPIETKISK AKGQPREPQV 350
 YTLPPSRDEL TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL 400
 DSDGSEFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSVCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSPGGG 450
 GSGGGGGSQV QLQESGGGLV KPGGSLRLSC AASGFTFSSY WMSWVRQAPG 500
 KGLEWVANIN RDGSASYVD SVKGRFTISR DDAKNSLYLQ MNSLRAEDTA 550
 VYYCARDRGV GYFDLWRGT LVTVSSGGGG SGGGGSGGGG QSALTPQAS 600
 VSGSPGQSIT ISCTGTSSDV GGYNFVSWYQ QHPGKAPKLM IYDVSDFPSG 650
 VSDRFSGSKS GNTASLIISG LQADDEADYY CSSYGSSTH VIFGGGTKVT 700
 VL 702

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: anti-EGFR L-kappa
 DILLTQSPVI LSVSPGERVS FSCRASQSIG TNIHWYQRT NGSPRLLIKY 50
 ASESISGIPS RFGSGSGSDT FTLSINSVES EDIADYCYQQ NNNWPTFFGA 100
 GTKLELKRIV AAPSVEIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWVK 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
 LSSPVTKSFN RGEV 214

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-95 146-202 263-323 369-427 480-554 613-681
 22''-95'' 146''-202'' 263''-323'' 369''-427'' 480''-554'' 613''-681''

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

Inter-H-L* (h 5-CL 126) 222-214' 222''-214''

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

*The four inter-chain disulfide bridges are not present, an average of 8 cysteinyl being conjugated each via a thioether bond to a drug linker.

*Les quatre ponts disulfures inter-chaînes ne sont pas présents, 8 cystéinyl en moyenne étant chacun conjugué via une liaison thioéther à un linker-principe actif.

*Faltan los cuatro puentes disulfuro inter-catenarios, una media de 8 cisteinil está conjugada a conectores de principio activo.

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal /

Ciclación del glutaminilo N-terminal

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

piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)

H VH Q1: 1, 1''

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

H VH N97: 88, 88''

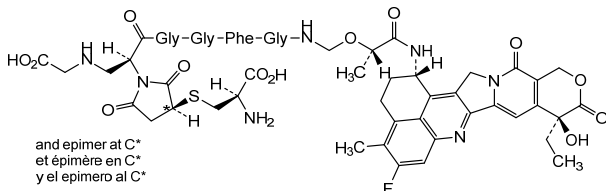
H CH2 N84.4: 299, 299''

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

complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados

Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados

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



izastobartum

izastobart

immunoglobulin G1-lambda, anti-[*Homo sapiens* C5AR1 (complement C5a receptor 1, C5R1, CD88)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;
 gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-15*07 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (92.9%) M123>L (114), CDR-IMGT [8.10.10] (26-33.51-60.99-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v43 CH2 A1.3, E1.2, A1, G1v60 S115, S116 (CH1 R120 (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>E (237), G1>A (239), A115>S (332), P116>S (333) (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-214')-disulfide with lambda light chain *Homo sapiens* (1'-215') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-44*04 (89.5%) -IGLJ2*01 (100%), CDR-IMGT [8.3.10] (26'-33'.51'-53'.90'-99')) (1'-109') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (110'-215')]; dimer (228-228":231-231")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DG44, glycoform alfa

izastobart

immunoglobuline G1-lambda, anti-[*Homo sapiens* C5AR1 (récepteur 1 du complément C5a, C5R1, CD88)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;
 chaîne lourde gamma1 *Homo sapiens* (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-15*07 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (92.9%) M123>L (114), CDR-IMGT [8.10.10] (26-33.51-60.99-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v43 CH2 A1.3, E1.2, A1, G1v60 S115, S116 (CH1 R120 (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>E (237), G1>A (239), A115>S (332), P116>S (333) (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-214')-disulfure avec la chaîne légère lambda *Homo sapiens* (1'-215') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-44*04 (89.5%) -IGLJ2*01 (100%), CDR-IMGT [8.3.10] (26'-33'.51'-53'.90'-99')) (1'-109') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (110'-215')]; dimère (228-228":231-231")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DG44, glycoforme alfa

izastobart

immunoglobulina G1-lambda, anti-[*Homo sapiens* C5AR1 (receptor 1 del complemento C5a, C5R1, CD88)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*;
 cadena pesada gamma1 *Homo sapiens* (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-15*07 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (92.9%) M123>L (114), CDR-IMGT [8.10.10] (26-33.51-60.99-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v43 CH2 A1.3, E1.2, A1, G1v60 S115, S116 (CH1 R120 (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>E (237), G1>A (239), A115>S (332), P116>S (333) (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-214')-disulfuro con la cadena ligera lambda *Homo sapiens* (1'-215') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-44*04 (89.5%) -IGLJ2*01 (100%), CDR-IMGT [8.3.10] (26'-33'.51'-53'.90'-99')) (1'-109') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (110'-215')]; dímero (228-228":231-231")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DG44, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada		
EVQLVESGGG	LVKPGGSLRL	SCAASGFTFS SYAMHWVRQA PGKLEWVGR 50
IKSKAQGGTT	DYAAHVKGRF	TISRDDSKNT LYLQMNLSKT EDTAVYYCAR 100
VSFSTFDVWG	QGTLLTVSSA	STKGPSVFL APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
YFPEPVTVSW	NSGALTSGVH	TFFAVLQSSG LYSLSVVTV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHKPSN	TKVDKRVFK	SCDKTHTCPP CPAPEAEGAP SVFLFPPKPK 250
DTLMI	SRTPE VTCVVVDVSH	EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRIVSVLTV	LHQDNLNGKE	YKCKVSNKAL PSSIEKTIISK ARGQPREPQV 350
YTLPPSREEM	TKNQVSLTCL	VKGFIYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPPVL 400
DSDSGFFLYS	KLTVDKSRWQ	QGNVFCSVM HEALHNYTQ KSLSLSPGK 449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera			
QSVLTQPPSV	SGAPGQRVTI	SCSGSSSNIG SYYVSWYQQL PGTAPKVLIIY 50	
RNNQRPSGVP	DRFSGSKSGT	SASLAITGLQ AEDEADYYCD SWDHSSMNVF 100	
GGGKTLTVLG	QPKAAPSVTL	FPPSSEELQA NKATLVCLIS DFYFPAVTVTA 150	
WKADSSPVKA	GVETTTFSKQ	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"-98" 146"-202" 263"-323" 369"-427"

22"-98" 146"-202" 263"-323" 369"-427"

Intra-L (C23-C104) 22"-89" 137"-196"

22"-89" 137"-196"

Inter-H-L (h 5-CL 126) 222"-214" 222"-214"

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

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

H CH2 N84.4: 299, 299"

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

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

H CHS K2: 449, 449"

labuxtinibum

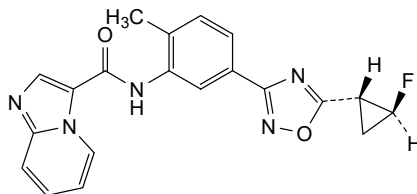
labuxtinib

N-(5-{5-[(1*R*,2*S*)-2-fluorocyclopropyl]-1,2,4-oxadiazol-3-yl}-2-methylphenyl)imidazo[1,2-*a*]pyridine-3-carboxamide

labuxtinib

N-(5-{5-[(1*R*,2*S*)-2-fluorocyclopropyl]-1,2,4-oxadiazol-3-yl}-2-méthylphényl)imidazo[1,2-*a*]pyridine-3-carboxamide

labuxtinib

N-(5-{5-[(1*R*,2*S*)-2-fluorociclopropil]-1,2,4-oxadiazol-3-il}-2-metilfenil)imidazo[1,2-*a*]piridina-3-carboxamidaC₂₀H₁₆FN₅O₂**lacutoclaxum**

lacutoclax

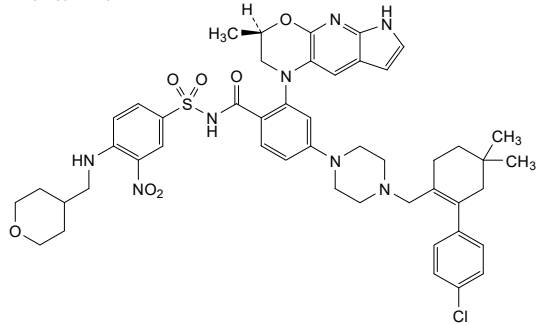
4-{4-[(4'-chloro-5,5-dimethyl-3,4,5,6-tetrahydro-[1,1'-biphenyl]-2-yl)methyl]piperazin-1-yl}-2-[(3*R*)-3-methyl-2,3-dihydropyrrolo[3',2':5,6]pyrido[2,3-*b*][1,4]oxazin-1(6*H*)-yl]-*N*-(3-nitro-4-[[oxan-4-yl)methyl]amino)benzene-1-sulfonyl)benzamide

lacutoclax

4-{4-[(4'-chloro-5,5-diméthyl-3,4,5,6-tétrahydro-[1,1'-biphényl]-2-yl)méthyl]pipérazin-1-yl}-2-[(3*R*)-3-méthyl-2,3-dihydropyrrolo[3',2':5,6]pyrido[2,3-*b*][1,4]oxazin-1(6*H*)-yl]-*N*-(3-nitro-4-[[oxan-4-yl)méthyl]amino)benzène-1-sulfonyl)benzamide

lacutoclax

4-{4-[(4'-cloro-5,5-dimetil-3,4,5,6-tetrahydro-[1,1'-bifenil]-2-il)metil]piperazin-1-il}-2-[(3*R*)-3-metil-2,3-dihidropirrol[3',2':5,6]pirido[2,3-*b*][1,4]oxazin-1(6*H*)-yl]-*N*-(3-nitro-4-[[oxan-4-il)metil]amino)bencono-1-sulfonyl)benzamida



lancastotugum #
lancastotug

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 (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-30-4*01 (90.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) L123>S (116), CDR-IMGT [9.7.14] (26-34.52-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (218) (122-219), hinge 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 E12 (360), M14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-214')-disulfide with kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (85.4%) -IGKJ4*01 (90.9%) V124>L (104), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimer (230-230":233-233")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa

lancastotug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TIGIT (immunorécepteur des cellules T avec domaine Ig et ITIM, membre 9 de l'Ig V-set, VSIG9, membre 3 de l'Ig V-set et région transmembranaire, VSTM3)], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde gamma1 humanisée (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-30-4*01 (90.8%) -(IGHD) - IGHJ4*01 (92.3%) L123>S (116), CDR-IMGT [9.7.14] (26-34.52-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (218) (122-219), charnière 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 E12 (360), M14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (85.4%) -IGKJ4*01 (90.9%) V124>L (104), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01(100%), Km3, A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimère (230-230":233-233")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

lancaſtotug

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[Homo sapiens TIGIT (inmunoreceptor de las células T con dominio Ig e ITIM, miembro 9 de la Ig V-set, VSIG9, miembro 3 de la Ig V-set y región transmembranaria, VSTM3)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada gamma1 humanizada (1-451) [VH (Homo sapiens IGHV4-30-4*01 (90.8%) -(IGHD) - IGHJ4*01 (92.3%) L123>S (116), CDR-IMGT [9.7.14] (26-34.52-58.97-110)) (1-121) -Homo sapiens IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (218) (122-219), bisagra 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 E12 (360), M14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-214)-disulfuro con la cadena ligera kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (Homo sapiens IGKV1-9*03 (85.4%) -IGKJ4*01 (90.9%) V124>L (104), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1'-107') -Homo sapiens IGKC*01(100%), Km3, A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dímero (230-230":233-233")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

DVQLQESGPG	LVKFSQTLSL	TCTVSGHSFT	SDYAWSWIRQ	PPGKGLEWIG	50
YISYSDSTNY	NPSLKSRTVI	SRDTSKNQFS	LKLSSTVTAAD	TAVYYCARLD	100
YGNYGAMDY	WGQCTSVTVS	SASTKGPSVF	PLAPSSKSTS	GGTAALGCLV	150
KDYFPEPVTV	SWNSGALTSG	VHTFFAVLQS	SGLYSLSSVV	TVPSSSLGTQ	200
TYICNVNHPK	SNTKVDKQVE	PKSCDKTHTC	PPCPAPELLG	GPSVFLFPPK	250
PKDTLMISRT	PEVTCVVVDV	SHEDPEVKFN	WYVDGVEVHN	AKTKPREEQY	300
NSTYRVVSVL	TVLHQDWLNG	KEYKCKVSNK	ALPAPIEKTI	SKARGQPRFP	350
QVYTLPPSRE	EMTKNQVSLT	QLVKGFYPSD	IAVEWESNGQ	PENNYKTTFP	400
VLDSGSGFPL	YSKLTVDKSR	WQQGNVPSCS	VMHEALHNNH	TQKSLSLSPG	450
K					451

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

DIQMTQSPSS	LSASVGRVVT	ITCRSSQHSV	TALAWYQQPK	GKSPKLLIYS	50
ASSRYSQVPD	RFGSGSGTDT	FTFTISLQPL	EDPATYFCQQ	HYITPWFVFG	100
GTKLEIKRTV	AAPSVFIFPP	SDEQLKSGTA	SVVCLLNNFY	PREAKVQWKV	150
DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD	STYLSLSTLT	LSKADVEKHK	VYACEVTHQG	200
LSSPVTKSFN	RGEC				214

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-96 148-204 265-325 371-429
 22"-96" 148"-204" 265"-325" 371"-429"

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

Inter-H-L (h 5-CL 126) 224-214' 224"-214"
 Inter-H-H (h 11, h 14) 230-230" 233-233"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
 H CH2 N84.4: 301, 301"

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

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

latovetcelum

latovetcel

equine allogeneic mesenchymal stem/stromal cells (MSCs) isolated from peripheral blood mononuclear cells (PBMCs) collected from donor horses. The MSCs are selected for by growing the PBMCs in media containing fetal bovine serum (FBS) and dexamethasone and then further expanded in media containing FBS. The final cells are characterized by their stretched spindle shaped morphology, and by expression of the cellular surface markers CD90 (≥95%) and CD40 (≥85%) and absence of MHC class II expression (≤2%). The cells secrete prostaglandin E2 (PGE2) and interleukin 6 (IL-6) and can decrease proliferation (>85%) in a mixed lymphocyte reaction assay with concanavalin A (ConA)-stimulated canine PMBCs

latovetcel

cellules souches/stromales mésenchymateuses (CSM) allogènes équines isolées à partir de cellules mononucléaires de sang périphérique (PBMC) prélevées sur des chevaux donateurs. Les CSM sont sélectionnées en cultivant les PBMC dans un milieu contenant du sérum bovin foetal (FBS) et de la dexaméthasone, puis en les développant dans un milieu contenant du FBS.

Les cellules finales sont caractérisées par leur morphologie fusiforme étirée et par l'expression des marqueurs de surface cellulaire CD90 (≥95%) et CD40 (≥85%) et l'absence d'expression du CMH de classe II (≤2%). Les cellules sécrètent de la prostaglandine E2 (PGE2) et de l'interleukine 6 (IL-6) et peuvent diminuer la prolifération (>85%) dans un test de réaction lymphocytaire mixte avec des PMBC canins stimulés par la concanavaleine A (ConA)

latovetcel

células madre/estromales mesenquimales (MSC) equinas, alogénicas, aisladas de células mononucleares de sangre periférica (PBMCs) recogida de caballos donantes. Las MSCs se seleccionan mediante crecimiento de las PBMCs en medio que contiene suero bovino fetal (FBS) y dexametasona, y después se expanden en medio que contiene FBS. Las células finales se caracterizan por su morfología en forma de huso estirado y por la expresión de los marcadores de superficie CD90 (≥95%) y CD40 (≥85%) y ausencia de expresión de MHC de clase II (≤2%). Las células secretan prostaglandina E2 (PGE2) e interleuquina 6 (IL-6) y pueden disminuir la proliferación (>85%) en un ensayo de reacción cruzada de linfocitos con PBMCs caninos estimulados con concanavalina A (Con-A)

lepzacitinibum

lepzacitinib

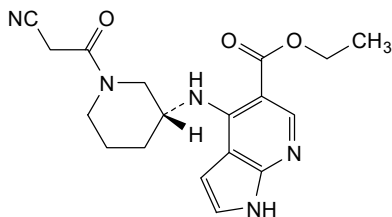
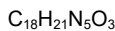
ethyl 4-[[{(3R)-1-(cyanoacetyl)piperidin-3-yl]amino}-1H-pyrrolo[2,3-b]pyridine-5-carboxylate

lepzacitinib

4-[[{(3R)-1-(cyanoacétyl)pipéridin-3-yl]amino}-1H-pyrrolo[2,3-b]pyridine-5-carboxylate d'éthyle

lepzacitinib

4-[[{(3R)-1-(cianoacetil)piperidin-3-il]amino}-1H-pirrol[2,3-b]piridina-5-carboxilato de etilo



Ieramistatum

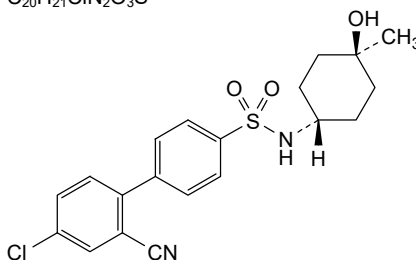
Ieramistat

4'-chloro-2'-cyano-*N*-[(1*r*,4*r*)-4-hydroxy-4-methylcyclohexyl][1,1'-biphenyl]-4-sulfonamide

Iéramistat

4'-chloro-2'-cyano-*N*-[(1*r*,4*r*)-4-hydroxy-4-méthylcyclohexyl][1,1'-biphényl]-4-sulfonamide

Ieramistat

2'-ciano-4'-cloro-*N*-[(1*r*,4*r*)-4-hidroxi-4-metilciclohexil][1,1'-bifenil]-4-sulfonamidaC₂₀H₂₁ClN₂O₃S**Ierzeparibum**

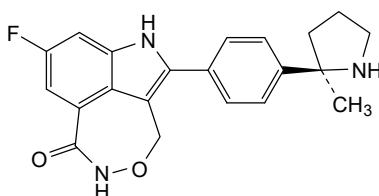
Ierzeparib

8-fluoro-2-{4-[(2*R*)-2-methylpyrrolidin-2-yl]phenyl}-1,3-dihydro[1,2]oxazepino[6,5,4-*cd*]indol-6(5*H*)-one

Ierzéparib

8-fluoro-5-{4-[(2*R*)-2-méthylpyrrolidin-2-yl]phényl}-1,3-dihydro[1,2]oxazépine[6,5,4-*cd*]indol-6(5*H*)-one

Ierzeparib

8-fluoro-5-{4-[(2*R*)-2-metilpirrolidin-2-il]fenil}-1,3-dihidro[1,2]oxazepino[6,5,4-*cd*]indol-6(5*H*)-onaC₂₁H₂₀FN₃O₂**Iimaresiquimodum**

Iimaresiquimod

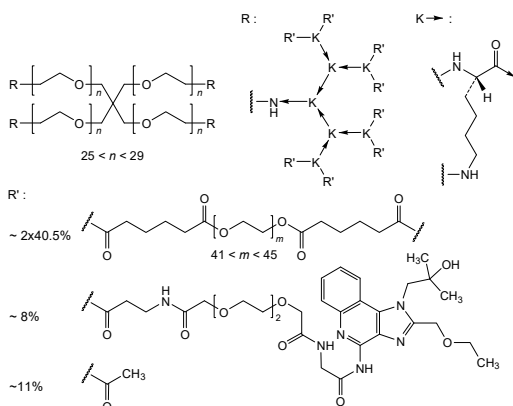
acetyl and 1-[[2-(ethoxymethyl)-1-(2-hydroxy-2-methylpropyl)-1*H*-imidazo[4,5-*c*]quinolin-4-yl]amino]-1,4,14-trioxo-6,9,12-trioxa-3,15-diazaoctadecan-18-oyl groups linked to 11 and 8 percent of amino end groups, respectively, of the dendritic block polymer [(2,2-bis{ω-(ω-octaamino-*dendro*^{G3}-{azanediyl}[(2*S*)-1-oxohexane-1,2,6-triyl])}poly(oxyethylene)-α-yl)methyl]propane-1,3-diyl)bis(oxy)]bis[ω-(ω-octaamino-*dendro*^{G3}-{azanediyl}[(2*S*)-1-oxohexane-1,2,6-triyl])}poly(oxyethylene)-α-yl] which itself is crosslinked through 81 percent of amino end groups with a bivalent linker produced by amidation with α-(5-carboxypentanoyl)-ω-[(5-carboxypentanoyl)oxy]poly(oxyethylene)

limarésiquimod

groupes acétyle et 1-[[2-(éthoxyméthyl)-1-(2-hydroxy-2-méthylpropyl)-1*H*-imidazo[4,5-*c*]quinolin-4-yl]amino]-1,4,14-trioxo-6,9,12-trioxa-3,15-diazaoctadécan-18-oyle liés à, respectivement, 11 et 8 % de groupes amine terminaux du polymère dendritique en bloc [(2,2-bis{[ω-(ω-octaamino-*dendro*^{G3}-{azanediyl}[(2*S*)-1-oxohexane-1,2,6-triyl])}]poly(oxyéthylène)-α-yl)méthyl]propane-1,3-diyl)bis(oxy)]bis[ω-(ω-octaamino-*dendro*^{G3}-{azanediyl}[(2*S*)-1-oxohexane-1,2,6-triyl])poly(oxyéthylène)-α-yle] qui est lui-même réticulé sur 81 % des groupes amine terminaux avec un espaceur bivalent produit par amidification avec α-(5-carboxypentanoil)-ω-[(5-carboxypentanoil)oxy]poly(oxyéthylène)

limaresiquimod

grupos acetilo y 1-[[2-(etoximetil)-1-(2-hidroxi-2-metilpropil)-1*H*-imidazo[4,5-*c*]quinolin-4-il]amino]-1,4,14-trioxo-6,9,12-trioxa-3,15-diazaoctadecan-18-oilo unidos a, respectivamente, 11 y 8 % de grupos amina terminal del polímero dendrítico en bloque [(2,2-bis{[ω-(ω-octaamino-*dendro*^{G3}-{azanodiil}[(2*S*)-1-oxohexano-1,2,6-triil])}]poli(oxietileno)-α-il]metil]propano-1,3-diil)bis(oxi)]bis[ω-(ω-octaamino-*dendro*^{G3}-{azanodiil}[(2*S*)-1-oxohexano-1,2,6-triil])poli(oxietileno)-α-ilo] que él mismo está reticulado sobre el 81 % de los grupos amina terminal con un enlace bivalente producido por amidación con α-(5-carboxipentanoil)-ω-[(5-carboxipentanoil)oxi]poli(oxietileno)



lingdolinuradum

lingdolinurad

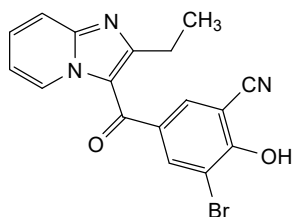
3-bromo-5-(2-ethylimidazo[1,2-*a*]pyridine-3-carbonyl)-2-hydroxybenzotrile

lingdolinurad

3-bromo-5-(2-éthylimidazo[1,2-*a*]pyridine-3-carbonyl)-2-hydroxybenzotrile

lingdolinurad

3-bromo-5-(2-etilimidazo[1,2-*a*]piridina-3-carbonil)-2-hidroxibenzotrile

$C_{17}H_{12}BrN_3O_2$ **lixumistatum**

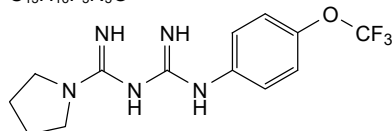
lixumistat

N-(*N*-[4-(trifluoromethoxy)phenyl]carbamidoyl)pyrrolidine-1-carboximidamide

lixumistat

N-(*N*-[4-(trifluorométhoxy)phényl]carbamidoyl)pyrrolidine-1-carboximidamide

lixumistat

N-(*N*-[4-(trifluorometoxi)fenil]carbamidoyl)pirrolidina-1-carboximidamida $C_{13}H_{16}F_3N_5O$ **londamocitinibum**

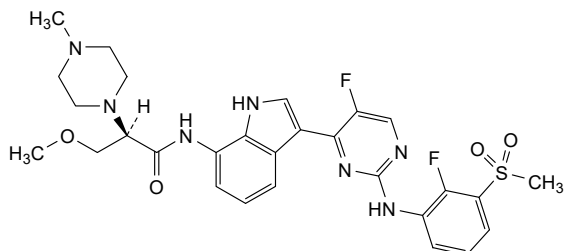
londamocitinib

(2R)-*N*-(3-(5-fluoro-2-[2-fluoro-3-(methanesulfonyl)anilino]pyrimidin-4-yl)-1*H*-indol-7-yl)-3-methoxy-2-(4-methylpiperazin-1-yl)propanamide

londamocitinib

(2R)-*N*-(3-(5-fluoro-2-[2-fluoro-3-(méthanesulfonyl)anilino]pyrimidin-4-yl)-1*H*-indol-7-yl)-3-méthoxy-2-(4-méthylpipérazin-1-yl)propanamide

londamocitinib

(2R)-*N*-(3-(5-fluoro-2-[2-fluoro-3-(metanosulfonyl)anilino]pirimidin-4-il)-1*H*-indol-7-il)-2-(4-metilpiperazin-1-il)-3-metoxipropanamida $C_{28}H_{31}F_2N_7O_4S$ 

lotiglipronum

lotiglipron

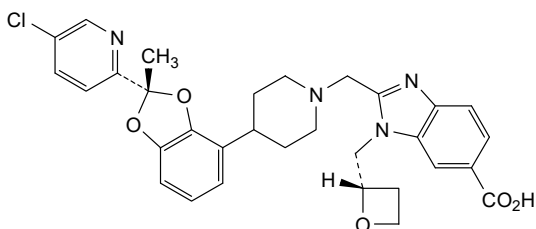
(2²S,7²S)-1⁵-chloro-2²-methyl-5(2,1)-[1,3]benzimidazola-1(2)-pyridina-3(4,1)-piperidina-2(2,4)-[1,3]benzodioxola-7(2)-oxetanaheptaphane-5⁶-carboxylic acid

lotiglipron

acide (2²S,7²S)-1⁵-chloro-2²-méthyl-5(2,1)-[1,3]benzimidazola-1(2)-pyridina-3(4,1)-pipéridina-2(2,4)-[1,3]benzodioxola-7(2)-oxétanaheptaphane-5⁶-carboxylique

lotigliprón

ácido (2²S,7²S)-1⁵-cloro-2²-metil-5(2,1)-[1,3]bencimidazola-1(2)-piridina-3(4,1)-piperidina-2(2,4)-[1,3]benzodioxola-7(2)-oxetanaheptafano-5⁶-carboxílico

C₃₁H₃₁ClN₄O₅**lucicebtidum**

lucicebtide

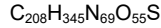
D-valyl-D-alanyl-D-α-glutamyl-D-alanyl-D-arginyl-D-α-glutamyl-D-α-glutamyl-D-leucyl-D-α-glutamyl-D-arginyl-D-leucyl-D-α-glutamyl-D-alanyl-D-arginyl-D-leucylglycyl-D-glutamyl-D-alanyl-D-arginylglycyl-D-α-glutamyl-D-leucyl-D-lysyl-D-lysyl-D-tryptophyl-D-lysyl-D-methionyl-D-arginyl-D-arginyl-D-asparaginy-D-glutamyl-D-phenylalanyl-D-tryptophyl-D-leucyl-D-lysyl-D-leucyl-D-glutamyl-D-arginine

lucicebtide

D-valyl-D-alanyl-D-α-glutamyl-D-alanyl-D-arginyl-D-α-glutamyl-D-α-glutamyl-D-leucyl-D-α-glutamyl-D-arginyl-D-leucylglycyl-D-glutamyl-D-alanyl-D-arginylglycyl-D-α-glutamyl-D-leucyl-D-lysyl-D-lysyl-D-tryptophyl-D-lysyl-D-méthionyl-D-arginyl-D-arginyl-D-asparaginy-D-glutamyl-D-phénylalanyl-D-tryptophyl-D-leucyl-D-lysyl-D-leucyl-D-glutamyl-D-arginine

lucicebtida

D-valil-D-alanil-D-α-glutamil-D-alanil-D-arginil-D-α-glutamil-D-α-glutamil-D-leucil-D-α-glutamil-D-arginil-D-leucilglycil-D-glutamini-D-alanil-D-arginilglycil-D-α-glutamil-D-leucil-D-lisil-D-lisil-D-triptopfil-D-lisil-D-metionil-D-arginil-D-arginil-D-asparagini-D-glutamini-D-fenilalanil-D-triptofil-D-leucil-D-lisil-D-leucil-D-glutamini-D-arginina



VAEAREELER LEARLGQARG ELKKWKMRRN QFWLKLQR 38

Configuration / Configuration / Configuración

All-D / Tout-D / Todo-D $\overset{\times}{\text{D}}$ (1-38)
D-Xaa

lumrotatugum #

lumrotatug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD38 (ADP-ribosyl cyclase 1, cyclic ADP-ribose hydrolase 1, cADPr hydrolase 1, cADPR1)], humanized monoclonal antibody; gamma1 heavy chain humanized (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-4*08 (83.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-57.96-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-214')-disulfide with kappa light chain humanized (1'-214') [V- KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3D-7*01 (77.1%) -IGKJ2*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 (228-228":231-231")-bisdisulfide, produced in a Chinese hamster ovary (CHO)-derived cell line lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, glycoform alfa

lumrotatug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD38 (ADP-ribosyl cyclase 1, ADP cyclique-ribose hydrolase 1, cADPr hydrolase 1, cADPR1)], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde gamma1 humanisée (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-4*08 (83.5%) -(IGHD) - IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-57.96-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa humanisée (1'-214') [V- KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3D-7*01 (77.1%) -IGKJ2*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 (228-228":231-231")-bisdisulfure, produite dans une lignée cellulaire dérivée des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO) ne présentant pas le gène de la glutamine synthétase (GS-KO), glycoforme alfa

lumrotatug

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD38 (ADP-ribosil ciclase 1, ADP cíclica-ribosa hidrolasa 1, cADPr hidrolasa 1, cADPR1)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada gamma1 humanizada (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-4*08 (83.5%) -(IGHD) - IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-57.96-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3D-7*01 (77.1%) -IGKJ2*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 (228-228":231-231")-bisdisulfuro, producido en una línea celular derivada de las células ováricas de hámster chino (CHO) en ausencia del gen glutamina sintetasa (GS-KO), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QVQLQESGPG LVKPSETLSL TCTVSGFSLT SYGIHWLRQP PGKGLEWIGV 50
 IWRGGSTDYN PSLKSRVTIS KDTSKSQVSL KLSVVTAADT AVYYCAKGV 100
 TTGFYDFDWF QGTLVTVSSA STKGPSVFLP APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
 YFPFVTVSW NSGALTSVGH TFPVAVLQSSG LYSLSVVTV PSSSLGTQTY 200
 ICNVNHPKPN TKVDRKVEFK SCDKTHTCPP CPAPELLGGP SVFLFPPKPK 250
 DTLMIKSRTE VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKFREEQYNS 300
 TYRVVSVLTV LHQDNLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
 YTLPPSREEM TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTPEVL 400
 DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KLSLSLSPGK 449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

EIVMTQSPPT LSLSPGERVT LSCRASEDIY NRLVWYQQKP GQAPRLISG 50
 VTSLETSIPA RFGSGSGGTD YTLTISLSLP EDFAVYYCQQ YWSTPYTPGQ 100
 GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQMKV 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT 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) 22-95 146-202 263-323 369-427
 22"-95" 146"-202" 263"-323" 369"-427"

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

Inter-H-L (h 5-CL 126) 222-214" 222"-214"

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

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal /

Ciclación del glutamínilo N-terminal

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

H VH Q1: 1, 1"

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

H CH2 N84.4: 299, 299"

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

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

H CHS K2: 449, 449"

lunsekimigum # lunsekimig

immunoglobulin single chain of 5 VH (sc-5-VH), anti-[*Homo sapiens* IL13 (interleukin 13, IL-13)], anti-[*Homo sapiens* TSLP (thymic stromal lymphopoietin)] and anti-[*Homo sapiens* ALB (albumin, human serum albumin, HAS)], monoclonal antibody sc-5-VH, humanized and chimeric, trispesific, pentavalent; single chain of 5 VH (sc-5-VH) humanized and chimeric (1-671) [VH anti-IL13 chimeric Vicpac/Homsap (*Vicugna pacos* IGHV3-3*01 (87.6%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (100%)/*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (81.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%), L50>R (45), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112)) (1-123) -35-mer hepta(tetraglycyl-seryl) linker (124-158) -VH anti-IL13 humanized (*Homo sapiens* IGHV3-43*02 (89.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%) W118>R (274), CDR-IMGT [8.8.19] (184-191.209-216.255-273)) (159-284) -9-mer glycyl-bis(triglycyl-seryl) linker (285-293) -VH anti-TSLP chimeric Vicpac/Homsap (*Vicugna pacos* IGHV3S53*01 (76.8%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (100%)/*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (72.9%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), L50>R (338), CDR-IMGT [8.7.11] (319-326.344-350.389-399)) (294-410) -9-mer glycyl-bis(triglycyl-seryl) linker (411-419) -VH anti-ALB humanized (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (88.5%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (81.8%), L50>P (464), W118>S (524), CDR-IMGT [8.8.8] (445-452.470-477.516-523)) (420-534) -9-mer glycyl-bis(triglycyl-seryl) linker (535-543) -VH anti-TSLP chimeric Lamgla/Homsap (*Lama glama* IGHV3S1*01 (88.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (85.7%)/*Homo sapiens* IGHV3-43*02 (82.8%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%), L50>R (590), CDR-IMGT [10.8.18] (569-578.596-603.642-659)) (544-671)], produced in the yeast *Pichia pastoris* (*Komagataella phaffii*), non-glycosylated

lunsékimig

immunoglobuline chaîne unique de 5 VH (sc-5-VH), anti-*Homo sapiens* IL13 (interleukine 13, IL-13), anti-*Homo sapiens* TSLP (lymphopoiétine stromale thymique) et anti-*Homo sapiens* ALB (albumine, sérum albumine humaine, SAH); anticorps monoclonal sc-5-VH, humanisé et chimérique, trispécifique, pentavalent; chaîne unique de 5 VH (sc-5-VH) humanisée et chimérique (1-671) [VH anti-IL13 chimérique Vicpac/Homsap (*Vicugna pacos* IGHV3-3*01 (87.6%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (100%)/*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (81.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%), L50>R (45), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112)) (1-123) -35-mer hepta(tétraglycyl-séryl) linker (124-158) -VH anti-IL13 humanisé (*Homo sapiens* IGHV3-43*02 (89.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%) W118>R (274), CDR-IMGT [8.8.19] (184-191.209-216.255-273)) (159-284) -9-mer glycy-bis(triglycyl-séryl) linker (285-293) -VH anti-TSLP chimérique Vicpac /Homsap (*Vicugna pacos* IGHV3S53*01 (76.8%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (100%)/*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (72.9%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), L50>R (338), CDR-IMGT [8.7.11] (319-326.344-350.389-399)) (294-410) -9-mer glycy-bis(triglycyl-séryl) linker (411-419) -VH anti-ALB humanisé (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (88.5%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (81.8%), L50>P (464), W118>S (524), CDR-IMGT [8.8.8] (445-452.470-477.516-523)) (420-534) -9-mer glycy-bis(triglycyl-séryl) linker (535-543) -VH anti-TSLP chimérique Lamgla/Homsap (*Lama glama* IGHV3S1*01 (88.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (85.7%)/*Homo sapiens* IGHV3-43*02 (82.8%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%), L50>R (590), CDR-IMGT [10.8.18] (569-578.596-603.642-659)) (544-671)], produit dans la levure *Pichia pastoris* (*Komagataella phaffii*), non-glycosylé

lunsekimig

inmunoglobulina cadena única de 5 VH (sc-5-VH), anti-*Homo sapiens* IL13 (interleukina 13, IL-13), anti-*Homo sapiens* TSLP (linfopoyetina estromal tímica) y anti-*Homo sapiens* ALB (albúmina, albúmina sérica humana, SAH); anticuerpo monoclonal sc-5-VH, humanizado y quimérico, trispécífico, pentavalente; cadena única de 5 VH (sc-5-VH) humanizada y quimérica (1-671) [VH anti-IL13 quimérico Vicpac/Homsap (*Vicugna pacos* IGHV3-3*01 (87.6%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (100%)/*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (81.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%), L50>R (45), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112)) (1-123) -35-mer hepta(tetraglicil-seril) enlace (124-158) -VH anti-IL13 humanizado (*Homo sapiens* IGHV3-43*02 (89.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%) W118>R (274), CDR-IMGT [8.8.19] (184-191.209-216.255-273)) (159-284) -9-mer glicil-bis(triglicil-seril) enlace (285-293) -VH anti-TSLP quimérico Vicpac /Homsap (*Vicugna pacos* IGHV3S53*01 (76.8%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (100%)/*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (72.9%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), L50>R (338), CDR-IMGT [8.7.11] (319-326.344-350.389-399)) (294-410) -9-mer glicil-bis(triglicil-seril) enlace (411-419) -VH anti-ALB humanizado (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (88.5%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (81.8%), L50>P (464), W118>S (524), CDR-IMGT [8.8.8] (445-452.470-477.516-523)) (420-534) -9-mer glicil-bis(triglicil-seril) enlace (535-543) -VH anti-TSLP quimérico Lamgla/Homsap (*Lama glama* IGHV3S1*01 (88.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (85.7%)/*Homo sapiens* IGHV3-43*02 (82.8%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%), L50>R (590), CDR-IMGT [10.8.18] (569-578.596-603.642-659)) (544-671)], producido en la levadura *Pichia pastoris* (*Komagataella phaffii*), no glicosilado

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada:
 DVQLVESGGG VVQPGGSLRL SCAASGRFTS SYRMGWRFRQA PGKEREFVAA 50
 LSGDGYSTYT ANSVKGRFTI SRDNSKNTVY LQMNSLRPED TALYYCAARL 100
 QYVGSWSDYD PYWQGGLVTV VSSGGGGSGG GSGGGGGSGG GSGGGGGSGG 150
 GSGGGGGSEV QLVESGGGVV QPQGGSLRSLSC AASGFTFNYY AMKWVRQAPG 200
 KGLEWVSSIT TGGGSTDYAD SVKGRFTISR DNSKNTLYLQ MNSLRPEDTA 250
 LLYCANVFFG YYSEHFSGLS FDIRGQGTLLV TVSSGGGGSGG GGSEVQLVES 300
 GGGVVQPGGS LRLSCAASGS GFGVNILYWY RQAAGIEREL IASITSGGIT 350
 NYVDSVGRKF TISRDNSENT MYLQMNSLRA EDTGLLYCAS RNIFDGTTEW 400
 GQGTLLTVSS GGGGGGGGSE VQLVESGGGV VQPGGSLRSL CAASGFTFRS 450
 FGMWVRQAP GKGPWVWSSI SGGSSDLYA DSVKGRFTIS RDNSKNTLYL 500
 QMNSLRPEDT ALYYCTIGGS LSRSSQGTLLV TVSSGGGGSGG GGSEVQLVES 550
 GGGVVQPGGS LRLSCAASGF TFADYDYDIG WFRQAPGKER EGVVSCISNRD 600
 GSTYYADSVK GRFTISRDN SNTVYLQMNS LRPEDTALYY CAVEIHCDYD 650
 GVNFDFDPW GQGTLLTVSS A 671

Post-translational modifications
 Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
 Intra chain (C23-C104) 22-96 180-254 315-388 441-515 565-641
 Additional intra-VH (C55-C110) 595-647

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

luvagrobartum #
 luvagrobart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* NGF (nerve growth factor, NGFB, nerve growth factor beta polypeptide)], humanized monoclonal antibody;
 gamma1 heavy chain humanized (1-451) [VH (*Homo sapiens*IGHV4-38-2*02 (80.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.15] (26-33.51-57.96-110))] (1-121) -*Homo sapiens*IGHG1*01 (100%), G1m17,1, CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 K120 (218) (122-219), hinge 1-15 (220-234), CH2 L1.3>A (238), L1.2>A (239)(235-344), CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-214')-disulfide with kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-39*01 (86.3%) -IGKJ2*02 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimer (230-230":233-233")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa

luvagrobart

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* NGF (facteur de croissance du nerf, NGFB, polypeptide bêta du facteur de croissance du nerf)], anticorps monoclonal humanisé;
 chaîne lourde gamma1 humanisée (1-451) [VH (*Homo sapiens*IGHV4-38-2*02 (80.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.15] (26-33.51-57.96-110))] (1-121) -*Homo sapiens*IGHG1*01 (100%), G1m17,1, CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 K120 (218) (122-219), charnière 1-15 (220-234), CH2 L1.3>A (238), L1.2>A (239)(235-344), CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-39*01 (86.3%) -IGKJ2*02 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimère (230-230":233-233")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

luvagrobart

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* NGF (factor de crecimiento nervioso, NGFB, polipéptido beta del factor de crecimiento nervioso)], anticuerpo monoclonal humanizado;
 cadena pesada gamma1 humanizada (1-451) [VH (*Homo sapiens*IGHV4-38-2*02 (80.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.15] (26-33.51-57.96-110))] (1-121) -*Homo*

sapiens IGHG1*01 (100%), G1m17,1, CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 K120 (218) (122-219), bisagra 1-15 (220-234), CH2 L1.3>A (238), L1.2>A (239)(235-344), CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-214'))-disulfuro con la cadena ligera kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (86.3%) -IGKJ2*02 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01(100%), Km3, A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dímero (230-230":233-233")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QVQLQESGPG LVKPSETLSL TCTVSGFDLS GYDLNWIRQP PGKGLEWIGI 50
VWGDGSSDYN SAVKSRVITL KDTSKNQFSL KLSVTAADT AVYYCVRGGY 100
WYATSYFYFDY WQGGTLVTVS SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV 150
KDYFPEPVTV SWNSGALTSV VHTFPAVLQS SGLYSLSSVV TTPSSSLGTQ 200
TYICNVNHKPK SNTKVDKQVE PKSCDKTHTC PPCPAPEAAG GPSVFLFPPK 250
PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKGQPREP 350
VLYDTPPSRD ELTKNQVSLT CLVKGFYPSD IAEWEWSNGQ PENNYKTPPP 400
QLDSDGSFFL YSKLTVDKSR WQQGNVFSCS VMHEALHNNH TQKSLSLSPG 450
K 451

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

DIQMTQSPSS LSAGVGDRTV ITCRASESIS SNLNWYQQKPK GKAPKLLIYY 50
TSRFHSGVPS RFGSGSGSDT FTFITISLQP EDIATYYCQQ EHTLPFTFGQ 100
GTKLEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQNKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-95 148-204 265-325 371-429
22"-95" 148"-204" 265"-325" 371"-429"

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

Inter-H-L (h 5-CL 126) 224-214' 224"-214"

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

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal /

Ciclación del glutamilo N-terminal

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

H VH Q1: 1, 1"

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

H CH2 N84.4: 301, 301"

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

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

luxdegalutamidum

luxdegalutamide

(8³S)-N-[[1*r*,3*S*]-3-(4-cyano-3-methoxyphenoxy)-2,2,4,4-tetramethylcyclobutyl]-5³-fluoro-6,8²,8⁶-trioxo-7-aza-4(1,4)-piperazina-2(1,4),8(3)-dipiperidina-1(1),5(1,4)-dibenzenaoctaphane-1⁴-carboxamide

luxdégalutamide

(8³S)-N-[[1*r*,3*S*]-3-(4-cyano-3-méthoxyphénoxy)-2,2,4,4-tétraméthylcyclobutyl]-5³-fluoro-6,8²,8⁶-trioxo-7-aza-4(1,4)-pipérazina-2(1,4),8(3)-dipéridina-1(1),5(1,4)-dibenzénaoctaphane-1⁴-carboxamide

luxdegalutamida

(8³S)-N-[[1*r*,3*S*]-3-(4-clano-3-metoxifenoxi)-2,2,4,4-tetrametilciclobutil]-5³-fluoro-6,8²,8⁶-trioxo-7-aza-4(1,4)-piperazina-2(1,4),8(3)-dipiperidina-1(1),5(1,4)-dibenzenaoctafano-1⁴-carboxamida

methylcytidyl-(3'→5')-2'-O-methyl-*P*-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-methyl-*P*-thioadenylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenosine duplex with *all-P-ambo*-2'-O-methyl-*P*-thiouridylyl-(5'→3')-2'-O-methyl-*P*-thioguanilyl-(5'→3')-2'-O-methylcytidyl-(5'→3')-2'-O-methylcytidyl-(5'→3')-2'-O-methylguanylyl-(5'→3')-2'-O-methyladenylyl-(5'→3')-2'-O-methyluridylyl-(5'→3')-2'-deoxyguanylyl-(5'→3')-2'-O-methylcytidyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluorouridylyl-(5'→3')-2'-O-methyluridylyl-(5'→3')-thymidylyl-(5'→3')-2'-O-methyluridylyl-(5'→3')-2'-O-methyladenylyl-(5'→3')-2'-O-methylguanylyl-(5'→3')-2'-O-methylguanylyl-(5'→2')-1-de-β-D-ribofuranosyl-1-[(2*S*)-2,3-dihydroxypropyl]-5-methyluridylyl-(3'→3')-2'-O-methyluridylyl-(5'→3')-2'-O-methylguanylyl-(5'→3')-2'-O-methylguanylyl-(5'→3')-2'-O-methyl-*P*-thioadenylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoro-*P*-thiouridylyl(5'→3')-1-de-β-D-ribofuranosyl-1-[(2*R*,3*R*,4*R*,5*R*)-5-[(1*E*)-2-phosphonoethen-1-yl]-4-hydroxy-3-methoxyoxolan-2-yl]uridine

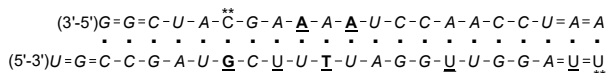
mivelsiran

tout-P-ambo-2'-O-méthyl-*P*-thioguanilyl-(3'→5')-2'-O-méthyl-*P*-thioguanilyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-hexadécylcytidyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-désoxadénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-désoxadénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-O-méthyl-*P*-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-méthyl-*P*-thioadénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénosine duplex avec *tout-P-ambo*-2'-O-méthyl-*P*-thiouridylyl-(5'→3')-2'-O-méthyl-*P*-thioguanilyl-(5'→3')-2'-O-méthylcytidyl-(5'→3')-2'-O-méthylcytidyl-(5'→3')-2'-O-méthylguanylyl-(5'→3')-2'-O-méthyladénylyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridylyl-(5'→3')-2'-désoxyguanylyl-(5'→3')-2'-O-méthylcytidyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluorouridylyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridylyl-(5'→3')-thymidylyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridylyl-(5'→3')-2'-O-méthyladénylyl-(5'→3')-2'-O-méthylguanylyl-(5'→3')-2'-O-méthylguanylyl-(5'→2')-1-dé-β-D-ribofuranosyl-1-[(2*S*)-2,3-dihydroxypropyl]-5-méthyluridylyl-(3'→3')-2'-O-méthyluridylyl-(5'→3')-2'-O-méthylguanylyl-(5'→3')-2'-O-méthylguanylyl-(5'→3')-2'-O-méthyl-*P*-thioadénylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoro-*P*-thiouridylyl-(5'→3')-1-dé-β-D-ribofuranosyl-1-[(2*R*,3*R*,4*R*,5*R*)-5-[(1*E*)-2-phosphonoéthén-1-yl]-4-hydroxy-3-méthoxyoxolan-2-yl]uridine

mivelsirán

todo-P-ambo-2'-O-metil-*P*-tioguanilil-(3'→5')-2'-O-metil-*P*-tioguanilil-(3'→5')-2'-O-metilcitiidilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-hexadecilcitiidilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-desoxiadenilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-desoxiadenilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metilcitiidilil-(3'→5')-2'-O-metilcitiidilil-(3'→5')-2'-O-metiladenylyl-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metilcitiidilil-(3'→5')-2'-O-metilcitiidilil-(3'→5')-2'-O-metil-*P*-tiouridilil-(3'→5')-2'-O-metil-*P*-tioadenilil-(3'→5')-2'-O-metiladenosina dúplex con *todo-P-ambo*-2'-O-metil-*P*-tiouridilil-(5'→3')-2'-O-metil-*P*-tioguanilil-(5'→3')-2'-O-metilcitiidilil-(5'→3')-2'-O-metilcitiidilil-(5'→3')-2'-O-metilguanilil-(5'→3')-2'-O-metiladenilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-2'-O-

desoxiguanilil-(5'→3')-2'-O-metilcitolidilil-(5'→3')-2'-desoksi-2'-fluorouridilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-timidilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-2'-O-metiladenilil-(5'→3')-2'-O-metilguanilil-(5'→3')-2'-O-metilguanilil-(5'→2')-1-des-β-D-ribofuranosil-1-[(2S)-2,3-dihidroxipropil]-5-metiluridilil-(3'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-2'-O-metilguanilil-(5'→3')-2'-O-metilguanilil-(5'→3')-2'-O-metil-*P*-tioadenilil-(5'→3')-2'-desoksi-2'-fluoro-*P*-tiouridilil-(5'→3')-1-des-β-D-ribofuranosil-1-[(2*R*,3*R*,4*R*,5*R*)-5-[(1*E*)-2-fosfonoeten-1-il]-4-hidroxi-3-metoxioxolan-2-il]uridina



N : A, C, G, T, U

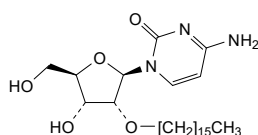
\bar{N} : 2'-O-methyl-N / 2'-O-méthyl-N / 2'-O-metil-N

\underline{N} : 2'-deoxy-N / 2'-désoxy-N / 2'-desoxi-N

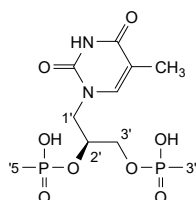
$\bar{\underline{N}}$: 2'-deoxy-2'-fluoro-N / 2'-désoxy-2'-fluoro-N / 2'-desoxi-2'-fluoro-N

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

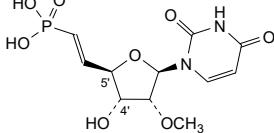
**C :



'5-2'U3'-3' :



U :



monlunabantum

monlunabant

N-(*N*-{(Ξ)-[(4*S*)-3-(4-chlorophenyl)-4-phenyl-4,5-dihydro-1*H*-pirazol-1-yl][4-(trifluorometil)benzene-1-sulfonamido]metilideno}carbamiimidoyl)acetamide

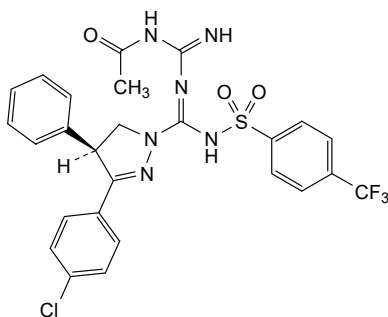
monlunabant

N-(*N*-{(Ξ)-[(4*S*)-3-(4-clorofenil)-4-fenil-4,5-dihidro-1*H*-pirazol-1-yl][4-(trifluorometil)benzene-1-sulfonamido]metilideno}carbamiimidoyl)acetamide

monlunabant

N-(*N*-{(Ξ)-[(4*S*)-3-(4-clorofenil)-4-fenil-4,5-dihidro-1*H*-pirazol-1-il][4-(trifluorometil)benzene-1-sulfonamido]metilideno}carbamiimidoyl)acetamida

C₂₆H₂₂ClF₃N₆O₃S



mosnodenvirum

mosnodenvir

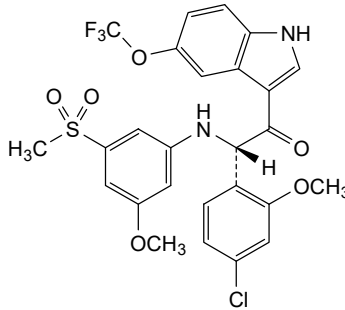
(2*S*)-2-(4-chloro-2-methoxyphenyl)-2-[3-(methanesulfonyl)-5-methoxyanilino]-1-[5-(trifluoromethoxy)-1*H*-indol-3-yl]éthan-1-one

mosnodenvir

(2*S*)-2-(4-chloro-2-méthoxyphényl)-2-[3-(méthanesulfonyl)-5-méthoxyanilino]-1-[5-(trifluorométhoxy)-1*H*-indol-3-yl]éthan-1-one

mosnodenvir

(2*S*)-2-(4-cloro-2-metoxifenil)-2-[3-(metanosulfonil)-5-metoxianilino]-1-[5-(trifluorometoxi)-1*H*-indol-3-il]jetan-1-ona



nedometinibum

nedometinib

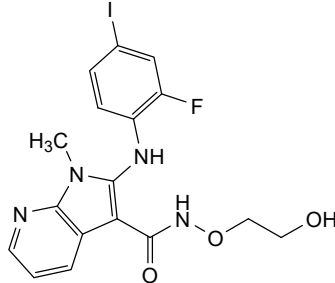
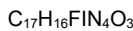
2-(2-fluoro-4-iodoanilino)-*N*-(2-hydroxyethoxy)-1-methyl-1*H*-pyrrolo[2,3-*b*]pyridine-3-carboxamide

nédométinib

2-(2-fluoro-4-iodoanilino)-*N*-(2-hydroxyéthoxy)-1-méthyl-1*H*-pyrrolo[2,3-*b*]pyridine-3-carboxamide

nedometinib

2-(2-fluoro-4-iodoanilino)-*N*-(2-hidroxiétoxi)-1-metil-1*H*-pirrolo[2,3-*b*]piridina-3-carboxamida



negalstobartum #

negalstobart

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* LAG3 (lymphocyte activating 3, lymphocyte-activation 3, CD223)], *Homo sapiens* monoclonal antibody; gamma4 heavy chain *Homo sapiens* (1-446) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-39*01 (96.0%) -(IGHD) -

	<p>IGHJ3*02 (100%), CDR-IMGT [10.7.12] (26-35.53-59.98-109)) (1-120)-<i>Homo sapiens</i> IGHG4*01, <i>nG4m(a)</i> CH2 L92, G4v5 h P10, G4v4 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 (121-218), hinge 1-12 S10>P (228) (219-230), CH2 F1.3>A (234), L1.2>A (235), L92 (309) (231-340), CH3 (341-445), CHS K2>del (446)) (121-446)], (134-215')-disulfide with kappa light chain <i>Homo sapiens</i> (1'-215') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-33*01 (96.8%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.10] (27'-32'.50'-52'.89'-98')) (1'-108') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (154'), V101 (192') (109'-215'))]; dimer (226-226":229-229")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO)-K1SV cell line lacking the glutamine synthetase gene (GS-KO), glycoform alfa</p>
négalstobart	<p>immunoglobuline G4-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> LAG3 (activateur 3 des lymphocytes, lymphocyte-activation 3, CD223)], anticorps monoclonal <i>Homo sapiens</i>; chaîne lourde gamma4 <i>Homo sapiens</i> (1-446) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV4-39*01 (96.0%) -(IGHD) - IGHJ3*02 (100%), CDR-IMGT [10.7.12] (26-35.53-59.98-109)) (1-120)-<i>Homo sapiens</i> IGHG4*01, <i>nG4m(a)</i> CH2 L92, G4v5 h P10, G4v4 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 (121-218), charnière 1-12 S10>P (228) (219-230), CH2 F1.3>A (234), L1.2>A (235), L92 (309) (231-340), CH3 (341-445), CHS K2>del (446)) (121-446)], (134-215')-disulfure avec la chaîne légère kappa <i>Homo sapiens</i> (1'-215') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-33*01 (96.8%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.10] (27'-32'.50'-52'.89'-98')) (1'-108') -<i>Homo sapiens</i> 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) lignée cellulaire CHO-K1SV ne présentant pas le gène de la glutamine synthétase (GS-KO), glycoforme alfa</p>
negalstobart	<p>immunoglobulina G4-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> LAG3 (activador 3 de los linfocitos, linfocito-activación 3, CD223)], anticuerpo monoclonal <i>Homo sapiens</i>; cadena pesada gamma4 <i>Homo sapiens</i> (1-446) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV4-39*01 (96.0%) -(IGHD) - IGHJ3*02 (100%), CDR-IMGT [10.7.12] (26-35.53-59.98-109)) (1-120)-<i>Homo sapiens</i> IGHG4*01, <i>nG4m(a)</i> CH2 L92, G4v5 h P10, G4v4 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 (121-218), bisagra 1-12 S10>P (228) (219-230), CH2 F1.3>A (234), L1.2>A (235), L92 (309) (231-340), CH3 (341-445), CHS K2>del (446)) (121-446)], (134-215')-disulfuro con la cadena ligera kappa <i>Homo sapiens</i> (1'-215') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-33*01 (96.8%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.10] (27'-32'.50'-52'.89'-98')) (1'-108') -<i>Homo sapiens</i> 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) línea celular CHO-K1SV en ausencia del gen glutamina sintetasa (GS-KO), forma glicosilada alfa</p>

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
 QLQLQESGPG LVKPSSETLSL TCTVSGGSIY SESYWGWIW QPPGKLEWI 50
 GSIYVSGYTY YNPSLKSRTV ISVDTSKNQF SLKLSSTVTA DTAVVYCARV 100
 RTWDAAFDIW GQGTMTVTVSS ASTKGPSVFP LAPCSRSTSE STAAALGCLVK 150
 DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTKT 200
 YTCNVDHKPS NTKVDRKVES KYGPPCPPCP APEAAGGPSV FLFPPKPKDT 250
 LMISRTPEVT CVVVDVSDQED PEVQFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQFNSTY 300
 RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKGLPS SLEKTIKAK GQPREPQVYT 350
 LFPSQEEMTK NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTTTPPVLD 400
 DGSFFLYSRL TVDKSRWQEG NVFSCSMHE ALHNHYTQKS LLSLSLG 446

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
 DIQMTQSPSS LSASVGDRTV ITCAQASQDIS NYLNWYQQK GKAPKLLIYD 50
 ASNLETGVPS RFSGSGSGTD FTFITISLQP EDIATYYCQQ VLELPPWTFG 100
 GGTKVEIKRT VAAPSVFIFP PSDEQLKSGT ASVVCCLNPF YPREAKVQWK 150
 VDNALQSGNS QESVTEQDSK DSTYLSLSTL TSKADYEEK KVVACEVTHQ 200
 GLSSPVTKSF NRGEC 215

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-97 147-203 261-321 367-425
 22"-97" 147"-203" 261"-321" 367"-425"

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

Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 134-215' 134"-215"

Inter-H-H (h 8, h 11) 226-226" 229-229"

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal /

Ciclación del glutaminilo N-terminal

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

piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)

H VH Q1: 1, 1"

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

H CH2 N84.4: 297, 297"

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

complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados.

nelmastobartum #
 nelmastobart

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* BTN1A1 (butyrophilin subfamily 1 member A1)], humanized monoclonal antibody;
 gamma4 heavy chain humanized (1-452) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-46*01 (84.7%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (92.9%) M123>T (120), CDR-IMGT [8.8.18] (26-33.51-58.97-114)) (1-125)-*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10 (CH1 (126-223), hinge 1-12 S10>P (233) (224-235), CH2 L92 (314) (236-345), CH3 (346-450), CHS (451-452)) (126-452)], (139-214')-disulfide with kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (85.3%) -IGKJ2*01 (90.9%) K123>E (103'), 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 (231-231":234-234")-bisdisulfide, produced in a Chinese hamster ovary (CHO)-derived cell line lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, glycoform alfa

nelmastobart

immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* BTN1A1 (membre A1 de la sous-famille 1 de la butyrophiline)], anticorps monoclonal humanisé;
 chaîne lourde gamma4 humanisée (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (84.7%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (92.9%) M123>T (120), CDR-IMGT [8.8.18] (26-33.51-58.97-114)) (1-125)-*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10 (CH1 (126-223), charnière 1-12 S10>P (233) (224-235), CH2 L92 (314) (236-345), CH3 (346-450), CHS (451-452)) (126-452)], (139-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (85.3%) -IGKJ2*01 (90.9%) K123>E (103'), 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 (231-231":234-234")-bisdisulfure, produite dans une lignée cellulaire dérivée des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO) ne présentant

pas le gène de la glutamine synthétase (GS-KO), glycoforme alfa

nelmastobart

inmunoglobulina G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* BTN1A1 (miembro A1 de la subfamilia 1 de la butirofilina)], anticuerpo monoclonal humanizado;
cadena pesada gamma4 humanizada (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (84.7%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (92.9%) M123>T (120), CDR-IMGT [8.8.18] (26-33.51-58.97-114)) (1-125)-*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10 (CH1 (126-223), bisagra 1-12 S10>P (233) (224-235), CH2 L92 (314) (236-345), CH3 (346-450), CHS (451-452)) (126-452)], (139-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (85.3%) -IGKJ2*01 (90.9%) K123>E (103'), 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 (231-231":234-234")-bisdisulfuro, producido en una línea celular derivada de las células ováricas de hámster chino (CHO) en ausencia del gen glutamina sintetasa (GS-KO), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QVQLVQSGAE	VKKPGASVKV	SCKASGYTFT	HYNMDWVRQA	PGGGLEWIGY	50
IYPSNGGTGY	NQKFKSRVMT	TVDKSTSTAY	MELSSLRSEED	TAVYYCARGA	100
YHGGSSYAYW	YFDVWQGGTT	VTVSSASTRG	PSVFPFLAPCS	RSTSESTAAL	150
GCLVKDYFPE	PVTVSWNSGA	LTSGVHTFPA	VLQSSGLYSL	SSVTVTPSSS	200
LGTKTYTCNV	DHKPSNTKVD	KRVESKYGPP	CPPCPAPEFL	GGPSVFLFPP	250
KPKDTLMISR	TPEVTCVVVD	VSQEDPEVQF	NWYVDGVEVH	NAKTKPREEQ	300
FNSTYRVVSV	LTVLHQDWLN	GKEYKCKVSN	KGLPSSIEKT	ISKAKGQPRE	350
PQVYTLPPSQ	EEMTKNQVSL	TCLVKGFYPS	DIAVEWESNG	QPENNYKTPP	400
PVLDSDGSFF	LYSRLTVDKS	RWQEGNVFSC	SVMHEALHNN	YTQKSLSLSL	450
GK					452

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

DIQMTQSPSS	LSASVGRVT	ITCSASQDIS	NYLNWYQKPK	GKAVKLLISY	50
TSSLIHSGVPS	RFGSGSGSDT	YFTPISSLQP	EDIATYYCQQ	SSKLPFFFGQ	100
GTELEIKRVT	AAPSVFIIPP	SDEQLKSGTA	SVVCLLNIFY	PREAKVQKWV	150
DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD	STYLSSTLT	LSKADYEKHK	VYACEVTHQG	200
LSSPVTKSFM	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	266-326	372-430
	22"-96"	152"-208"	266"-326"	372"-430"
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 (h 8, h 11)	231-231"	234-234"		

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal /

Ciclación del glutaminilo N-terminal

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

piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)

H VH Q1: 1, 1"

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

H CH2 N84.4: 302, 302"

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

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

H CHS K2: 452, 452"

nerandomilastum

nerandomilast

(5R)-2-[4-(5-chloropyrimidin-2-yl)piperidin-1-yl]-4-[[1-(hydroxymethyl)cyclobutyl]amino]-6,7-dihydro-5H-5λ⁴-thieno[3,2-d]pyrimidin-5-one

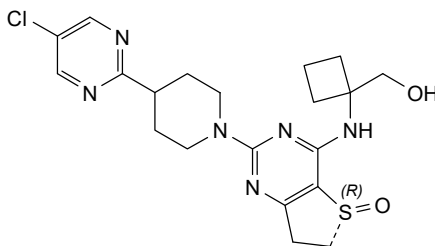
nérandomilast

(5R)-2-[4-(5-chloropyrimidin-2-yl)pipéridin-1-yl]-4-[[1-(hydroxyméthyl)cyclobutyl]amino]-6,7-dihydro-5H-5λ⁴-thiéno[3,2-d]pyrimidin-5-one

nerandomilast

(5*R*)-2-[4-(5-cloropirimidin-2-il)piperidin-1-il]-4-[[1-(hidroximetil)ciclobutil]amino]-6,7-dihidro-5*H*-5*λ*⁴-tieno[3,2-*d*]pirimidin-5-ona

C₂₀H₂₅ClN₆O₂S

**nerigliatinum**

nerigliatin

N,N-dimethyl-5-({2-metil-6-[(5-metilpirazin-2-yl)carbamoil]-1-benzofuran-4-yl}oxy)pirimidine-2-carboxamide

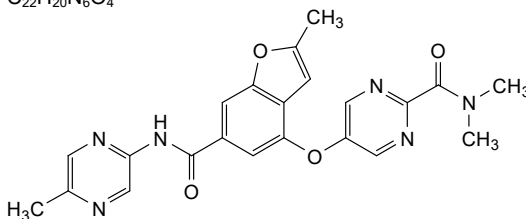
nérigliatine

N,N-diméthyl-5-({2-méthyl-6-[(5-méthylpirazin-2-yl)carbamoil]-1-benzofuran-4-yl}oxy)pirimidine-2-carboxamide

nerigliatina

N,N-dimetil-5-({2-metil-6-[(5-metilpirazin-2-il)carbamoil]-1-benzofuran-4-il}oxi)pirimidina-2-carboxamida

C₂₂H₂₀N₆O₄

**nesvategrastum**

nesvategrast

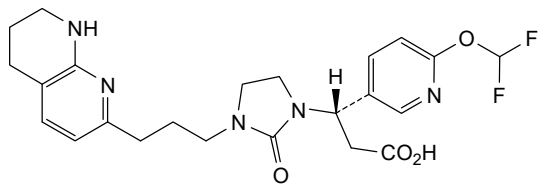
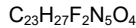
(3*S*)-3-[6-(difluorometoxy)piridin-3-yl]-3-[2-oxo-3-[3-(5,6,7,8-tetrahidro-1,8-naphtiridin-2-yl)propil]imidazolidin-1-yl]propanoic acid

nesvatégrast

ácido (3*S*)-3-[6-(difluorométoxi)piridin-3-yl]-3-[2-oxo-3-[3-(5,6,7,8-tétrahidro-1,8-naphtiridin-2-yl)propil]imidazolidin-1-yl]propanoïque

nesvategrast

ácido (3*S*)-3-[6-(difluorometoxi)piridin-3-il]-3-[2-oxo-3-[3-(5,6,7,8-tetrahidro-1,8-naftiridin-2-il)propil]imidazolidin-1-il]propanoico

**nevadistinelum**

nevadistinel

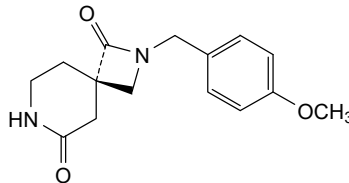
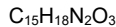
(4S)-2-[[4-methoxyphenyl)methyl]-2,7-diazaspiro[3.5]nonane-1,6-dione

névadistinel

(4S)-2-[[4-méthoxyphényl)méthyl]-2,7-diazaspiro[3.5]nonane-1,6-dione

nevadistinel

(4S)-2-[[4-metoxifenil)metil]-2,7-diazaespiro[3.5]nonano-1,6-diona

**nezastomigum #**

nezastomig

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* FOLH1 (folate hydrolase, prostate specific membrane antigen, PSMA)] and anti-[*Homo sapiens* CD28 (T cell specific surface glycoprotein CD28, TP44)], *Homo sapiens* monoclonal antibody, bispecific, bivalent; gamma4 heavy chain anti-FOLH1 *Homo sapiens* (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*03 (90.8%) -(IGHD) - IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124)-*Homo sapiens* IGHG4*01, G4v5 h P10,nG4m(a) CH2 L92, G4v7 CH2 delE1.4, P1.3, V1.2, A1.1 (CH1 (125-222), hinge 1-12 S10>P (232) (223-234), CH2 E1.4>del, F1.3>P (237), L1.2>V (238), G1.1>A (239), L92 (312) (235-343), CH3 (344-448), CHS (449-450)) (125-450)], (138-215')-disulfide with kappa light chain *Homo sapiens* (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (100%) -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')];

gamma4 heavy chain anti-CD28 *Homo sapiens* (1"-448") [VH (*Homo sapiens* IGHV4-59*01 (96.9%) -(IGHD) - IGHJ6*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.16] (26"-33".51"-57".96"-111")) (1"-122")-*Homo sapiens* IGHG4*01, G4v5 h P10,nG4m(a) CH2 L92, G4v7 CH2 delE1.4, P1.3, V1.2, A1.1, G4v8 CH3 R115, F116, P125 (CH1 (123"-220"), hinge 1-12 S10>P (230") (221"-232"), CH2 E1.4>del, F1.3>P (235"), L1.2>V (236"), G1.1>A (237"), L92 (310"))

	<p>(233"-341"), CH3 H115>R (436"), Y116>F (437"), L125>P (446") (342"-446"), CHS (447"-448") (123"-448"), (136"-215'")-disulfide with kappa light chain <i>Homo sapiens</i> (1'"-215'") [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV3-20*01 (100%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [7.3.9] (27'"-33'" 51'"-53'" 90'"-98'")) (1'"-108'") -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (154'"), V101 (192'") (109'"-215'"); dimer (230-228":233-231")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa</p>
<p>nézastomig</p>	<p>immunoglobuline G4-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> FOLH1 (folate hydrolase, antigène membranaire spécifique de la prostate, PSMA)] et anti-[<i>Homo sapiens</i> CD28 (glycoprotéine de surface CD28 spécifique des cellules T, TP44)], anticorps monoclonal <i>Homo sapiens</i>, bispécifique, bivalent;</p> <p>chaîne lourde gamma4 anti-FOLH1 <i>Homo sapiens</i> (1-450) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-30*03 (90.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124)-<i>Homo sapiens</i> IGHG4*01, G4v5 h P10,nG4m(a) CH2 L92, G4v7 CH2 delE1.4, P1.3, V1.2, A1.1 (CH1 (125-222), charnière 1-12 S10>P (232) (223-234), CH2 E1.4>del, F1.3>P (237), L1.2>V (238), G1.1>A (239), L92 (312) (235-343), CH3 (344-448), CHS (449-450) (125-450)), (138-215')-disulfure avec la chaîne légère kappa <i>Homo sapiens</i> (1'-215') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV3-20*01 (100%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [7.3.9] (27'-33'.51'-53'.90'-98')) (1'-108') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (154'), V101 (192') (109'-215')];</p> <p>chaîne lourde gamma4 anti-CD28 <i>Homo sapiens</i> (1"-448") [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV4-59*01 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.16] (26"-33".51"-57".96"-111'')) (1"-122'")-<i>Homo sapiens</i> IGHG4*01, G4v5 h P10,nG4m(a) CH2 L92, G4v7 CH2 delE1.4, P1.3, V1.2, A1.1, G4v8 CH3 R115, F116, P125 (CH1 (123"-220'"), charnière 1-12 S10>P (230'") (221"-232'"), CH2 E1.4>del, F1.3>P (235'"), L1.2>V (236'"), G1.1>A (237'"), L92 (310'") (233"-341'"), CH3 H115>R (436'"), Y116>F (437'"), L125>P (446'") (342"-446'"), CHS (447"-448'") (123"-448'"), (136"-215'")-disulfure avec la chaîne légère kappa <i>Homo sapiens</i> (1'"-215'") [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV3-20*01 (100%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [7.3.9] (27'"-33'" 51'"-53'" 90'"-98'")) (1'"-108'") -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (154'"), V101 (192'") (109'"-215'"); dimère (230-228":233-231")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa</p>
<p>nezastomig</p>	<p>inmunoglobulina G4-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> FOLH1 (folato hidrolasa, antígeno membranario específica de la próstata, PSMA)] y anti-[<i>Homo sapiens</i> CD28 (glicoproteína de superficie CD28 específica de las células T, TP44)], anticuerpo monoclonal <i>Homo sapiens</i>, biespecífico, bivalente;</p> <p>cadena pesada gamma4 anti-FOLH1 <i>Homo sapiens</i> (1-450) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-30*03 (90.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124)-<i>Homo sapiens</i> IGHG4*01, G4v5 h P10,nG4m(a) CH2 L92, G4v7 CH2 delE1.4, P1.3, V1.2,</p>

A1.1 (CH1 (125-222), bisagra 1-12 S10>P (232) (223-234), CH2 E1.4>del, F1.3>P (237), L1.2>V (238), G1.1>A (239), L92 (312) (235-343), CH3 (344-448), CHS (449-450) (125-450)), (138-215')-disulfuro con la cadena ligera kappa *Homo sapiens* (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (100%) -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')]; cadena pesada gamma4 anti-CD28 *Homo sapiens* (1''-448'') [VH (*Homo sapiens* IGHV4-59*01 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.16] (26''-33''.51''-57''.96''-111'')] (1''-122'')-*Homo sapiens* IGHG4*01, G4v5 h P10,nG4m(a) CH2 L92, G4v7 CH2 delE1.4, P1.3, V1.2, A1.1, G4v8 CH3 R115, F116, P125 (CH1 (123''-220''), bisagra 1-12 S10>P (230'') (221''-232''), CH2 E1.4>del, F1.3>P (235''), L1.2>V (236''), G1.1>A (237''), L92 (310'') (233''-341''), CH3 H115>R (436''), Y116>F (437''), L125>P (446'') (342''-446''), CHS (447''-448'')) (123''-448''), (136''-215'')-disulfuro con la cadena ligera kappa *Homo sapiens* (1''-215'') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (100%) -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'')]; dímero (230-228':233-231'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: anti-FOLH1 (H)

QVQLVESGGG	VQPGKSLRL	SCAASGFTFS	SYGMHWVWQA	PGKLEWVAF	50
MSYDSSNKFY	SDSVKGRFTI	SRDNSRKMFL	LQMNLRRAED	TAVYICARDQ	100
YYDFLTDRGV	FDYWGQGTILV	TVSSASFKGF	SVFLAFCRSR	STSESTALGL	150
CLVKDYFPEE	VTVSNNSGAL	TSGVHTFPFV	LQSSGLYSLS	SVVTVFSSSL	200
GTKTYTCNVD	HKPSNNTKVDK	RVESKYGPCC	PCCPAPPVAG	PSVFLFPKPK	250
KDTLMISRTP	EVTCTVVVDVS	QEDPEVQFNW	YDGVVHNA	KTKPREEQFN	300
STYRVSVLTV	VLHQDNLNGK	EYCKVSNKNG	LPSSEIKTIS	KAKGQPREPQ	350
VYTLPPSQEE	MTKNQVSLTC	LVKGFYPSDI	AVEWESNGQP	ENNYKTPPVV	400
LSDSGSFFLY	SRLTVDKSRW	QEGNVFSCSV	MHEALHNHYT	QKSLSLSLGK	450

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: anti-CD28 (H')

QVQLQESGPG	LVPKSETLSL	TCTVSGGSIS	SYVSWIRQF	PGKLEWIGY	50
IYYSGITHTY	PSLKSRTVIS	VDTSKIQFSL	KLSSVTAADT	AVYICARWV	100
RRDYIYYGMD	VWQGGTIVTV	SSASTKGPSV	FPLAFCRSR	SESTALGLCL	150
VKDYFPEEPT	VSNNSGALTS	GVHTFPFV	LQSSGLYSLS	VTVFSSSLGT	200
KTYTCNVDHK	FSNNTKVDKRV	ESKYGPPCCP	CPAPPVAGPS	VFLFPPKPKD	250
TLMISRTPPE	TCVVVDVSQE	DPEVQFNWIV	DGVVHNAKT	KPREEQFNST	300
YRVVSVLTVL	HQDNLNGKEY	KCKVSNKGLP	SSEIKTISKA	KGQPREPQVY	350
TLPPSQEEMT	KNQVSLTCLV	KGYFSPDIAV	EWESNGQPEV	NYKTPPVFLD	400
SDSGSFFLYSR	LTVDKSRWQE	GNVFCSSVMH	EALHNHRTQK	SLSLSPGK	448

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

EIVLTQSPGT	LSLSPGERAT	LSCRASQSVS	SSYLAWYQQK	PGQAPRLLIY	50
GASSRATGIP	DRFSGSGSGT	DFLTLTISRLE	PEDFAVYYCQ	QYGSFPWTFG	100
QGTKVEIKRT	VAAPSVFIFP	PSDEQLKSGT	ASVVCCLNNF	YPREAKVQWK	150
VDNALQSGNS	QESVTEQDSK	DSTYLSLSTL	TLSKADYEKH	KVYACEVTHQ	200
GLSSPVTKSF	NRGEC				215

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-96 151-207 264-324 370-428

22'-95'' 149''-205'' 262''-322'' 368''-426''

Intra-L (C23-C104) 23'-89'' 135''-195''

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

Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 138-215' 136"-215"

Inter-H-H (h 8, h 11) 230-228" 233-231"

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

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

(pE, 5-oxoprolilo)

H VH Q1: 1, 1"

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

H CH2 N84.4: 300, 298"

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

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

H CHS K2: 450, 448"

nimatpagenum pariparovecum #

nimatpagene pariparovec

recombinant, non-replicating adeno-associated virus serotype 3B (rAAV3B) vector, encoding a shortened version of the human copper-transporting ATPase 2 (ATP7B) (also known as ATPase copper-transporting beta, Wilson disease-associated protein) which is devoid of the first four of the six metal binding sites (MBS) (mini-ATP7B), under control of a liver specific human alpha-1 antitrypsin (AAT) promoter and a synthetic polyadenylation sequence derived from the polyadenylation signal of the rabbit β -globin gene, and flanked by adeno-associated virus 2 (AAV2) inverted terminal repeats (ITRs)

nimatpagène pariparovec

vecteur recombinant non répliquant du virus adéno-associé de sérotype 3B (rAAV3B) codant une version raccourcie (mini-ATP7B) de l'ATPase 2 (ATP7B) humaine transportant le cuivre (également connue sous le nom d'ATPase bêta transportant le cuivre, protéine associée à la maladie de Wilson) dépourvue des quatre premiers des six sites de liaison aux métaux (MBS), sous le contrôle d'un promoteur de l'antitrypsine alpha-1 humaine (AAT) spécifique du foie et d'une séquence de polyadénylation (polyA) synthétique dérivée du signal polyA du gène de la β -globine de lapin, et flanquée de répétitions terminales inversées (ITR) du virus adéno-associé 2 (AAV2)

nimatpagén pariparovec

vector de virus adenoasociado del serotipo 3B recombinante (rAAV3B), no replicativo, que codifica para una versión recortada de la ATPasa transportadora de cobre 2 (ATP7B) humana (también conocida como ATPasa transportadora de cobre beta, proteína asociada a la enfermedad de Wilson) a la cual le faltan los primeros cuatro de los seis sitios de unión al metal (MBS) (mini-ATP7B), bajo el control de un promotor específico de hígado de la alfa-1 antitripsina (AAT) humana y una secuencia de poliadenilación (poliA) sintética derivada de la señal poliA del gen de la β -globina de conejo, y flanqueado por repeticiones terminales invertidas (ITRs) del virus adenoasociado 2 (AAV2)

nisotirostidum

nisotirostide

L-prolyl-L-lysyl-L-prolyl-L- α -glutamyl-N⁶-[N-(17-carboxyheptadecanoyl)-L- γ -glutamyl-L- α -glutamyl-6-aminohexanoyl]-L-lysyl-L-prolyl-glycyl-L- α -glutamyl-L- α -aspartyl-L-alanyl-L-seryl-L-prolyl-L- α -glutamyl-L- α -glutamyl-L-tryptophyl-L-glutaminy-L-arginyl-L-tyrosyl-L-tyrosyl-L-alanyl-L- α -glutamyl-L-leucyl-L-arginyl-L-histidyl-L-tyrosyl-L-leucyl-L-asparaginy-L-tryptophyl-L-leucyl-L-threonyl-L-arginyl-L-glutaminy-L-arginyl-L-tyrosinamide

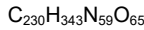
nisotirostide

L-prolyl-L-lysyl-L-prolyl-L- α -glutamyl-N⁶-[N-(17-carboxyheptadécanoyl)-L- γ -glutamyl-L- α -glutamyl-6-aminohexanoyl]-L-lysyl-L-prolyl-glycyl-L- α -glutamyl-L- α -aspartyl-L-alanyl-L-séryl-L-prolyl-L- α -glutamyl-L- α -glutamyl-L-tryptophyl-L-glutaminy-L-arginyl-L-tyrosyl-L-tyrosyl-L-alanyl-L- α -glutamyl-L-leucyl-L-arginyl-L-

nisotirostida

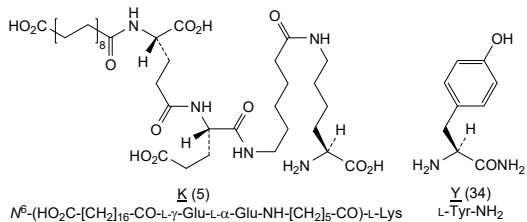
histidyl-L-tyrosyl-L-leucyl-L-asparaginyl-L-tryptophyl-L-leucyl-L-thréonyl-L-arginyl-L-glutaminyL-L-arginyl-L-tyrosinamide

L-proliil-L-lisil-L-proliil-L- α -glutamil- N^{δ} -[*N*-(17-carboxiheptadecanoil)-L- γ -glutamil-L- α -glutamil-6-aminohexanoil]-L-lisil-L-proiliglicil-L- α -glutamil-L- α -aspartil-L-alanil-L-seril-L-prolyl-L- α -glutamil-L- α -glutamil-L-triptofil-L-glutaminil-L-arginil-L-tirosil-L-tirosil-L-alanil-L- α -glutamil-L-leucil-L-arginil-L-histidil-L-tyrosil-L-leucil-L-asparaginil-L-triptofil-L-leucil-L-treonil-L-arginil-L-glutaminil-L-arginil-L-tirosinamida



PKPEKPGEDA SPEEWQRYYA ELRHYLNWLT RQRY 34

Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados



olgotrelvirum

olgotrelvir

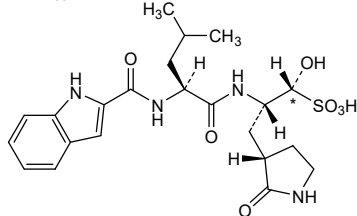
(1*RS*,2*S*)-1-hydroxy-2-[(2*S*)-2-(1*H*-indole-2-carboxamido)-4-methylpentanamido]-3-[(3*S*)-2-oxopyrrolidin-3-yl]propane-1-sulfonic acid

olgotrelvir

acide (1*RS*,2*S*)-1-hydroxy-2-[(2*S*)-2-(1*H*-indole-2-carboxamido)-4-méthylpentanamido]-3-[(3*S*)-2-oxopyrrolidin-3-yl]propane-1-sulfonique

olgotrelvir

ácido (2*S*)-1-hidroxi-2-[(2*S*)-2-(1*H*-indol-2-carboxamido)-4-metilpentanamido]-3-[(3*S*)-2-oxopirrolidin-3-il]propano-1-sulfónico



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

omoprubartum #

omoprubart

immunoglobulin G2/G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* C5 (complement 5)], monoclonal antibody; gamma2/gamma4 heavy chain (1-448) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-2*06 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-

	<p>122) <i>-Homo sapiens</i> IGHG2*01 CH1-hinge (CH1 (123-220), hinge 1-15 (221-232)) <i>-Homo sapiens</i> IGHG4*01 CH2-CH3, nG4m(a) CH2 L92, G4v7 CH2 delE1.4, P1.3, V1.2, A1.1, G4v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH2 L92 (310)E1.4>del, F1.3>P (235), L1.2>V (236), G1.1>A (237), M>Y15.1 (253), S>T16 (255), T>E18 (257)(233-341), CH3 (342-446), CHS (447-448)) (123-448)], (136-214')-disulfide with kappa light chain (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 (77.9%) -IGKJ3*01 (81.8%) P120>G (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 (224-224":225-225":228-228":231-231")-tetrakisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa</p>
omoprubart	<p>immunoglobuline G2/G4-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> C5 (complément 5)], anticorps monoclonal; chaîne lourde gamma2/gamma4 (1-448) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-2*06 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) <i>-Homo sapiens</i> IGHG2*01 CH1-charnière (CH1 (123-220), charnière 1-15 (221-232)) <i>-Homo sapiens</i> IGHG4*01 CH2-CH3, nG4m(a) CH2 L92,G4v7 CH2 delE1.4, P1.3, V1.2, A1.1, G4v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH2 L92 (310)E1.4>del, F1.3>P (235), L1.2>V (236), G1.1>A (237), M>Y15.1 (253), S>T16 (255), T>E18 (257),(233-341), CH3 (342-446), CHS (447-448)) (123-448)], (136-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 (77.9%) -IGKJ3*01 (81.8%) P120>G (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 (224-224":225-225":228-228":231-231")-tétrakisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa</p>
omoprubart	<p>immunoglobulina G2/G4-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> C5 (complemento 5)], anticuerpo monoclonal; cadena pesada gamma2/gamma4 (1-448) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-2*06 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) <i>-Homo sapiens</i> IGHG2*01 CH1-bisagra (CH1 (123-220), bisagra 1-15 (221-232)) <i>-Homo sapiens</i> IGHG4*01 CH2-CH3, nG4m(a) CH2 L92,G4v7 CH2 delE1.4, P1.3, V1.2, A1.1, G4v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH2 L92 (310)E1.4>del, F1.3>P (235), L1.2>V (236), G1.1>A (237), M>Y15.1 (253), S>T16 (255), T>E18 (257),(233-341), CH3 (342-446), CHS (447-448)) (123-448)], (136-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 (77.9%) -IGKJ3*01 (81.8%) P120>G (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')]; dímero (224-224":225-225":228-228":231-231")-tetrakisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa</p>

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
 QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGHIFT DFMQWVRQA PGQGLEWMEG 50
 ILPGTGHTHEY AQKFGQGRVTM TRDTSISTVY MEVRRLLRSD TAVYVCARYF 100
 FGSTPNWYFD WVGQGTLVTV SSASTKGPSV FFLAPCSRST SESTAALGCL 150
 VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFFPAVLQ SSGLYSLSSV VTFPSSNFGT 200
 QTYTCNVDRK FSNTKVDKTV ERKCCVCEPP CPAPFVAGPS VFLEPFKFD 250
 TLYITREPEV TCYVVDVSGE DPEVQFNWYV DQVEVHNAKT KREPEQFNST 300
 YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSKNKLSP SSIEKTIKSA KGQPREPQVY 350
 TLEPSQEEMT KNQVSLTCLV KGFVPSDIAV ENESNGQPEN NYKTTTPPVL 400
 SDGSFFLYSR LTVDKSRWQE GNVFSCVMH EALHNHYTQK SLSLSLGG 448

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
 EIVMTQSPSS LSASVGRVT ITCGATENIY GALNWIQHEP GKAPKLLIYG 50
 ASNRYTGVT SFGSGSGTD FTLTISTLQP EDFATYICQQ VLNTPVSF 100
 GTKVDIKRTV AAPSVEIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYKHK 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" 149"-205" 262"-322" 368"-426"
 22"-96" 149"-205" 262"-322" 368"-426"
 Intra-L (C23-C104) 23"-88" 134"-194"
 23"-88" 134"-194"
 Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 136"-214" 136"-214"
 Inter-H-H (h 4, h 5, h 8, h 11) 224"-224" 225"-225" 228"-228" 231"-231"

N-terminal glutaminy cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal /
 Ciclación del glutamilo N-terminal
 Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl) / pyroglutamy (pE, 5-oxoprolyl) /
 piroglutamilo (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.

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

omramotidum

omramotide

L-phenylalanyl-L-leucyl-L-prolyl-L-phenylalanylglycyl-L-phenylalanyl-L-isoleucyl-L-leucyl-L-prolyl-L-valine

omramotide

L-phénylalanyl-L-leucyl-L-prolyl-L-phénylalanylglycyl-L-phénylalanyl-L-isoleucyl-L-leucyl-L-prolyl-L-valine

omramotida

L-fenilalanil-L-leucil-L-proil-L-fenilalanilglicil-L-fenilalanil-L-isoleucil-L-leucil-L-proil-L-valina



Phe — Leu — Pro — Phe — Gly — Phe — Ile — Leu — Pro — Val

onacrisantaspasum #

onacrisantaspase

Dickeya dadantii (formerly known as *Erwinia chrysanthemi*) L-asparaginase (L-ASNase, L-asparagine amidohydrolase, EC: 3.5.1) (202-528), fused at its N-terminus to a hydrophobic random coil proline-alanine-rich peptide (PAS sequence, (AAPAAPAPAA PAAPAPAAPA)₁₀A) (1-201), tetramer, produced in *Pseudomonas fluorescens*

onacrisantaspase

L-asparaginase (L-ASNase, L-asparagine amidohydrolase, EC: 3.5.1) (202-528) de *Dickeya dadantii* (anciennement *Erwinia chrysanthemi*), fusionnée à son extrémité N-terminale à un peptide hydrophobe à hélice aléatoire riche en proline-alanine (séquence PAS, (AAPAAPAPAA PAAPAPAAPA)₁₀A) (1-201), tétramère, produite chez *Pseudomonas fluorescens*

onacrisantaspasa

Dickeya dadantii (formalmente conocida como *Erwinia chrysanthemi*) L-asparaginasa (L-ASNase, L-asparagina amidohidrolasa, EC: 3.5.1) (202-528), fusionada en su N-terminal a una espiral hidrofóbica

aleatoria de péptido enriquecido con prolina y alanina (secuencia PAS, (AAPAAPAPAA PAAPAPAAFA)₁₀A) (1-201), tetrámero, producido en *Pseudomonas fluorescens*

Monomer sequence / Séquence du monomère / Secuencia del monómero	
AAPAAPAPAA PAAPAPAAFA AAPAAPAPAA PAAPAPAAFA AAPAAPAPAA	50
PAAPAPAAFA AAPAAPAPAA PAAPAPAAFA AAPAAPAPAA PAAPAPAAFA	100
AAPAAPAPAA PAAPAPAAFA AAPAAPAPAA PAAPAPAAFA AAPAAPAPAA	150
PAAPAPAAFA AAPAAPAPAA PAAPAPAAFA AAPAAPAPAA PAAPAPAAFA	200
ADKLEPNIVI LATGGTLAGS AATGTOTTVG KAGALGVDFL INAVPEVKKL	250
ANVKGEQFSN MASENMTGDV VLKLSQRVNE LLARDVDVGV VITHGTDTVE	300
ESAYFLHLTV KSKDPVVFVA AMRPATAISA DGPNNLEAV RVAGDKQSRG	350
RGVMVVLNDR IGSARYITKT NASTLDTFKA NEEGYLGVII GNRIYYQNRI	400
DKLHTTRSVF DVRGLTSLPK VDILYGQDD PEYLYDAAIQ HGKGVIVYAG	450
MGAGSVSVRG IAGMRKAMEK GVVVIRSTR GNGIVPPDEE LPLGLVSDSLN	500
FAHARILLML ALTRTSDPKV IQEYFHTY	526

Post-translational modifications
none / aucun / ninguna

onvapegleukinum alfa #
onvapegleukin alfa

human interleukin-2, variant (R³⁸>C, C¹²⁵>S), substituted at N⁶ of one lysine residue mainly at K³² and K⁷⁶ with 40kDa mPEG and at the sulfur atom of C³⁸ with 5 kDa mPEG, produced in Chinese hamster ovary (CHO) K1 cells, glycoform alfa

onvapegleukine alfa

interleukine-2 humain, variant (R³⁸>C, C¹²⁵>S), substitué à N⁶ d'un résidu de lysine principalement en K³² et K⁷⁶ avec 40 kDa mPEG et à l'atome de soufre en C³⁸ par 5 kDa mPEG, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO) K1, glycoforme alfa

onvapegleukina alfa

interleukina-2 humana, variante (R³⁸>C, C¹²⁵>S), substituida en N⁶ de un residuo de lisina principalmente en K³² y K⁷⁶ con 40kDa mPEG y en átomo de azufre del C³⁸ con 5 kDa mPEG, producido en células ováricas de hámster Chino (CHO) K1, forma glicosilada alfa

APTSSSTKKT QLQLEHLLLD LQMILGINN YKNPKLTQML TFKFYMPKKA	50
TELKHLQCLE EELKPLEEVL NLAQSKNFHL RPRDLISIN VIVLEKQSE	100
TFMCEVADE TATIVEFLNR WITF ^S QSIIS TLT	133

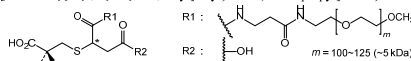
Mutation / Mutación / Mutación
R³⁸>C, C¹²⁵>S

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

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

Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados

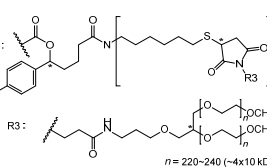
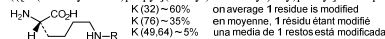
C³⁸: substituted at the sulfur atom with either radical group (1- β -L-carboxy-3-[[3-(2-[α -methoxypropyl (oxyethylene)- α -yl]ethyl)amino]-3-oxopropyl]amino]-3-oxopropyl or (2 β -3-carboxy-1-[[3-(2-[α -methoxypropyl (oxyethylene)- α -yl]ethyl)amino]-3-oxopropyl]amino]-2-oxopropan-2-yl



and structural isomer R1=R2 and R2=R1

Potential modified residues / Résidus modifiés potentiels/ Restos modificados potenciales
K³², K⁴⁹, K⁶⁴, K⁷⁶

substituted at N⁶ with radical group ((5 β -5-[bis(6-[[3(2-[α -methoxypropyl (oxyethylene)- α -yl]propoxy)propyl]amino)-3-oxopropyl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl)sulfanyl]hexyl)amino)-1-[4-[[3-(dimethylamino)propyl]([methyl]carbamoyl)oxy]phenyl]-5-oxopentyl)oxy)carbonyl



opelkibartum

opelkibart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* KIT (KIT proto-oncogene receptor tyrosine kinase, c-kit, SCFR, CD117)], *Homo sapiens* monoclonal antibody; gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV5-51*01 (94.9%) -(IGHD) - IGHJ3*02 (93.3%) M123>L (118), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112))] (1-123) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v14 CH2 A1.3, A1.2, G1v76 CH2 C27, G1v77 CH3 A115(CH1 K120 (220) (124-221), hinge 1-15 (222-236), CH2 L1.3>A (240), L1.2>A (241), D27>C (271) (237-346), CH3 D12 (362), L14 (364) H115>A (441) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-214')-disulfide with kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (89.5%) - IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dimer (232-232":235-235")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DG44, glycoform alfa

opelkibart

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* KIT (KIT proto-oncogène récepteur tyrosine kinase, c-Kit, SCFR, CD117)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*; chaîne lourde gamma1 *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV5-51*01 (94.9%) -(IGHD) - IGHJ3*02 (93.3%) M123>L (118), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112))] (1-123) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v14 CH2 A1.3, A1.2, G1v76 CH2 C27, G1v77 CH3 A115 (CH1 K120 (220) (124-221), charnière 1-15 (222-236), CH2 L1.3>A (240), L1.2>A (241), D27>C (271) (237-346), CH3 D12 (362), L14 (364) H115>A (441) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (89.5%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01(100%), Km3, A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dimère (232-232":235-235")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DG44, glycoforme alfa

opelkibart

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* KIT (KIT proto-oncogén receptor tirosina kinasa, c-Kit, SCFR, CD117)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*; cadena pesada gamma1 *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV5-51*01 (94.9%) -(IGHD) - IGHJ3*02 (93.3%) M123>L (118), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112))] (1-123) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v14 CH2 A1.3, A1.2, G1v76 CH2 C27, G1v77 CH3 A115 (CH1 K120 (220) (124-221), bisagra 1-15 (222-236), CH2 L1.3>A (240), L1.2>A (241), D27>C (271) (237-346), CH3 D12 (362), L14 (364) H115>A (441)

(347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (89.5%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01(100%), Km3, A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dímero (232-232":235-235")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DG44, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
 EVQLVQSGAE VKKPGESLKI SCKGSGYSPT NYWIGWVRQM PGKGLEWMAI 50
 INFKSDDFRY RPSFGQGVIT SADKSIITAY LQWSSLKASD TAMVYCARHG 100
 RGYEGYEGAF DINGGQGLYV VSSASTKQPS VFLPLAFSSK TSGGTALGC 150
 LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFFAVL QSSGLYSLSS VVTVFSSSLG 200
 TQTYICNVNH KPSNTKVDDK VEPKSCDKTH TCPPCPAPEA AGGPFVFLFP 250
 PKPKDTLMIS RTPEVTCVVV CVSHEDPEVK FNNVYDGVVE HNAKTKPREE 300
 QYNSTYRVVS VLTVLHQDWL NGKEYKCKVS NKALPAPIEK TISKAKGQPR 350
 EFQVYTLFPS RDELTRKQVS LTCLVKGFYP SDIAVEWESN GQFENNYKTT 400
 PFLVDSGDSF FLYSKLTVDK SRWQQGNVFS CSMVHEALHN AYTQKSLSL 450
 PGK 453

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
 DIQMTQSPSS LSASVGDRTV ITCRSSQGIT SLDGWYQQPK GKAPKLLIYD 50
 ASNLEGTGVPF RFGSGSGGTD FTLTISLQPF EDFATYYCQQ ANGFPLTFGG 100
 GTRVETKSTV AAPSVFIFPP SDEGLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQHWK 150
 DVALQSGNSQ ESWTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
 LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications
 Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
 Intra-H (C23-C104) 22-96 150-206 267-327 373-431
 22'-96" 150"-206" 267"-327" 373"-431"
 Intra-L (C23-C104) 23'-88" 134'-194"
 23"-88" 134"-194"
 Inter-H-L (h 5-CL 126) 226-214' 226"-214"
 Inter-H-H (h 11, h 14) 232-232" 235-235"

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

opelkibartum elmanitinum #
 opelkibart elmanitin

immunoglobulin G1-kappa, anti-*[Homo sapiens* KIT (KIT proto-oncogene receptor tyrosine kinase, c-kit, SCFR, CD117)], *Homo sapiens* monoclonal antibody, conjugated, via a noncleavable linker, at the sulfur atoms of cysteine residues 271 and 271" to a synthetic α -amanitin derivative;
 gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV5-51*01 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ3*02 (93.3%) M123>L (118), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112)) (1-123) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v14 CH2 A1.3, A1.2, G1v76 CH2 C27, G1v77 CH3 A115 (CH1 K120 (220) (124-221), hinge 1-15 (222-236), CH2 L1.3>A (240), L1.2>A (241), D27>C (271) (237-346), CH3 D12 (362), L14 (364) H115>A (441) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-214')-disulfide with kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (89.5%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dimer (232-232":235-235")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DG44, glycoform alfa; substituted at the sulfur atoms of cysteine residues 271 and 271" with 1-[6-({1,8-anhydro:C^{2,4},S^{3,8}-cyclo[L-asparaginyl-(4R)-4-hydroxy-L-prolyl-(4R)-4,5-dihydroxy-L-isoileucyl-L-tryptophylglycyl-L-isoileucylglycyl-L-cystein]-C^{6,4}-yl)oxy)hexyl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (*elmanitin*) group

opelkibart elmanitine

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* KIT (KIT proto-oncogène récepteur tyrosine kinase, c-Kit, SCFR, CD117)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*, conjugué, via un linker non-clivable, sur les atomes de soufre des résidus cystéine 271 et 271" à un dérivé de l' α -amanitine synthétique;

chaîne lourde gamma1 *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV5-51*01 (94.9%) -(IGHD) - IGHJ3*02 (93.3%) M123>L (118), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112)) (1-123) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v14 CH2 A1.3, A1.2, G1v76 CH2 C27, G1v77 CH3 A115 (CH1 K120 (220) (124-221), charnière 1-15 (222-236), CH2 L1.3>A (240), L1.2>A (241), D27>C (271) (237-346), CH3 D12 (362), L14 (364) H115>A (441) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (89.5%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01(100%), Km3, A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dimère (232-232":235-235")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DG44, glycoforme alfa; substituée sur les atomes de soufre des résidus cystéine 271 et 271" avec le groupe 1-[6-({1,8-anhydro:C^{2,4},S^{3,8}-cyclo[L-asparaginy]-(4R)-4-hydroxy-L-prolyl-(4R)-4,5-dihydroxy-L-isoleucyl-L-tryptophylglycyl-L-isoleucylglycyl-L-cystéin]-C^{6,4}-yl)oxy]hexyl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (*elmanitine*)

opelkibart elmanitina

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* KIT (KIT proto-oncogén receptor tirosina kinasa, c-Kit, SCFR, CD117)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*, conjugado, a través de un enlace no escindible, sobre los átomos de azufre de los residuos de cisteina 271 y 271" a un derivado de la α -amanitina sintética;

cadena pesada gamma1 *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV5-51*01 (94.9%) -(IGHD) - IGHJ3*02 (93.3%) M123>L (118), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112)) (1-123) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v14 CH2 A1.3, A1.2, G1v76 CH2 C27, G1v77 CH3 A115 (CH1 K120 (220) (124-221), bisagra 1-15 (222-236), CH2 L1.3>A (240), L1.2>A (241), D27>C (271) (237-346), CH3 D12 (362), L14 (364) H115>A (441) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (89.5%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01(100%), Km3, A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dímero (232-232":235-235")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DG44, forma glicosilada alfa; substituida sobre los átomos de azufre de los residuos de cisteina 271 y 271" con el grupo 1-[6-({1,8-anhidro:C^{2,4},S^{3,8}-ciclo[L-asparaginy]-(4R)-4-hidroxi-L-prolil-(4R)-4,5-dihidroxi-L-isoleucil-L-

triptofilglicil-L-isoleucilglicil-L-cistein]-C^{6,4}-il}oxi)-
2,5-dioxopirrolidin-3-ilo (*elmanitina*)

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
 EVQLVQSGAE VKKPGESLKI SCKGSGYSFT NYWIGWVRQM PGKGLEWMAI 50
 INPRDSDTRY RPSFQGQVTI SADKISISTAY LQWSSLKASD TAMYCARHG 100
 RGVGEGEGAF DIWQGTTLVT VSSASTKGPS VFPIAPSSKS TSGGTAALGC 150
 LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFFPAVL QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG 200
 TQTYICNVNH KFSNTRKVDK VEPKSCDKTH TCFPCFAFEA AGGPSVFLFF 250
 PKFKDTLMIS RTPEVTCVVV QVSHEDPEVK FNMYPVDGVEV HNAKTPREE 300
 QYNSTYRVVS VLTVLHQDWL NGKEYKCKVS NKALPAPIEK TISKAKGQPR 350
 EPQVYTLPPS RDELTRNQVS LTCLVKGFYP SDIAVEWESN GQPENNYKTT 400
 PPVLDSDGSF FLYSKLTVDK SRWQQGNVFS CSMVHEALHN AYTQKSLSL 450
 PGK 453

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
 DIQMTQSPSS LSASVGDVRT ITCRSSQGIR SDLGWYQQKP GKAPKLLIYD 50
 ASNLETGVPF RFGSGSGSTD FTLTISSLQP EDFPATYYCQQ ANGFPPLTFGG 100
 GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNFFY BREAKVQWKV 150
 DNALQSGNSQ ESVTQDQSKD STYLSLSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
 LSSPVTKSFN RGEK 214

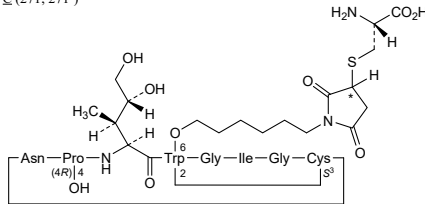
Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
 Intra-H (C23-C104) 22°-96° 150°-206° 267°-327° 373°-431°
 22°-96° 150°-206° 267°-327° 373°-431°
 Intra-L (C23-C104) 23°-88° 134°-194°
 23°-88° 134°-194°
 Inter-H-L (h 5-CL 126) 226-214° 226°-214°
 Inter-H-H (h 11, h 14) 232-232° 235-235°

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

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

Modified residues / résidus modifiés / restos modificados
 C (271, 271°)



opemalirsenum
 opemalirsen

all-P-ambo-2'-O,4'-C-[(1S)-ethane-1,1-diyl]-5-methyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O,4'-C-[(1S)-ethane-1,1-diyl]-5-methyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O,4'-C-[(1S)-ethane-1,1-diyl]-5-methyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenilyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenilyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-O,4'-C-[(1S)-ethane-1,1-diyl]-P-thioadenilyl-(3'→5')-2'-O,4'-C-[(1S)-ethane-1,1-diyl]-P-thioadenilyl-(3'→5')-2'-O,4'-C-[(1S)-ethane-1,1-diyl]-5-methyl-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-O-(2-methoxyethyl)-5-methylcytidine

opémalirsen

tout-P-ambo-2'-O,4'-C-[(1S)-éthane-1,1-diyl]-5-méthyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O,4'-C-[(1S)-éthane-1,1-diyl]-5-méthyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O,4'-C-[(1S)-éthane-1,1-diyl]-5-méthyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioadénylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioadénylyl-(3'→5')

opemalirsén

2'-désoxy-*P*-thioguanylyl-(3'→5')-*P*-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-*P*-thioguanylyl-(3'→5')-2'-désoxy-5-méthyl-*P*-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-O,4'-C-[(1*S*)-éthane-1,1-diyll]-*P*-thioadénylyl-(3'→5')-2'-O,4'-C-[(1*S*)-éthane-1,1-diyll]-*P*-thioadénylyl-(3'→5')-2'-O,4'-C-[(1*S*)-éthane-1,1-diyll]-5-méthyl-*P*-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-O-(2-méthoxyéthyl)-5-méthylcytidine

todo-P-ambo-2'-O,4'-C-[(1*S*)-etano-1,1-diill]-5-metil-*P*-tiouridilil-(3'→5')-2'-O,4'-C-[(1*S*)-etano-1,1-diill]-5-metil-*P*-tiouridilil-(3'→5')-2'-O,4'-C-[(1*S*)-etano-1,1-diill]-5-metil-*P*-tiouridilil-(3'→5')-*P*-tiotimidilil-(3'→5')-2'-desoxi-*P*-tioguanilil-(3'→5')-*P*-tiotimidilil-(3'→5')-2'-desoxi-*P*-tioadenilil-(3'→5')-2'-desoxi-*P*-tioadenilil-(3'→5')-2'-desoxi-*P*-tioguanilil-(3'→5')-*P*-tiotimidilil-(3'→5')-2'-desoxi-*P*-tioguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-5-metil-*P*-tiocitidilil-(3'→5')-2'-O,4'-C-[(1*S*)-etano-1,1-diill]-*P*-tioadenilil-(3'→5')-2'-O,4'-C-[(1*S*)-etano-1,1-diill]-*P*-tioadenilil-(3'→5')-2'-O,4'-C-[(1*S*)-etano-1,1-diill]-5-metil-*P*-tiocitidilil-(3'→5')-5-metil-2'-O-(2-metoxietil)citidina

$m^5U = m^5U = m^5U = dT = dG = dT = dA = dA = dG = dG = m^5C_4 = \underline{A} = m^5C = m^5C$ moe

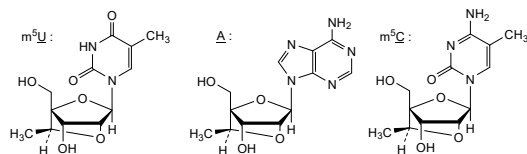
N : nucleoside / nucléoside / nucleósido

m^5N : 5-methyl-N / 5-méthyl-N / 5-metil-N

dN & N_2 : 2'-deoxy-N / 2'-désoxy-N / 2'-desoxi-N

Nmoe : 2'-O-(2-methoxyethyl)-N / 2'-O-(2-méthoxyéthyl)-N / 2'-O-(2-metoxietil)-N

= : -PS(OH)-



opevesostatum

opevesostat

2-[(1,3-dihydro-2*H*-isoindol-2-yl)méthyl]-5-[[1-(méthanesulfonyl)piperidin-4-yl]méthoxy]-4*H*-pyran-4-one

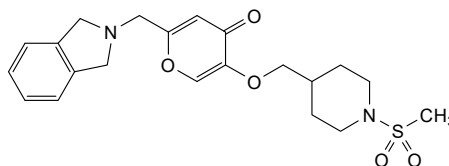
opévésostat

2-[(1,3-dihydro-2*H*-isoindol-2-yl)méthyl]-5-[[1-(méthanesulfonyl)pipéridin-4-yl]méthoxy]-4*H*-pyran-4-one

opevesostat

2-[(1,3-dihidro-2*H*-isoindol-2-il)metil]-5-[[1-(metanosulfonyl)piperidin-4-il]metoxi]-4*H*-piran-4-ona

$C_{21}H_{26}N_2O_5S$



orzilobenum

orziloben

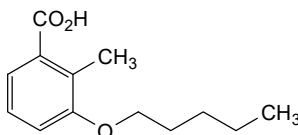
2-methyl-3-(pentyloxy)benzoic acid

orzilobène

acide 2-méthyl-3-(pentyloxy)benzoïque

orzilobén

ácido 2-metil-3-(pentiloxi)benzoico

 $C_{13}H_{18}O_3$ **osavampatorum**

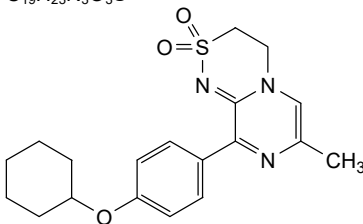
osavampator

9-[4-(cyclohexyloxy)phenyl]-7-methyl-3,4-dihydro-2*H*-2λ⁶-pyrazino[2,1-*c*][1,2,4]thiadiazine-2,2-dione

osavampator

9-[4-(cyclohexyloxy)phényl]-7-méthyl-3,4-dihydro-2*H*-2λ⁶-pyrazino[2,1-*c*][1,2,4]thiadiazine-2,2-dione

osavampator

9-[4-(ciclohexiloxi)fenil]-7-metil-3,4-dihidro-2*H*-2λ⁶-pirazino[2,1-*c*][1,2,4]tiadiazina-2,2-diona $C_{19}H_{23}N_3O_3S$ **osunprotafibum**

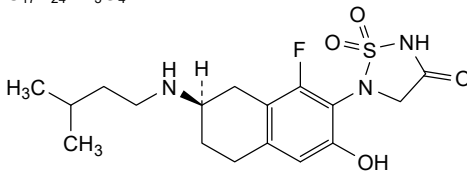
osunprotafib

5-{{(7*R*)-1-fluoro-3-hydroxy-7-[(3-methylbutyl)amino]-5,6,7,8-tetrahydronaphthalen-2-yl}-1λ⁶,2,5-thiadiazolidine-1,1,3-trione

osunprotafib

5-{{(7*R*)-1-fluoro-3-hydroxy-7-[(3-méthylbutyl)amino]-5,6,7,8-tétrahydronaphthalén-2-yl}-1λ⁶,2,5-thiadiazolidine-1,1,3-trione

osunprotafib

5-{{(7*R*)-1-fluoro-3-hidroxi-7-[(3-metilbutil)amino]-5,6,7,8-tetrahidronaftalen-2-il}-1λ⁶,2,5-tiadiazolidina-1,1,3-triona $C_{17}H_{24}FN_3O_4S$ 

oximbomotidum

oximbomotide	L-leucyl-L-methionyl-L- α -aspartyl-L-leucyl-L-seryl-L-threonyl-L-threonyl-L- α -glutamyl-L-valine
oximbomotide	L-leucyl-L-méthionyl-L- α -aspartyl-L-leucyl-L-séryl-L-thréonyl-L-thréonyl-L- α -glutamyl-L-valine
oximbomotida	L-leucil-L-metionil-L- α -aspartil-L-leucil-L-seril-L-treonil-L-treonil-L- α -glutamil-L-valina
	$C_{42}H_{73}N_9O_{17}S$
	Leu — Met — Asp — Leu — Ser — Thr — Thr — Glu — Val

pamvatamigum #

pamvatamig	immunoglobulin G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> MET (met proto-oncogene, hepatocyte growth factor (HGF) receptor, HGFR, scatter factor (SF) receptor, HGF/SF receptor, receptor tyrosine-protein kinase c-met, papillary renal cell carcinoma 2, RCCP2)] and anti-[<i>Homo sapiens</i> EGFR (epidermal growth factor receptor, receptor tyrosine-protein kinase erbB-1, ERBB1, HER1, HER-1, ERBB)], <i>Homo sapiens</i> monoclonal antibody, bispecific; gamma1 heavy chain anti-MET <i>Homo sapiens</i> (1-452) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV7-4-1*02 (95.9%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112)) (1-123)- <i>Homo sapiens</i> IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, E12, M14, G1v72 CH3 D7, E24 (CH1 R120 (220) (124-221), hinge 1-15 (222-236), CH2 (237-346), CH3 E12 (362), M14 (364), L7>D (357), L24>E (374) (347-451), CHS K2>del (452)) (124-452)], (226-214')-disulfide with common kappa light chain <i>Homo sapiens</i> (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 (100%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') - <i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; gamma1 heavy chain anti-EGFR <i>Homo sapiens</i> (1"-451") [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-18*01 (98.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (26"-33".51"-58".97"-111")) (1"-122")- <i>Homo sapiens</i> IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, E12, M14, G1v73 CH3 K7, K22 (CH1 R120 (219") (123"-220"), hinge 1-15 (221"-235"), CH2 (236"-345"), CH3 E12 (361"), M14 (363"), L7>K (356"), T22>K (371") (346"-450"), CHS K2>del (451")) (124"-452)], (226"-214")-disulfide with common kappa light chain <i>Homo sapiens</i> (1""-214""") [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 (100%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27""-32"" .50""-52"" .89""-97"")) (1""-107""") - <i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153""), V101 (191""") (108""-214"""); dimer (232-231":235-234")-bisdisulfide, produced in a Chinese hamster ovary (CHO) cell line, co-expressing the RMD enzyme (GDP-6-deoxy-D-lyxo-4-hexulose reductase), glycoform alfa
pamvatamig	immunoglobuline G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> MET (proto-oncogène met, récepteur du facteur de

croissance hépatocytaire, HGFR, récepteur du facteur de dispersion (SF), récepteur de l'HGF/SF, récepteur protéine-tyrosine kinase c-met, carcinome papillaire à cellules rénales 2, RCCP2]] et anti-[*Homo sapiens* EGFR (récepteur du facteur de croissance épidermique, récepteur tyrosine-protéine kinase erb-1, ERBB1, HER1, HER-1, ERBB)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*, bispécifique; chaîne lourde gamma1 anti-MET *Homo sapiens* (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV7-4-1*02 (95.9%) - (IGHD) -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112)) (1-123)-*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, E12, M14, G1v72 CH3 D7, E24 (CH1 R120 (220) (124-221), charnière 1-15 (222-236), CH2 (237-346), CH3 E12 (362), M14 (364), L7>D (357), L24>E (374) (347-451), CHS K2>del (452)) (124-452)], (226-214')-disulfure avec la chaîne commune légère kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (100%) - 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')]; chaîne lourde gamma1 anti-EGFR *Homo sapiens* (1"-451'') [VH (*Homo sapiens* IGHV1-18*01 (98.0%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (26"-33".51"-58".97"-111'')) (1"-122'')-*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, E12, M14, G1v73 CH3 K7, K22 (CH1 R120 (219'') (123"-220''), charnière 1-15 (221"-235''), CH2 (236"-345''), CH3 E12 (361''), M14 (363''), L7>K (356''), T22>K (371'') (346"-450''), CHS K2>del (451'')) (124"-452''), (226"-214'')-disulfure avec la chaîne commune légère kappa *Homo sapiens* (1'"-214'') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (100%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'"-32'"'.50'"'.89'"'.97'"')) (1'"-107'"') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153''), V101 (191'') (108'"-214'')]; dimère (232-231'':235-234'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), co-exprimant l'enzyme RMD (GDP-6-désoxy-D-lyxo-4-hexulose réductase), glycoforme alfa

pamvatamig

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* MET (proto-oncogén met, receptor del factor de crecimiento hepatocitario, HGFR, receptor del factor de dispersión (SF), receptor del HGF/SF, receptor proteína-tirosina kinasa c-met, carcinoma papilar de células renales 2, RCCP2)] y anti-[*Homo sapiens* EGFR (receptor del factor de crecimiento epidérmico, receptor tirosina-protéina kinasa erb-1, ERBB1, HER1, HER-1, ERBB)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*, biespecífico; cadena pesada gamma1 anti-MET *Homo sapiens* (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV7-4-1*02 (95.9%) - (IGHD) -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112)) (1-123)-*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, E12, M14, G1v72 CH3 D7, E24 (CH1 R120 (220) (124-221), bisagra 1-15 (222-236), CH2 (237-346), CH3 E12 (362), M14 (364), L7>D (357), L24>E (374) (347-451), CHS K2>del

(452)) (124-452)], (226-214')-disulfuro con la cadena común ligera kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (100%) -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')]; cadena pesada gamma1 anti-EGFR *Homo sapiens* (1"-451") [VH (*Homo sapiens* IGHV1-18*01 (98.0%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (26"-33"-51"-58"-97"-111")) (1"-122")-*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, E12, M14, G1v73 CH3 K7, K22 (CH1 R120 (219") (123"-220"), bisagra 1-15 (221"-235"), CH2 (236"-345"), CH3 E12 (361"), M14 (363"), L7>K (356"), T22>K (371") (346"-450"), CHS K2>del (451")) (124"-452")], (226"-214")-disulfuro con la cadena común ligera kappa *Homo sapiens* (1"-214") [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (100%) -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 (232-231":235-234")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), coexpresar la enzima RMD (GDP-6-desoxi-D-*l*-xilo-4-hexulosa reductasa), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: anti-MET (H)
 QVQLVQSGSE LKPKGASVKV SCKASGYTFT TYSMNWVRQA PGQGLEWMGW 50
 INTYTGDPPTY AQQFTGRFVFLDSTSVSTAY LQISSLKAED TAVYVCARET 100
 YFYDRGGYFP DPWQGTLVTV SSSASTKGPS VFLPLAPSSKS TSGGTAALGC 150
 LVKDYFPEPVT VSNWNSGALT SGVHTFPAVL QSSGLYSLSV VVTVPSSSLG 200
 TQTYICNVNH KPSNTRKVDKR VEPKSCDKRTH TCPCPAPEL LGGPSVFLFP 250
 KPKDTLMI SR TPEVTCVVDV VSHEDPEVKF FNIWYDGVVH NAKTKFREEQ 300
 QINSTYRVVSV LTVLHQDWL NGKEYKCKVSN KALPAPAEK TISKAKGQPR 350
 EPQVYTFDPPS REEMTKQVSL KCLVKGFPY SDAVWESNG QPENNYKTT 400
 PVLDSGDSGF FLYSKLTVDK SRWQQGNVFS CSMVHEALHN HTYQKSLSL 450
 PG 452

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: anti-EGFR (H")
 QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT SYGISWVRQA PGQGLEWMGW 50
 ISAYNANTNY AQLKQGRVMT TTDSTSTAY MELRSLRSDD TAVYCAKDR 100
 HHHHWLDAFD YWGGTLVTV SASTKGPSV FFLAPSSKST SGGTAALGCL 150
 VKDYFPEPVT VSNWNSGALT GVHTFPAVLQ SSGLYLSLV VTVFPSSSLG 200
 QTYICNVNHK PSNTRKVDKR VEPKSCDKRTH CPCCPAPELL GGPSVFLFP 250
 KPKDTLMI SR TPEVTCVVDV VSHEDPEVKF NNIWYDGVVH NAKTKFREEQ 300
 YNSYTRVSVS LTVLHQDWL NGKEYKCKVSN KALPAPAEK TISKAKGQPR 350
 PQLVTKFPPSR EEMTKQVSL KCLVKGFPY SDAVWESNG QPENNYKTT 400
 PVLDSGDSGF LYSKLTVDKS RWQQGNVFSV SVMHEALHN HTYQKSLSL 450
 G 451

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: (L', L")
 DIQMTQSPSS LSASVGRDVT ITCRASQSI SYLNWYQQKPK GKAPKLLIYA 50
 ASSLQSGVPS RFSGSGSGTD FTLTISLQPEDFATYICQQ SYSTPPTFEG 100
 GTKVEIKRTV AAPSVPFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNFFY PREAKVQWVK 150
 DNALQSGNSQ ESVTQDSKDT STYSLSSLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
 LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22"-96" 150-206 267-327 373-431
 22"-96" 149"-205" 266"-326" 372"-430"

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

23"-88" 134"-194"

Inter-H-L (h 5-CL 126) 226-214' 225"-214"

Inter-H-H (h 11, h 14) 232-231" 235-234"

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal /

Ciclación del glutamínulo N-terminal

Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolinyl) / pyroglutamyle (pE, 5-oxoprolinyle) /

piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)

VH Q1: 1, 1"

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

H CH2 N84.4: 303, 302"

Low-fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO

bi-antennaires complexes faiblement fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios

complejos débilmente fucosilados

pegmispotidum
pegmispotide

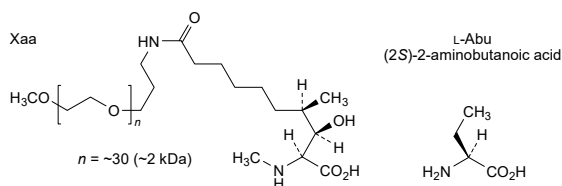
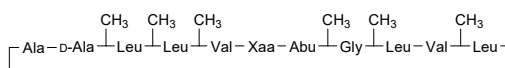
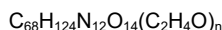
1,11-anhydro[L-alanyl-D-alanyl-N-méthyl-L-leucyl-N-méthyl-L-leucyl-N-méthyl-L-valyl-(2*S*,3*R*,4*R*)-3-hydroxy-10-({3-[ω-méthoxypoly(oxyéthylène)-α-yl]propyl}amino)-4-méthyl-2-(méthylamino)-10-oxodécanoyl-(2*S*)-2-aminobutanoyl-N-méthylglycyl-N-méthyl-L-leucyl-L-valyl-N-méthyl-L-leucine]

pegmispotide

1,11-anhydro[L-alanyl-D-alanyl-N-méthyl-L-leucyl-N-méthyl-L-leucyl-N-méthyl-L-valyl-(2*S*,3*R*,4*R*)-3-hydroxy-10-({3-[ω-méthoxypoly(oxyéthylène)-α-yl]propyl}amino)-4-méthyl-2-(méthylamino)-10-oxodécanoyl-(2*S*)-2-aminobutanoyl-N-méthylglycyl-N-méthyl-L-leucyl-L-valyl-N-méthyl-L-leucine]

pegmispotida

1,11-anhidro[L-alanil-D-alanil-N-metil-L-leucil-N-metil-L-leucil-N-metil-L-valil-(2*S*,3*R*,4*R*)-3-hidroxi-4-metil-2-(metilamino)-10-({3-[ω-metoxipoli(oxietileno)-α-il]propil}amino)-10-oxodécanoil-(2*S*)-2-aminobutanoyl-N-metilglicil-N-metil-L-leucil-L-valil-N-metil-L-leucina]



pemivibartum #
pemivibart

immunoglobulin G1-lambda2, anti-[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* (1-454) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-21*07 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v78 L107, A114 (CH1 R120 (221) (125-222), hinge 1-15 (223-237), CH2 (238-347), CH3 E12 (363), M14 (365), M107>L (435), N114>A (441) (348-452), CHS (453-454)) (125-454)], (227-217')-disulfide with lambda2 light chain *Homo sapiens* (1'-218') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-40*01 (93.8%) -IGLJ1*01 (91.7%), CDR-IMGT [9.3.12] (26'-34'.52'-54'.91'-102'')) (1'-112') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (113'-218')]; dimer (233-233":236-236")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa

pémivibart

immunoglobuline G1-lambda2, anti-[domaine de liaison au récepteur (RBD) de la glycoprotéine spike (S) du coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SARS-CoV-2)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*; chaîne lourde gamma1 *Homo sapiens* (1-454) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-21*07 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%)

pemivibart

, CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v78 L107, A114 (CH1 R120 (221) (125-222), charnière 1-15 (223-237), CH2 (238-347), CH3 E12 (363), M14 (365), M107>L (435), N114>A (441) (348-452), CHS (453-454)) (125-454)], (227-217')-disulfure avec la chaîne légère lambda2 *Homo sapiens* (1'-218') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-40*01 (93.8%) -IGLJ1*01 (91.7%), CDR-IMGT [9.3.12] (26'-34'.52'-54'.91'-102'')) (1'-112') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (113'-218')]; dimère (233-233":236-236")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa

inmunoglobulina G1-lambda2, anti-[dominio de unión al receptor (RBD) de la glicoproteína de espícula (S) del coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo (SARS-CoV-2)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*; cadena pesada gamma1 *Homo sapiens* (1-454) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-21*07 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v78 L107, A114 (CH1 R120 (221) (125-222), bisagra 1-15 (223-237), CH2 (238-347), CH3 E12 (363), M14 (365), M107>L (435), N114>A (441) (348-452), CHS (453-454)) (125-454)], (227-217')-disulfuro con la cadena ligera lambda2 *Homo sapiens* (1'-218') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-40*01 (93.8%) -IGLJ1*01 (91.7%), CDR-IMGT [9.3.12] (26'-34'.52'-54'.91'-102'')) (1'-112') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (113'-218')]; dímero (233-233":236-236")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

EVQLVESGGG	LVPKGGSLRL	SCAASGFTFG	SYEMNWRQA	PKGLEWVSS	50
ISEDGYSTYY	PDSLKGRFTI	SRDSAKNSLY	LQMNSLRADD	TAVYYCARDP	100
GGDTAWAGTG	FTYWGQGTLV	TVSSASTKGP	SVFPLAPSSK	STSGGTAALG	150
CLVKDYFPEP	VTVSWNSGAL	TSGVHTPFAV	LQSSGLYSLS	SVVTVPSSSL	200
GTQTYICNVN	HKPSNTKVDK	RVEPKSCDKT	HTCPPCPAPE	LLGGPSVFLP	250
PPKPKDTLMI	SRTPEVTCVV	VDSVSHEDPEV	KFNWYVDGVE	VHNARTKPRE	300
EQYNSTYRVV	SVLTIVLHQDW	LNGKEYKCKV	SNKALPAPIE	KTIISKARKQP	350
REPQVYTLPP	SREEMTKNQV	SLTCLVKGFY	PSDIAVEWES	NGQPENNYKT	400
TPPVLDSGDS	FFLYSKLTVD	KSRWQQGNVF	SCSVLHEALH	AHYTQKLSLD	450
SPGK					454

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

QSVLTQPPSV	SGAPGQRITI	SCTGSSSNIG	AGYDVHWYQQ	LPGTAPKLLI	50
YGSSSRNYGV	PDRFSGSKSG	TSASLAITGL	QAEDEADYIC	QSYDSDLGVL	100
YTFGTGTKVT	VLGQPKAAPS	VTLFPPSSEE	LQANKATLVC	LISDFYPGAIV	150
TVANKADSSP	VKAGVETTFP	SKQSNKNYAA	SSYLSLTPEQ	WKSHRYSYSCQ	200
VTHEGSTVEK	TVAPTECS				218

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro				
Intra-H (C23-C104)	22-96	151-207	268-328	374-432
	22"-96"	151"-207"	268"-328"	374"-432"
Intra-L (C23-C104)	22-90	140-199		
	22"-90"	140"-199"		
Inter-H-L (h 5-CL 126)	227-217	227"-217"		
Inter-H-H (h 11, h 14)	233-233"	236-236"		

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal
 Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl) / pyroglutamyle (pE, 5-oxopropyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)
 L VL V-LAMBDA Q1: 1', 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
 H CH2 N84.4: 304, 304"
 Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarijos complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
 H CHS K2: 454, 454"

pimicotinibum

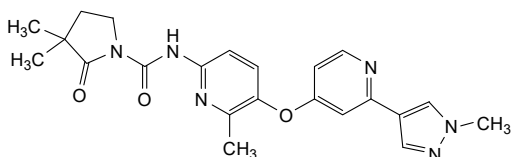
pimicotinib

3,3-dimethyl-*N*-(6-methyl-5-[[2-(1-methyl-1*H*-pyrazol-4-yl)pyridin-4-yl]oxy]pyridin-2-yl)-2-oxopyrrolidine-1-carboxamide

pimicotinib

3,3-diméthyl-*N*-(6-méthyl-5-[[2-(1-méthyl-1*H*-pyrazol-4-yl)pyridin-4-yl]oxy]pyridin-2-yl)-2-oxopyrrolidine-1-carboxamide

pimicotinib

3,3-dimetil-*N*-(6-metil-5-[[2-(1-metil-1*H*-pirazol-4-il)piridin-4-il]oksi]piridin-2-il)-2-oxopirrolidina-1-carboxamida $C_{22}H_{24}N_6O_3$ **pozdeutinuradum**

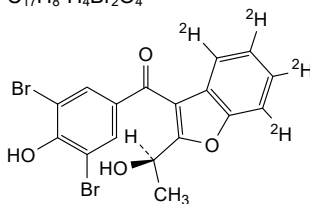
pozdeutinurad

rac-(3,5-dibromo-4-hydroxyphenyl){2-[(1*R*)-1-hydroxyethyl](4,5,6,7-²H₄)-1-benzofuran-3-yl}methanone

pozdeutinurad

rac-(3,5-dibromo-4-hydroxyphényl){2-[(1*R*)-1-hydroxyéthyl](4,5,6,7-²H₄)-1-benzofuran-3-yl}méthanone

pozdeutinurad

rac-(3,5-dibromo-4-hidroksifenil){2-[(1*R*)-1-hidroksietil](4,5,6,7-²H₄)-1-benzofuran-3-il}metanona $C_{17}H_8^2H_4Br_2O_4$ and enantiomer
et énantiomère
y enantiómero**pozetaldogenum ormesparovecum #**

pozetaldogene ormesparovec

recombinant, non-replicating adeno-associated virus serotype 9 (rAAV9) vector encoding human adenosine triphosphate (ATP)-binding cassette sub-family D member 1 (ABCD1, also known as adrenoleukodystrophy (ALD) protein) under control of a human cytomegalovirus (CMV) enhancer/chicken β -actin (CBA) promoter plus a β -actin exon, a chimeric chicken β -actin/rabbit β -globin intron, and a rabbit β -globin exon 3, terminated with simian virus 40 (SV40) and bovine growth hormone (bGH) polyadenylation signals, and flanked by adeno-associated virus 2 (AAV2) inverted terminal repeats (ITRs)

pozétaldogène ormesparovec

vecteur recombinant, non répliquant, du virus adéno-associé de sérotype 9 (rAAV9) codant le membre 1 de la sous-famille D de la cassette de liaison à l'adénosine triphosphate (ATP) humaine (ABCD1, également connue sous le nom de protéine de l'adrénoleucodystrophie (ALD)) sous le contrôle d'un promoteur du cytomégalovirus humain (CMV)/de la β -actine de poulet (CBA) et d'un exon de la β -actine, un intron chimérique de la β -actine de poulet/de la β -globine de lapin et un exon 3 de la β -globine de lapin, terminés par des signaux de polyadénylation du virus simien 40 (SV40) et de l'hormone de croissance bovine (bGH), et encadrés par des répétitions terminales inversées (ITR) du virus adéno-associé 2 (AAV2)

pozetaldogén ormesparovec

vector de virus adenoasociado del serotipo 9 recombinante (rAAV9), no replicativo, que codifica para el miembro 1 de la subfamilia D del casete de unión a la adenosina trifosfato (ATP) (ABCD1, también conocida como proteína de la adrenoleucodistrofia (ALD)) bajo el control de un potenciador de citomegalovirus (CMV) humano /promotor de la β -actina de pollo (CBA) más un exón de la β -actina, un intrón quimérico de β -actina de pollo/ β -globina de conejo y un exón 3 de la β -globina de conejo terminado con señales de poliadenilación del virus de simio 40 (SV40) y de la hormona de crecimiento bovine (bGH), y flanqueado por repeticiones terminales invertidas (ITRs) del virus adenoasociado 2 (AAV2)

ragistomigum #
ragistomig

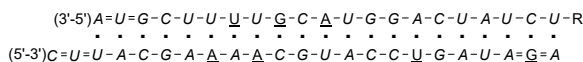
immunoglobulin G1-scFv_L-kappa dimer, anti-[*Homo sapiens* CD274 (programmed cell death 1 ligand 1, PDL1, PD-L1, B7 homolog 1, B7H1, B7-H1, PDCD1LG1)] and anti-[*Homo sapiens* TNFRSF9 (TNF receptor superfamily member 9, 4-1BB, T cell antigen ILA, CD137)], humanized monoclonal antibody, bispecific;

fused G1-scFv lambda-heavy heavy chain humanized (1-715) [gamma1 anti-CD274 humanized (1-449) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-48*02 (87.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%) L123>T (114), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119)-*Homo sapiens*IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14, G1v29 CH2 A84.4 (CH1 R120>K (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 N84.4>A (299)(233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)] -15-mer tris(tetraglycylseryl) linker (450-464) -scFv lambda-heavy anti-TNFRSF9 humanized scFv-v2 C120 (VL)-C49 (VH) (465-715) [V-LAMBDA (*Homo sapiens*IGLV1-47*02 (91.8%) -IGLJ2*01 (91.8%) C120 (567), CDR-IMGT [8.3.11] (490-497.515-517.554-564)) (465-574) -20-mer tetrakis(tetraglycyl-seryl) linker (575-594) -VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*01 (93.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.14] (620-627.645-652.691-704)) (595-715)]]; (222-214')-disulfide with kappa light chain anti-CD274 humanized (1'-214') [V-

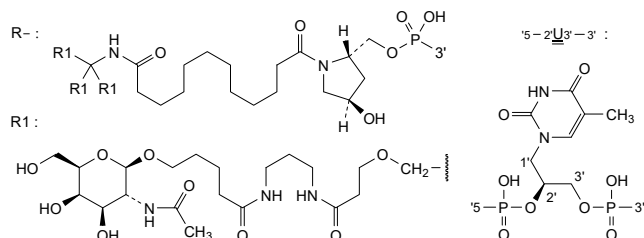
	<p>KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-33*01 (83.2%) - IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214'')); dimer (228-228":231-231")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, non-glycosylated</p>
ragistomig	<p>immunoglobuline G1-scFv_L-kappa dimère, anti-[<i>Homo sapiens</i> CD274 (ligand 1 de mort cellulaire programmée 1,PDL1, PD-L1, B7 homologue 1, B7H1, B7-H1, PDCD1LG1)] et anti-[<i>Homo sapiens</i> TNFRSF9 (membre 9 de la superfamille des récepteurs du TNF, 4-1BB, antigène ILA des cellules T, CD137)], anticorps monoclonal humanisé, bispécifique; chaîne lourde fusionnée G1-scFv lambda-lourd humanisée (1-715) [gamma1 anti- CD274 humanisée (1-449) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-48*02 (87.8%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%) L123>T (114), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119)-<i>Homo sapiens</i> IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14, G1v29 CH2 A84.4 (CH1 R120>K (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 N84.4>A (299) (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)] -15-mer tris(tétraglycyl-séryl) linker (450-464) -scFv lambda-lourd anti-TNFRSF9 humanisée scFv-v2 C120 (VL)-C49 (VH) (465-715) [V-LAMBDA (<i>Homo sapiens</i> IGLV1-47*02 (91.8%) -IGLJ2*01 (91.8%) C120 (567), CDR-IMGT [8.3.11] (490-497.515-517.554-564)) (465-574) -20-mer tétrakis(tétraglycyl-séryl) linker (575-594) -VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-23*01 (93.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), C49 (638) CDR-IMGT [8.8.14] (620-627.645-652.691-704)) (595-715)]]; (222-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa anti-CD274 humanisée 1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-33*01 (83.2%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214'')); dimère (228-228":231-231")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, non-glycosylé</p>
ragistomig	<p>immunoglobulina G1-scFv_L-kappa dímero, anti-[<i>Homo sapiens</i> CD274 (ligando 1 de muerte celular programada 1,PDL1, PD-L1, B7 homólogo 1, B7H1, B7-H1, PDCD1LG1)] y anti-[<i>Homo sapiens</i> TNFRSF9 (miembro 9 de la superfamilia de los receptores del TNF, 4-1BB, antígeno ILA de las células T, CD137)], anticuerpo monoclonal humanizado, biespecífico; cadena pesada fusionada G1-scFv lambda-pesada humanizada (1-715) [gamma1 anti- CD274 humanizada (1-449) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-48*02 (87.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%) L123>T (114), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119)-<i>Homo sapiens</i> IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14, G1v29 CH2 A84.4 (CH1 R120>K (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 N84.4>A (299) (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360)</p>

	<p>methyl-<i>P</i>-thiouridylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-methyluridylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-methyladenylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-methylcytidylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-methylguanylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-methyladenylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-methyladenylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-methylcytidylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-methylguanylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-methyluridylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-methyladenylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-methylcytidylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-methylcytidylyl-(5'→2')-1-de-β-D-ribofuranosyl-1-[(2<i>S</i>)-2,3-dihydroxypropyl]-5-methyluridylyl-(3'→3')-2'-<i>O</i>-methylguanylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-methyladenylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-methyluridylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-methyl-<i>P</i>-thioadenylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoro-<i>P</i>-thioguanilyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-methyladenosine</p>
rapirosiran	<p><i>tout-P-ambo</i>-2'-<i>O</i>-méthyl-<i>P</i>-thioadénylyl-(3'→5')-2'-<i>O</i>-méthyl-<i>P</i>-thiouridylyl-(3'→5')-2'-<i>O</i>-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-<i>O</i>-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-<i>O</i>-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-<i>O</i>-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluorouridylyl-(3'→5')-2'-<i>O</i>-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroguanilyl-(3'→5')-2'-<i>O</i>-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroadénylyl-(3'→5')-2'-<i>O</i>-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-<i>O</i>-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-<i>O</i>-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-<i>O</i>-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-<i>O</i>-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-<i>O</i>-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-<i>O</i>-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-<i>O</i>-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-<i>O</i>-méthylcytidylyl-(3'→5')-hydrogène-2'-<i>O</i>-méthyluridylyl de [(2<i>S</i>,4<i>R</i>)-1-(1-[(2-acétamido-2-désoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]-16,16-bis({3-[(3-{5-[(2-acétamido-2-désoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]pentanamido)propyl]amino}-3-oxopropyl)méthyl)-5,11,18-trioxo-14-oxa-6,10,17-triazanonacosan-29-oyl)-4-hydroxypyrrolidin-2-yl)]méthyle</p> <p>duplex avec <i>tout-P-ambo</i>-2'-<i>O</i>-méthyl-<i>P</i>-thiocytidylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-méthyl-<i>P</i>-thiouridylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-méthyluridylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-méthyladénylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-méthylcytidylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-methylguanylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-méthyladénylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroadénylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-méthyladénylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroadénylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-methylcytidylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-methylguanylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-methyluridylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-methyladénylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-methylcytidylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-methylcytidylyl-(5'→2')-1-dé-β-D-ribofuranosyl-1-[(2<i>S</i>)-2,3-dihydroxypropyl]-5-methyluridylyl-(3'→3')-2'-<i>O</i>-methylguanylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-methyladénylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-methyluridylyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-methyl-<i>P</i>-thioadénylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoro-<i>P</i>-thioguanilyl-(5'→3')-2'-<i>O</i>-méthyladénosine</p>
rapirosirán	<p><i>todo-P-ambo</i>-2'-<i>O</i>-metil-<i>P</i>-tioadenilil-(3'→5')-2'-<i>O</i>-metil-<i>P</i>-tiouridilil-(3'→5')-2'-<i>O</i>-metilguanilil-(3'→5')-2'-<i>O</i>-metilcitudilil-(3'→5')-2'-<i>O</i>-metiluridilil-(3'→5')-2'-<i>O</i>-metiluridilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorouridilil-(3'→5')-2'-<i>O</i>-metiluridilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroguanilil-(3'→5')-2'-<i>O</i>-metilcitudilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroadenilil-(3'→5')-2'-<i>O</i>-metiluridilil-(3'→5')-2'-<i>O</i>-metilguanilil-(3'→5')-2'-<i>O</i>-metilguanilil-(3'→5')-2'-<i>O</i>-metiladenilil-(3'→5')-2'-<i>O</i>-metilcitudilil-(3'→5')-2'-<i>O</i>-metiluridilil-(3'→5')-2'-<i>O</i>-metiladenilil-(3'→5')-2'-<i>O</i>-metiluridilil-(3'→5')-2'-<i>O</i>-metilcitudilil-(3'→5')-hidrógeno-2'-<i>O</i>-metiluridilato de [(2<i>S</i>,4<i>R</i>)-1-(1-[(2-acetamido-2-desoxi-β-D-galactopiranosil)oxi]-16,16-bis({3-[(3-{5-[(2-acetamido-2-desoxi-β-D-galactopiranosil)oxi]pentanamido)propil]amino}-3-oxopropil)metil)-5,11,18-trioxo-14-oxa-6,10,17-triazanonacosan-29-oiil)-4-hidroxi-pirrolidin-2-il)]metilo</p> <p>dúplex con <i>todo-P-ambo</i>-2'-<i>O</i>-metil-<i>P</i>-tiocitudilil-(5'→3')-2'-<i>O</i>-metil-<i>P</i>-tiouridilil-(5'→3')-2'-<i>O</i>-metiluridilil-(5'→3')-2'-<i>O</i>-metiladenilil-(5'→3')-2'-<i>O</i>-metilcitudilil-(5'→3')-2'-<i>O</i>-metilguanilil-(5'→3')-2'-<i>O</i>-</p>

metiladenilil-(5'→3')-2'-desoksi-2'-fluoroadenilil-(5'→3')-2'-O-metiladenilil-(5'→3')-2'-desoksi-2'-fluoroadenilil-(5'→3')-2'-O-metilcitiidilil-(5'→3')-2'-O-metilguanilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-2'-O-metiladenilil-(5'→3')-2'-O-metilcitiidilil-(5'→3')-2'-O-metilcitiidilil-(5'→2')-1-des-β-D-ribofuranosil-1-[(2S)-2,3-dihidroxiopropil]-5-metiluridilil-(3'→3')-2'-O-metilguanilil-(5'→3')-2'-O-metiladenilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-2'-O-metil-P-tioadenilil-(5'→3')-2'-desoksi-2'-fluoro-P-tioguanilil-(5'→3')-2'-O-metiladenosina



N : A,C,G,U
 N : 2'-O-methyl-N / 2'-O-méthyl-N / 2'-O-metil-N
 N̄ : 2'-deoxy-2'-fluoro-N / 2'-désoxy-2'-fluoro-N / 2'-desoxi-2'-fluoro-N
 - : -PO(OH)- =: -PO(SH)-



redafamdistatum

redafamdistat

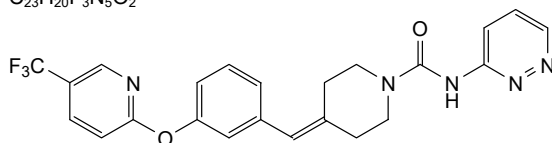
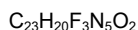
N-(pyridazin-3-yl)-4-[(3-[[5-(trifluoromethyl)pyridin-2-yl]oxy]phenyl)methylidene]piperidine-1-carboxamide

redafamdistat

N-(pyridazin-3-yl)-4-[(3-[[5-(trifluorométhyl)pyridin-2-yl]oxy]phényl)méthylidène]pipéridine-1-carboxamide

redafamdistat

N-(piridazin-3-il)-4-[(3-[[5-(trifluorometil)piridin-2-il]oxi]fenil)metilideno]piperidina-1-carboxamida



reflocibartum #

reflocibart

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* VEGFB (vascular endothelial growth factor B)], humanized monoclonal antibody; gamma4 heavy chain humanized (1-447) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-2*06 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120)-*Homo sapiens*IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10 (CH1 (121-218), hinge 1-12 S10>P (228) (219-230), CH2 L92 (309) (231-340), CH3 (341-445), CHS (446-447)) (121-447)], (134-214')-disulfide with kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-39*01 (88.4%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'') (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dimer (226-226''-229-229'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1SV, glycoform alfa

réflocibart	immunoglobuline G4-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> VEGFB (facteur de croissance B de l'endothélium vasculaire)], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde gamma4 humanisée (1-447) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-2*06 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120)- <i>Homo sapiens</i> IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10 (CH1 (121-218), charnière 1-12 S10>P (228) (219-230), CH2 L92 (309) (231-340), CH3 (341-445), CHS (446-447)) (121-447)], (134-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 (88.4%) -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 (226-226''-229-229'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1SV, glycoforme alfa
reflocibart	inmunoglobulina G4-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> VEGFB (factor de crecimiento B del endotelio vascular)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada gamma4 humanizada (1-447) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-2*06 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120)- <i>Homo sapiens</i> IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10 (CH1 (121-218), bisagra 1-12 S10>P (228) (219-230), CH2 L92 (309) (231-340), CH3 (341-445), CHS (446-447)) (121-447)], (134-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 (88.4%) -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')]; dímero (226-226''-229-229'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1SV, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT GFWIHWVRQA PGQGLEWMGH 50
 INPGNGGNTY NEKFKRRVTM TRDKSISTAY MELSRRLSDD TAVYICARSY 100
 SNVVRAMDYW GQGTLLTVSS ASTKGPSVFP LAPCSRSTSE STAAALGCLVK 150
 DYFPEFVTVS WNSGALTSKV HTFFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTRK 200
 YTCNVDHKPS NTKVDKRVEE KYGPPCPCCP APEFLGGPSV FLFPPKPKDT 250
 LMSRTPEVT CVVVDVSOED PEVQFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQFNSTY 300
 RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKGLPS SIEKTIKAK GQPREPQVYV 351
 LPPSQEEMTK NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTTTPPVLD 400
 DGSFFLYSRL TVDKSRWQEG NVFSCSVMHE ALHNHYTQKS LLSLSLKG 447

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

DIQMTQSPSS LSASVGRVIT ITCRASQDIS NFLNWWYQQKP GKAPKLLIYY 50
 TSTLHSGVPS RFGSGSGGTD PTLTISSLQP EDFATYYCQQ GTLTPPTFFGG 100
 GTKVEIKRIV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWVK 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT 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) 22-96 147-203 261-321 367-425
 22"-96" 147"-203" 261"-321" 367"-425"

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

Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 134-214' 134"-214"
 Inter-H-H (h 8, h 11) 226-226" 229-229"

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

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

H VH Q1: 1, 1"

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

H CH2 N84.4: 297, 297"

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

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

H CHS K2: 447, 447"

remumioceleum
remumiocele

allogenic ventricular cardiomyocyte spheroids derived from human induced pluripotent stem cells (iPSC). The iPSC cell bank was established from peripheral blood mononuclear cells (PBMCs) isolated from a healthy human donor by episomal reprogramming with plasmid vectors expressing octamer-binding transcription factor 3/4 (OCT-3/4), SOX2, Krueppel-like factor 4 (KLF4), L-MYC, LIN28, tumor suppressor p53 (Tp53), and Epstein-Barr nuclear antigen 1 (EBNA1). The cells were initially cultivated with a feeder-free stem cell culture media with interleukin-6 (IL-6), stem cell factor, thrombopoietin, Flt-3 ligand, IL-3, and granulocyte colony-stimulating factor. Following induction, the cells were seeded on plates coated with a truncated form of laminin in the same media. Clones were chosen based on the best efficiency for subsequent cardiac differentiation.

The iPSCs were differentiated into cardiomyocytes (CMs) in media containing a defined serum-free supplement lacking insulin, initially supplemented with bone morphogenetic protein 4 (BMP4) and CHIR-99021 (glycogen synthase kinase 3 (GSK-3) inhibitor), and subsequently supplemented with a tankyrase inhibitor. The cells were further culture expanded in medium containing foetal bovine serum.

Undifferentiated iPSC were removed using an adhesive culture in glucose- and glutamine-depleted media supplemented with lactic acid. The harvested CMs (>98%) were subsequently cultured on plates to form cardiomyocyte spheroids. The final cells are troponin T and myosin light chain 2 ventricular isoform (MLC2v) positive, negative for the undifferentiated iPSC marker OCT-3/4 and secrete vascular endothelial growth factor (VEGF) and other growth factors.

rémumiocele

sphéroïdes de cardiomyocytes ventriculaires allogènes dérivés de cellules souches pluripotentes induites (iPSC) humaines. La banque de cellules iPSC a été établie à partir de cellules mononucléaires de sang périphérique (PBMC) isolées d'un donneur humain sain par reprogrammation épisomique avec des vecteurs plasmidiques exprimant le facteur de transcription se liant à l'octamère 3/4 (OCT-3/4), SOX2, le facteur 4 de type Krueppel (KLF4), L-MYC, LIN28, le suppresseur de tumeur p53 (Tp53) et l'antigène nucléaire 1 d'Epstein-Barr (EBNA1). Les cellules ont été initialement cultivées avec un milieu de culture de cellules souches sans cellules nourricières contenant de l'interleukine-6 (IL-6), du facteur de cellules souches, de la thrombopoïétine, du ligand Flt-3, de l'IL-3 et du facteur de stimulation des colonies de granulocytes. Après l'induction, les cellules ont étéensemencées sur des plaques recouvertes d'une forme tronquée de laminine dans le même milieu. Les clones ont été choisis en fonction de leur meilleur rendement lors de la différenciation cardiaque ultérieure.

Les iPSC ont été différenciées en cardiomyocytes (CMs) dans un milieu contenant un supplément

remumiocel

spécifique sans sérum et dépourvu d'insuline, initialement complétement par la protéine morphogénétique osseuse 4 (BMP4) et le CHIR-99021 (inhibiteur de la glycogène synthase kinase 3 (GSK-3)), puis complétement par un inhibiteur de la tankyrase. Les cellules ont été ensuite mises en culture et amplifiées dans un milieu contenant du sérum bovin foetal. Les iPSC indifférenciées ont été éliminées par culture adhésive dans un milieu appauvri en glucose et en glutamine, complétement avec de l'acide lactique. Les CMs récoltés (>98%) ont été ensuite cultivés sur des plaques pour former des sphéroïdes de cardiomyocytes. Les cellules finales sont positives pour la troponine T et l'isoforme ventriculaire de la chaîne légère de myosine 2 (MLC2v), négatives pour le marqueur d'iPSC indifférencié OCT-3/4 et sécrètent le facteur de croissance endothélial vasculaire (VEGF) et d'autres facteurs de croissance.

esferoides de cardiomiocitos ventriculares alogénicos derivados de células madre pluripotentes inducidas (iPSCs) humanas. El banco celular de iPSCs se estableció a partir de células mononucleares de sangre periférica (PBMCs) aisladas de un donante humano sano mediante reprogramación episómica con vectores plasmídicos que expresan el factor de transcripción 3/4 de unión a octámero (OCT-3/4), SOX2, el factor similar a Krueppel 4 (KLF4), L-MYC, LIN28, el supresor de tumores p53 (Tp53) y el antígeno nuclear 1 del Epstein-Barr (EBNA1). Las células se cultivaron inicialmente con un medio de cultivo de células madre sin células alimentadoras (feeder) con interleuquina 6 (IL-6), factor de células madre, trombopoyetina, ligando de Flt-3, IL-3 y factor estimulador de colonias de granulocitos. Tras la inducción, las células se sembraron en placas tapizadas con una forma truncada de la laminina en el mismo medio. Los clones se eligieron en base a la mejor eficiencia para la posterior diferenciación cardíaca.

Las iPSCs se diferenciaron a cardiomiocitos (CMs) en un medio sin suero que contiene un suplemento definido sin insulina, suplementado inicialmente con proteína morfogenética de hueso 4 (BMP4) y CHIR-99021 (inhibidor de la glicógeno sintetasa quinasa 3 (GSK-3)) y suplementado posteriormente con un inhibidor de tanquirasa. Las células se expanden en cultivo en un medio que contiene suero de ternera fetal. Las iPSCs no diferenciadas se eliminan usando un cultivo adhesivo en medio deplecionado de glucosa y glutamina y suplementado con ácido láctico. Los CMs cosechados (>98%) se cultivan posteriormente en placas hasta formar esferoides de cardiomiocitos. Las células finales son positivas para la troponina T y para la isoforma ventricular de la cadena ligera de la miosina 2 (MLC2v), negativas para el marcador de iPSCs no diferenciadas OCT-3/4 y secretan factor de crecimiento del endotelio vascular (VEGF) y otros factores de crecimiento.

renizgamglogenum autogedtemcelum #

renizgamglogene autogedtemcel

autologous human CD34+ hematopoietic stem/precursor cells (HSPCs), obtained from peripheral blood by leukapheresis from *plerixafor*-mobilized sickle cell disease (SCD) patients or granulocyte colony stimulating factor (G-CSF) and *plerixafor*-mobilized transfusion dependent beta-thalassemia (TDT) patients, genetically modified *ex vivo* by CRISPR/Cas12a (clustered regularly interspaced palindromic repeats/modified *Acidaminococcus sp.* Cas12a) endonuclease complexed with a guide RNA (gRNA) that targets the CCAAT-box region of both gamma globin gene (HGB1 and HGB2) promoters on chromosome 11, creating indels that disrupt repressor binding and increase gamma globin expression. The editing components are introduced into the target cell population as a ribonucleoprotein complex by electroporation. The cell suspension is enriched for CD34+ cells using magnetic bead separation. Following electroporation, the cells are cultured in media containing thrombopoietin, Fms-related tyrosine kinase 3 ligand (Flt3L), and stem cell factor (SCF). The substance consists of cells with ≥70% CD34/CD45+ purity and ≥70% on-target editing.

rénizgamglogène autogedtemcel

cellules souches/précurseurs hématopoïétiques humaines autologues (HSPC) CD34+, obtenues par leucaphérèse à partir de sang périphérique de patients atteints de drépanocytose mobilisés par le *plerixafor* ou de patients atteints de bêta-thalassémie dépendante à la transfusion mobilisés par le facteur de stimulation des colonies de granulocytes (G-CSF) et le *plerixafor*, génétiquement modifiés *ex vivo* par l'endonucléase CRISPR/Cas12a (courtes répétitions palindromiques groupées et régulièrement espacées/modifiée chez *Acidaminococcus sp.* Cas12a) complexée avec un ARN guide (ARNg) qui cible la région de la boîte CCAAT des deux promoteurs des gènes de la gamma-globine (HGB1 et HGB2) sur le chromosome 11, créant des indels qui perturbent la liaison du répresseur et augmentent l'expression de la gamma-globine. Les composants d'édition sont introduits dans la population cellulaire cible sous la forme d'un complexe ribonucléoprotéique par électroporation. La suspension cellulaire est enrichie en cellules CD34+ à l'aide d'une séparation par billes magnétiques. Après l'électroporation, les cellules sont cultivées dans un milieu contenant de la thrombopoïétine, le ligand de la tyrosine kinase 3 apparentée au Fms (Flt3L) et le facteur de cellules souches (SCF). La substance est constituée de cellules avec une pureté ≥70% CD34/CD45+ et ≥70% d'édition sur cible.

renizgamglogén autogedtemcel

células madre/precursoras hematopoyéticas (HSPC) CD34+ humanas, autólogas, obtenidas de sangre

periférica mediante leucoaféresis de pacientes con enfermedad de células falciformes previa movilización con *plerixafor* o de pacientes con beta-talasemia dependientes de transfusión previa movilización con factor estimulador de colonias de granulocitos (G-CSF) y *plerixafor*. Las células se modifican genéticamente *ex vivo* mediante CRISPR/endonucleasa Cas12a (repeticiones palindrómicas agrupadas y espaciadas regularmente/Cas12a de *Acidaminococcus sp.* modificada) en complejo con un ARN guía (ARNg) dirigido a la región CCAAT-box de los promotores de los dos genes de la gamma globina (HBG1 y HBG2) en el cromosoma 11, creando indeles que interrumpen la unión del represor e incrementan la expresión de gamma globina. Los componentes editores se introducen en la población celular diana como complejos de ribonucleoproteína mediante electroporación. La suspensión celular se enriquece en células CD34+ usando separación por bolas magnéticas. Tras la electroporación, las células se cultivan en medio que contiene trombopoyetina, ligando de tirosina quinasa 3 similar a FMS (Flt3L) y factor de células madre (SCF). La sustancia consiste en células con una pureza de $\geq 70\%$ CD34/CD45+ y $\geq 70\%$ con edición en el sitio deseado (*on-target*).

repicericelum
repicericel

autologous red blood cells (RBC) isolated from whole blood, with platelets removed through cell washing and white blood cells (WBCs) removed by leukoreduction filtration. The RBCs are reconstituted in media containing dimethylsulfoxide (DMSO) and loaded with antigens (synthetic long peptides (SLPs) containing HLA-A*02-restricted E6 and E7 epitopes of human papillomavirus 16 (HPV16)) and the adjuvant polyinosinic-polycytidylic acid (poly I:C), which are delivered to the RBCs by flow through microfluidic chip containing constrictions narrower than the cell that temporarily disrupts the cell membrane to allow the material to enter the cell.

The final cells are at least 70% positive for glycophorin A (CD235a) and annexin V, and contain poly I:C. In co-culture with monocyte-derived dendritic cells the RBCs induce interferon gamma (IFN γ) secretion by E7 antigen-specific CD8+ T lymphocytes.

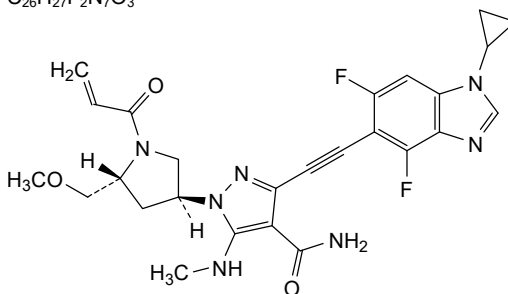
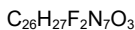
E6 SLP: QLCTELQ**TTIHDIILECVYCKQQLL**; E7 SLP: QLCTELQ**TYMLDLQPETTYCKQQLL**

The antigenic epitopes for HPV16 are in bold.

répicericel

globules rouges (GR) autologues, isolés à partir de sang total, avec les plaquettes éliminées par lavage cellulaire et les globules blancs (GB) par filtration avec déleucocytation. Les GR sont reconstitués dans un milieu contenant du diméthylsulfoxyde (DMSO) et chargés avec des antigènes (longs peptides synthétiques (SLP) contenant les épitopes E6 et E7 du

	<p>virus humain du papillome types 16 (HPV16) restreints par HLA-A*02) et de l'adjuvant acide polyinosinique-polycytidylique (poly I:C), qui sont administrés aux GR par un flux traversant une puce microfluidique présentant des constrictions plus étroites que la cellule perturbant temporairement la membrane cellulaire pour permettre au matériel de pénétrer dans la cellule. Les cellules finales sont positives à au moins 70 % à la glycophorine A (CD235a) et l'annexine V, et contiennent du poly I:C. En co-culture avec des cellules dendritiques dérivées de monocytes, les GR induisent la sécrétion d'interféron gamma (IFNγ) par les lymphocytes T CD8+ spécifiques de l'antigène E7. E6 SLP: QLCTELQTTIHDIILECVYCKQQLL; E7 SLP: QLCTELQTYMLDLQPETTYCKQQLL Les épitopes antigéniques du HPV16 sont en caractères gras.</p>
<p>repicericel</p>	<p>eritrocitos autólogos aislados de sangre total, donde se han eliminado las plaquetas mediante lavados celulares y los leucocitos mediante filtración leucorreductora. Los eritrocitos se reconstituyen en medio que contiene dimetil sulfóxido (DMSO) y se cargan con antígenos (péptidos sintéticos largos (SLP) que contienen epítomos de E6 y E7 del papillomavirus humano de tipo 16 (HPV16) restringidos por HLA-A*02) y el adyuvante ácido poliinosínico-policitidílico (poli I:C), los cuales se administran a los eritrocitos mediante flujo a través de constricciones con chips microfluidicos más estrechas que las células, lo que desorganiza temporalmente la membrana celular para permitir que el material entre en la célula. Las células finales son al menos 70% positivas para glicoforina A (CD235a) y anexina V y contienen poli I:C. En co-cultivo con células dendríticas derivadas de monocitos, los eritrocitos inducen la secreción de interferón gamma (IFNγ) en linfocitos T CD8+ específicos del antígeno E7. E6 SLP: QLCTELQTTIHDIILECVYCKQQLL; E7 SLP: QLCTELQTYMLDLQPETTYCKQQLL Los epítomos antigénicos para HPV16 están en letras en negrita.</p>
<p>resigratinibum resigratinib</p>	<p>3-[(1-cyclopropyl-4,6-difluoro-1<i>H</i>-1,3-benzimidazol-5-yl)ethynyl]-1-[(3<i>S</i>,5<i>R</i>)-5-(methoxymethyl)-1-(prop-2-enoyl)pyrrolidin-3-yl]-5-(methylamino)-1<i>H</i>-pyrazole-4-carboxamide</p>
<p>résigratinib</p>	<p>3-[(1-cyclopropyl-4,6-difluoro-1<i>H</i>-1,3-benzimidazol-5-yl)éthynyl]-1-[(3<i>S</i>,5<i>R</i>)-5-(méthoxyméthyl)-1-(prop-2-énoyl)pyrrolidin-3-yl]-5-(méthylamino)-1<i>H</i>-pyrazole-4-carboxamide</p>
<p>resigratinib</p>	<p>3-[(1-ciclopropil-4,6-difluoro-1<i>H</i>-1,3-benzimidazol-5-il)etiniil]- 5-(metilamino)-1-[(3<i>S</i>,5<i>R</i>)- 5-(metoximetil)-1-(prop-2-enoi)lpirrolidin-3-il]-1<i>H</i>-pirazol-4-carboxamida</p>

**rezatapoptum**

rezatapopt

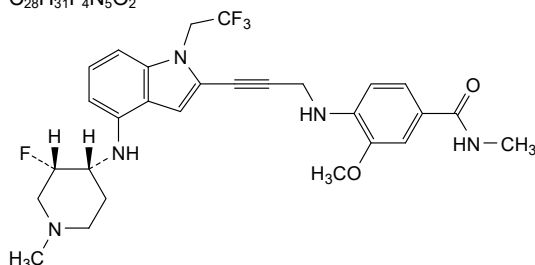
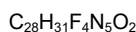
4-({3-[4-{{(3*S*,4*R*)-3-fluoro-1-methylpiperidin-4-yl}amino)-1-(2,2,2-trifluoroethyl)-1*H*-indol-2-yl}prop-2-yn-1-yl}amino)-3-methoxy-*N*-methylbenzamide

rézatapopt

4-({3-[4-{{(3*S*,4*R*)-3-fluoro-1-méthylpipéridin-4-yl}amino)-1-(2,2,2-trifluoroéthyl)-1*H*-indol-2-yl}prop-2-yn-1-yl}amino)-3-méthoxy-*N*-méthylbenzamide

rezatapopt

4-({3-[4-{{(3*S*,4*R*)-3-fluoro-1-metilpiperidin-4-il}amino)-1-(2,2,2-trifluoroetil)-1*H*-indol-2-il}prop-2-in-1-il}amino)-3-metoksi-*N*-metilbenzamida

**rezetamigum #**

rezetamig

immunoglobulin half G4-kappa_G4(VH-h-CH2-CH3), anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon)] and anti-[*Homo sapiens* CD22 (sialic acid binding Ig-like lectin 2, SIGLEC2, SIGLEC-2, B-lymphocyte cell adhesion molecule, BL-CAM, Leu-14)], *Homo sapiens* monoclonal antibody, bispecific, bivalent; gamma4 heavy chain anti-CD3E *Homo sapiens* (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-9*01 (98.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112)) (1-123)-*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10, G4v4 CH2 A1.3, A1.2, G4v32 CH3 W22 (knob) (CH1 (124-221), hinge 1-12 S10>P (231) (222-233), CH2 F1.3>A (237), L1.2>A (238), L92 (312) (234-343), CH3 T22>W (369) (344-448), CHS (449-450)) (124-450)], (137-214')-disulfide with kappa light chain anti-CD3E *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (100%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens*

	<p>IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214'); gamma4 heavy chain anti-CD22 <i>Homo sapiens</i> VH-h-CH2-CH3 (1"-347") [VH (<i>Homo sapiens</i>IGHV4-39*01 (91.9%) -(IGHD) -IGHJ1*01 W118>R (108'') (85.7%), CDR-IMGT [10.7.10] (26"-35".53"-59".98"-107'')) (1"-118'')-<i>Homo sapiens</i>IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10,G4v4 CH2 A1.3, A1.2, G4v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) (hinge 1-12 S10>P (128'') (119"-130''), CH2 F1.3>A (134''), L1.2>A (135''), L92 (209'') (131"-240''), CH3 T22>S (266''), L24>A (268''), Y86>V (307'') (241"-345''), CHS (346"-347'')) (119"-347''); dimer (229-126":232-129'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa</p>
<p>rézétamig</p>	<p>immunoglobuline demi G4-kappa_G4(VH-h-CH2-CH3), anti-[<i>Homo sapiens</i> CD3E (CD3 epsilon)] et anti-[<i>Homo sapiens</i> CD22 (Ig-like lectine 2 liant l'acide sialique, SIGLEC2, SIGLEC-2, molécule d'adhésion cellulaire du lymphocyte B, BL-CAM, Leu-14)], anticorps monoclonal <i>Homo sapiens</i>, bispécifique, bivalent; chaîne lourde gamma4 anti-CD3E <i>Homo sapiens</i> (1-450) [VH (<i>Homo sapiens</i>IGHV3-9*01 (98.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112)) (1-123)-<i>Homo sapiens</i>IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10,G4v4 CH2 A1.3, A1.2,G4v32 CH3 W22 (knob) (CH1 (124-221), charnière 1-12 S10>P (231) (222-233), CH2 F1.3>A (237), L1.2>A (238), L92 (312) (234-343), CH3 T22>W (369) (344-448), CHS (449-450)) (124-450)], (137-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa anti-CD3E <i>Homo sapiens</i> (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i>IGKV3-15*01 (100%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.10] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -<i>Homo sapiens</i>IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214''); chaîne lourde gamma4 anti-CD22 <i>Homo sapiens</i> VH-h-CH2-CH3 (1"-347") [VH (<i>Homo sapiens</i>IGHV4-39*01 (91.9%) -(IGHD) -IGHJ1*01 W118>R (108'') (85.7%), CDR-IMGT [10.7.10] (26"-35".53"-59".98"-107'')) (1"-118'')-<i>Homo sapiens</i>IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10,G4v4 CH2 A1.3, A1.2, G4v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) (charnière 1-12 S10>P (128'') (119"-130''), CH2 F1.3>A (134''), L1.2>A (135''), L92 (209'') (131"-240''), CH3 T22>S (266''), L24>A (268''), Y86>V (307'') (241"-345''), CHS (346"-347'')) (119"-347''); dimère (229-126":232-129'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa</p>
<p>rezetamig</p>	<p>immunoglobulina demi G4-kappa_G4(VH-h-CH2-CH3), anti-[<i>Homo sapiens</i> CD3E (CD3 épsilon)] y anti-[<i>Homo sapiens</i> CD22 (lectina 2 similar a la Ig que se une al ácido siálico, SIGLEC2, SIGLEC-2, molécula de adhesión celular del linfocito B, BL-CAM, Leu-14)], anticuerpo monoclonal <i>Homo sapiens</i>, biespecifico, bivalente;</p>

cadena pesada gamma4 anti-CD3E *Homo sapiens* (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-9*01 (98.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112)) (1-123)-*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10,G4v4 CH2 A1.3, A1.2,G4v32 CH3 W22 (knob) (CH1 (124-221), bisagra 1-12 S10>P (231) (222-233), CH2 F1.3>A (237), L1.2>A (238), L92 (312) (234-343), CH3 T22>W (369) (344-448), CHS (449-450)) (124-450)], (137-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa anti-CD3E *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (100%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.10] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; cadena pesada gamma4 anti-CD22 *Homo sapiens* VH-h-CH2-CH3 (1"-347") [VH (*Homo sapiens* IGHV4-39*01 (91.9%) -(IGHD) -IGHJ1*01 W118>R (108") (85.7%), CDR-IMGT [10.7.10] (26"-35".53"-59".98"-107'')) (1"-118")-*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10,G4v4 CH2 A1.3, A1.2, G4v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) (bisagra 1-12 S10>P (128") (119"-130"), CH2 F1.3>A (134"), L1.2>A (135"), L92 (209") (131"-240"), CH3 T22>S (266"), L24>A (268"), Y86>V (307") (241"-345"), CHS (346"-347'')) (119"-347'')]; dímero (229-126":232-129")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: anti-CD3 G4 (H)

EVQLVDSGGG	LVQFGRSLRL	SCAASGFTFH	NYAMHWVRQA	PGKGLEWVSG	50
ISWNSGSIGY	ADSVKGRFTI	SRDNAKNSLY	LQMNLSRAED	TALYYCAKDS	100
RGYGDYSLGG	AYWQGTLVLT	VSSASTKGPS	VFPLAPCSR	TSESTAALGC	150
LVKDYFPEPV	TVSWNSGALT	SGVHTFPAVL	QSSGLYSLSS	VVTVPSSSLG	200
TKTYTCNVDH	KPSNTKVDKR	VESKYGPFC	PCPAPEAAGG	PSVFLFPFKP	250
KDTLMSRTP	EVTCTVVDVS	QEDPEVQFNW	YVDGVEVHNA	KTKPREQFQN	300
STYRVVSVLT	VLHQDNLNGK	EYKCKVSNKG	LPSSIEKTI	KAKGQPREPQ	350
VYTLPPSQEE	MTKNQVSLWC	LVKGFYPSDI	AVENESNGQP	ENNYKTTTPPV	400
LDSDSGFFLY	SRLTVDKSRW	QEGNVFSCSV	MHEALNHYT	QKSLSLSLGK	450

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: anti-CD3 L-kappa (L')

EIVMTQSPAT	LSVSPGERAT	LSCRASQSV	SNLAWYQQK	GQAPRLLIYG	50
ASTRATGIPA	RFGSGSGT	FLLTISLQ	EDFAVYCCQ	YNNWPWTFQG	100
GTRVETKRTV	AAPSVFIFPP	SDEQLKSGT	SVVCLLNPF	PREAKVQWVK	150
DNALQSGNSQ	ESVTEQDSK	STYLSLSTLT	LSKADYEKHK	VYACEVTHQG	200
LSSPVTKSFN	RGEC				214

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: anti-CD22 G4(VH-h-CH2-CH3) (H")

QLQLQESGPG	LVKPESETLSL	TCTVSGDSIS	SGDYWGWIR	QPPKGLEW	50
GHIYYSGATY	YNPSENRTV	ISVDTSKNQF	SLKLSSVTA	DTAVYYCTRD	100
DSSNWRSRGQ	GTLVTVSSES	KYGPCCPFC	AFEAAGGPSV	FLFPPKPKDT	150
LMISRTPPEVT	CVVVDVSD	PEVQFNWVD	GVEVHNAKTK	PREEQFNSTY	200
RVVSVTLTVLH	QDNLNGKEYK	CKVSNKGLPS	SIEKTISKAK	GQPREPQVYT	250
LPSPQEEEMTK	NQVSLSCAVK	GFYPSDIAVE	WESNGQPENN	YKTTTPPVLD	300
DGSFFLVSR	TVDKSRWQEG	NVFCSCVMHE	ALNHYTQKS	LSLSLGK	347

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-96 150-206 264-324 370-428
22"-97" no CH1 161"-221" 267"-325"

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

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

Inter-H-H (h 8, h 11) 229-126" 232-129"

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

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

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

H CH2 N84.4: 300, 197"

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

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

H CHS K2: 450, 347"

rezorstobartum

rezorstobart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* KLRB1 (killer cell lectin like receptor B1, NKR-P1A, natural killer cell surface protein P1A, CLEC5B, CD161)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;

gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%), Q120>R (113), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v29 CH2 A84.4 (CH1 K120 (218) (122-219), hinge 1-15 (220-234), CH2 G1v29 CH2 N84.4>A (301) (235-344), CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS K2>del (450)) (122-450)], (224-214')-disulfide with kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (94.7%) -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 (230-230":233-233")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1 lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, non-glycosylated

rézorstobart

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* KLRB1 (récepteur B1 lectine like des cellules tueuses, NKR-P1A, protéine de surface P1A des cellules tueuses naturelles, CD161)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;

chaîne lourde gamma1 *Homo sapiens* (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%), Q120>R (113), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v29 CH2 A84.4 (CH1 K120 (218) (122-219), charnière 1-15 (220-234), CH2 G1v29 CH2 N84.4>A (301) (235-344), CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS K2>del (450)) (122-450)], (224-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (94.7%) -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 (230-230":233-233")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1 ne présentant pas le gène de la glutamine synthétase (GS-KO), non-glycosylé

rezorstobart

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* KLRB1 (receptor B1 de tipo lectina de las células asesinas, NKR-P1A, proteína de superficie P1A de las células asesinas naturales, CD161)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*;

cadena pesada gamma1 *Homo sapiens* (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%), Q120>R (113), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v29 CH2 A84.4 (CH1 K120 (218) (122-219), bisagra 1-15 (220-234), CH2 G1v29 CH2 N84.4>A (301) (235-344), CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS K2>del (450)) (122-450)], (224-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (94.7%) -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 (230-230":233-233")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1 en ausencia del gen glutamina sintetasa (GS-KO), no glicosilado

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
 EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS PYAMSWVRQA PGKGLEWVSA 50
 ISASGGTTY ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCAKPL 100
 DSSFWADFDL WGRGTLVTVS SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAAALGCLV 150
 KDYFPEPVTV SWNSGALTSV VHTFPAVLQS SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ 200
 TYICNVNHPK SNTKVDKKVE PKSCDKHTHC PPCPAPELLG GPSVFLFPPK 250
 PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
 ASTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKGQPREP 350
 QVYTLPPSRD ELTKNQVSLT CLVKGFYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTTTP 400
 VLDSGGSFFL YSKLTVDKSR WQQGNVFSFS VMHEALHNHY TQKSLSLSPG 450

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
 DIQLTQSPSS VSASVGDRTV ITCRASQGIS SWLAWYQQPK GKAPKLLIYA 50
 ASSLQSGVPS RFSGSGSGTD FTLTISSLQP EDFATYICQQ HSQLPITFGG 100
 GTKVEIKRTV AAPSFLFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQRNK 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSSLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
 LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications
 Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
 Intra-H (C23-C104) 22-96 148-204 265-325 371-429
 22"-96" 148"-204" 265"-325" 371"-429"
 Intra-L (C23-C104) 23"-88" 134"-194"
 23"-88" 134"-194"
 Inter-H-L (h 5-CL 126) 224-214" 224"-214"
 Inter-H-H (h 11, h 14) 230-230" 233-233"
 No N-glycosylation sites / pas de sites de N-glycosylation / ninguna posición de N-glicosilación
 H CH2 N84.4>A (G1v29): 301, 301"

ribrecabtagenium autoleucelum #

ribrecabtagene autoleucel

autologous T lymphocytes obtained from peripheral blood by leukapheresis, transduced with a self-inactivating, non-replicating lentiviral vector encoding a chimeric antigen receptor (CAR) targeting the B-cell maturation antigen (BCMA). The expressed transgene comprises a CD8α leader sequence, an anti-BCMA humanized camelid single domain antibody (V_{HH}), a CD8α hinge and transmembrane domain, and a 4-1BB co-stimulatory domain and CD3ζ signalling domain, under control of the human elongation factor 1 (EF-1) promoter. The construct is flanked by 5' and 3' long terminal repeats (LTRs) and also contains a ψ packaging signal, a Rev response element (RRE), a central polyurine tract (cPPT) sequence and a Woodchuck hepatitis virus posttranscriptional regulatory element (WPRE). The vector is pseudotyped with vesicular stomatitis virus (VSV) G glycoprotein.

The leukapheresis material is enriched for CD3+ T lymphocytes by positive immunoselection. The lymphocytes are then activated by culture in bags coated with anti-CD3 antibody and recombinant human fibronectin fragment, followed by transduction with the lentiviral vector. The cells are further culture-expanded in growth media containing interleukin 2 (IL-2) and inactivated autologous plasma. The cell suspension consists of T lymphocytes (>95%), with greater than 10% of the T lymphocytes expressing the CAR-BCMA transgene. The transduced T lymphocytes demonstrate cytotoxicity against BCMA-expressing cells (>20%)

ribrecabtagène autoleucel

lymphocytes T autologues obtenus par leucaphérèse à partir de sang périphérique, transduits avec un vecteur lentiviral auto-inactifant et non répliquant codant un récepteur antigénique chimérique (CAR) ciblant l'antigène de maturation des cellules B (BCMA). Le transgène exprimé comprend une séquence de tête CD8α, un anticorps de camélidés humanisé à domaine unique anti-BCMA (V_{HH}), une charnière CD8α et un domaine transmembranaire, ainsi qu'un domaine de co-

stimulation 4-1BB et un domaine de signalisation CD3ζ, sous le contrôle du promoteur du facteur d'élongation 1 (EF-1) humain. La construction est flanquée de répétitions terminales longues (LTR) en 5' et 3' et contient également un signal d'encapsulation ψ, un élément de réponse Rev (RRE), une séquence du tractus polypurine central (cPPT) et un élément de régulation post-transcriptionnelle du virus de l'hépatite de la marmotte (WPRE). Le vecteur est pseudotypé avec la glycoprotéine G du virus de la stomatite vésiculaire (VSV).

Le matériel de leucaphérese est enrichi en lymphocytes T CD3+ par immunosélection positive. Les lymphocytes sont ensuite activés par culture dans des sacs enduits d'anticorps anti-CD3 et d'un fragment de fibronectine humaine recombinante, puis transduits avec le vecteur lentiviral. Les cellules sont ensuite multipliées dans un milieu de croissance contenant de l'interleukine 2 (IL-2) et du plasma autologue inactivé. La suspension cellulaire est constituée de lymphocytes T (>95%), dont plus de 10% expriment le transgène CAR-BCMA. Les lymphocytes T transduits présentent une cytotoxicité contre les cellules exprimant le BCMA (>20%)

ribrecabtagén autoleucel

linfocitos T autólogos obtenidos de sangre periférica mediante leucoaféresis, transducidos con un vector lentiviral auto inactivante, no replicativo, que codifica para un receptor de antígenos quimérico (CAR) dirigido al antígeno de maduración de linfocitos B (BCMA). El transgén expresado contiene una secuencia líder de CD8α, un anticuerpo de dominio único (V_{HH}) humanizado de camélido anti-BCMA, un dominio bisagra y transmembrana de CD8α, y un dominio co-estimulador de 4-1BB y un dominio de señalización de CD3ζ, bajo el control del promotor del factor de elongación 1 (EF-1) humano. El constructo está flanqueado por repeticiones terminales largas (LTRs) en 5' y 3' y también contiene una señal de empaquetamiento ψ, un elemento de respuesta Rev (RRE), una secuencia de tracto de polipurina central (cPPT), y un elemento regulador post-transcripcional del virus de la hepatitis de la marmota (WPRE). El vector está seudotipado con la glicoproteína G del virus de la estomatitis vesicular (VSV). El material de leucoaféresis se enriquece para linfocitos T CD3+ mediante inmunoselección positiva. Los linfocitos se activan después mediante cultivo en bolsas forradas con anticuerpo anti-CD3 y fragmento de fibronectina humana recombinante, seguido de transducción con el vector lentiviral. Las células se expanden más en medio de crecimiento que contiene interleuquina 2 (IL-2) y plasma autólogo inactivado. La suspensión celular consiste en linfocitos T (≥95%), con más del 10% de los linfocitos T que expresan el transgén de CAR-BCMA. Los linfocitos T transducidos demuestran citotoxicidad contra células que expresan BCMA (>20%)

risevistinelum

risevistinel

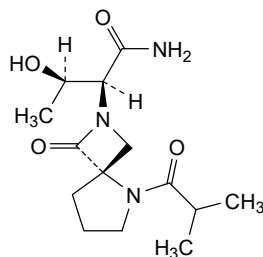
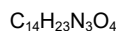
(2*S*,3*R*)-3-hydroxy-2-[(4*S*)-5-(2-methylpropanoyl)-1-oxo-2,5-diazaspiro[3.4]octan-2-yl]butanamide

risévistinel

(2*S*,3*R*)-3-hydroxy-2-[(4*S*)-5-(2-méthylpropanoyl)-1-oxo-2,5-diazaspiro[3.4]octan-2-yl]butanamide

risevistinel

(2*S*,3*R*)-3-hidroxi-2-[(4*S*)-5-(2-metilpropanoil)-1-oxo-2,5-diazaespiro[3.4]octan-2-il]butanamida

**rocbrutinibum**

rocbrutinib

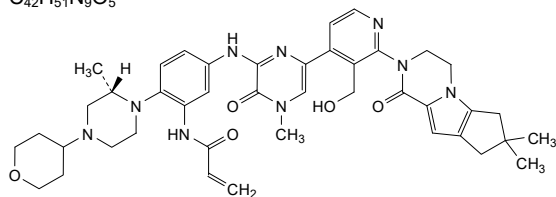
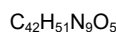
N-[(6²*S*)-2³-(hydroxymethyl)-1⁷,1⁷,3⁴,6²-tetramethyl-1¹,3⁵-dioxo-1¹,1³,1⁴,1⁶,1⁷,1⁸,3⁴,3⁵-octahydro-4-aza-1(2)-cyclopenta[4,5]pyrrolo[1,2-*a*]pyrazina-3(2,6)-pyrazina-6(1,4)-piperazina-2(2,4)-pyridina-7(4)-oxana-5(1,4)-benzenaheptaphan-5³-yl]prop-2-enamide

rocbrutinib

N-[(6²*S*)-2³-(hydroxyméthyl)-1⁷,1⁷,3⁴,6²-tétraméthyl-1¹,3⁵-dioxo-1¹,1³,1⁴,1⁶,1⁷,1⁸,3⁴,3⁵-octahydro-4-aza-1(2)-cyclopenta[4,5]pyrrolo[1,2-*a*]pyrazina-3(2,6)-pyrazina-6(1,4)-pipérazina-2(2,4)-pyridina-7(4)-oxana-5(1,4)-benzénaheptaphan-5³-yl]prop-2-énamide

rocbrutinib

N-[(6²*S*)-2³-(hidroximetil)-1⁷,1⁷,3⁴,6²-tetrametil-1¹,3⁵-dioxo-1¹,1³,1⁴,1⁶,1⁷,1⁸,3⁴,3⁵-octahidro-4-aza-1(2)-ciclopenta[4,5]pirrolo[1,2-*a*]pirazina-3(2,6)-pirazina-6(1,4)-piperazina-2(2,4)-piridina-7(4)-oxana-5(1,4)-bencenaheptafan-5³-il]prop-2-enamida

**roconkibartum #**

roconkibart

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL17A (interleukin 17A, IL-17A)], monoclonal antibody; gamma4 heavy chain (1-444) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*02 (85.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.10] (26-33.51-58.97-106)) (1-117)-*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10 (CH1 (118-215), hinge 1-12 S10>P (225) (216-227), CH2 L92 (306) (228-337), CH3 (338-442), CHS (443-444)) (118-444)], (131-219')-disulfide with kappa light chain (1'-219') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV1-110*01 (92.0%) -IGKJ2*03 (91.7%) S120>Q (105)/*Homo sapiens* IGKV2-30*02 (88.0%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27-37.55-57.94-102)) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (158), V101 (196) (113'-219')]; dimer (223-223":226-226")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa

roconkibart

immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL17A (interleukine 17A, IL-17A)], anticorps monoclonal; chaîne lourde gamma4 (1-444) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*02 (85.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.10] (26-33.51-58.97-106)) (1-117)-*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10 (CH1 (118-215), charnière 1-12 S10>P (225) (216-227), CH2 L92 (306) (228-337), CH3 (338-442), CHS (443-444)) (118-444)], (131-219')-disulfure avec la chaîne légère kappa (1'-219') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV1-110*01 (92.0%) -IGKJ2*03 (91.7%) S120>Q (105)/*Homo sapiens* IGKV2-30*02 (88.0%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27-37.55-57.94-102)) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (158), V101 (196) (113'-219')]; dimère (223-223":226-226")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa

roconkibart

immunoglobulina G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL17A (interleukina 17A, IL-17A)], anticuerpo monoclonal; cadena pesada gamma4 (1-444) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*02 (85.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.10] (26-33.51-58.97-106)) (1-117)-*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10 (CH1 (118-215), bisagra 1-12 S10>P (225) (216-227), CH2 L92 (306) (228-337), CH3 (338-442), CHS (443-444)) (118-444)], (131-219')-disulfuro con la cadena ligera kappa (1'-219') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV1-110*01 (92.0%) -IGKJ2*03 (91.7%) S120>Q (105)/*Homo sapiens* IGKV2-30*02 (88.0%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27-37.55-57.94-102)) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (158), V101 (196) (113'-219')]; dímero (223-223":226-226")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QVQLVQSGAE	VKKPGASVKV	SCKASGYIFT	NYGMNMRQA	PGQGLEWMGW	50
INDHTGEPY	ADKFGGRVTF	TLDTISITAY	MELSRRLSSD	TAVYFCAMYG	100
FGYFDYWGQG	TLVTVSSAST	KGPSVFLPAP	CSRSTSESTA	ALGCLVKDYF	150
PEFVTVSWNS	GALTSGVHTF	PAVLQSSGLY	SLSSVTVVPS	SSLGKTKYTC	200
NVDHKPSNTK	VDRKVESKYG	FPCCPCPAPE	FLGGPSVFLF	PPKPKDTLMI	250
SRTPEVTCVV	VDVQEDPEV	QFNWYVDGVE	VHNAKTKPRE	EQFNSTYRVV	300
SVLTVLHQDW	LNGKEYKCKV	SNKGLPSSIE	KTISKAKGQP	REFQVYTLPP	350
SQEEEMTKNQV	SLTCLVKGFY	PSDIAVEWES	NGQPENNYKT	TPFVLDSDGS	400
FFLYSRLTVD	KSRWQEGNVF	SCSVMEALH	NHYTQKLSL	SLGK	444

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

DVVMTQSPLS	LPVTLGQFAS	ISCRSSQSLV	HSNGNSYLHW	YLKQPGQSPQ	50
LLIYKVSNR	SGVPRDFSGS	GGSDFTLKI	SRVEAEDVGV	YYCSQSTHVP	100
YTFGQGTKLE	IKRTVAAPSV	FIFPPSDEQL	KSGTASVUCL	LNNFYPREAK	150
VQWKNVDNAL	SGNSQESVTE	QDSKDYSL	SSTLTLSKAD	YEKHKVYACE	200
VTHQGLSSPV	TKSFNRGEC				219

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104)	22-96	144-200	258-318	364-422
	22"-96"	144"-200"	258"-318"	364"-422"
Intra-L (C23-C104)	23'-93'	139"-199"		
	23"-93"	139"-199"		
Inter-H-L (CH1 10-CL 126)	131-219'	131"-219"		
Inter-H-H (h 8, h 11)	223-223"	226-226"		

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal /

Ciclación del glutaminilo N-terminal

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

piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)

H VH Q1: 1, 1"

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

H CH2 N84.4: 294, 294"

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

complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados.

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

H CHS K2: 444, 444"

roginolisibum

roginolisib

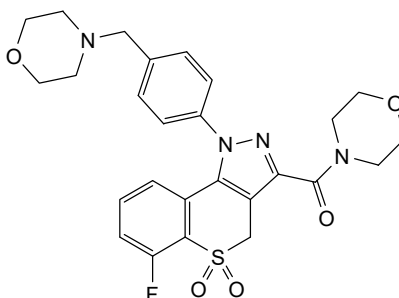
6-fluoro-3-(morpholine-4-carbonyl)-1-{4-[(morpholin-4-yl)methyl]phenyl}-1,4-dihydro-5*H*-5λ⁶-[1]benzothiopyrano[4,3-*c*]pyrazole-5,5-dione

roginolisib

6-fluoro-3-(morpholine-4-carbonyl)-1-{4-[(morpholin-4-yl)méthyl]phényl}-1,4-dihydro-5*H*-5λ⁶-[1]benzothiopyrano[4,3-*c*]pyrazole-5,5-dione

roginolisib

6-fluoro-3-(morfolina-4-carbonil)-1-{4-[(morfolin-4-il)metil]fenil}-1,4-dihidro-5*H*-5λ⁶-[1]benzotiopirano[4,3-*c*]pirazol-5,5-diona

C₂₆H₂₇FN₄O₅S**rovunaptabinum**

rovunaptabin

2'-deoxyguanylyl-(3'→5')-2'-deoxyguanylyl-(3'→5')-thymidylyl-(3'→5')-thymidylyl-(3'→5')-2'-deoxyguanylyl-(3'→5')-2'-deoxyguanylyl-(3'→5')-thymidylyl-(3'→5')-2'-deoxyguanylyl-(3'→5')-thymidylyl-(3'→5')-2'-deoxyguanylyl-(3'→5')-2'-deoxyguanylyl-(3'→5')-thymidylyl-(3'→5')-2'-deoxyguanylyl-(3'→5')-2'-deoxyguanosine

rovunaptabine

2'-désoxyguanylyl-(3'→5')-2'-désoxyguanylyl-(3'→5')-thymidylyl-(3'→5')-thymidylyl-(3'→5')-2'-désoxyguanylyl-(3'→5')-2'-désoxyguanylyl-(3'→5')-thymidylyl-(3'→5')-2'-désoxyguanylyl-(3'→5')-thymidylyl-(3'→5')-2'-désoxyguanylyl-(3'→5')-2'-désoxyguanylyl-(3'→5')-thymidylyl-(3'→5')-thymidylyl-(3'→5')-2'-désoxyguanylyl-(3'→5')-2'-désoxyguanosine

rovunaptabina

2'-desoxiguanilil-(3'→5')-2'-desoxiguanilil-(3'→5')-timidilil-(3'→5')-timidilil-(3'→5')-2'-desoxiguanilil-(3'→5')-2'-desoxiguanilil-(3'→5')-timidilil-(3'→5')-2'-desoxiguanilil-(3'→5')-timidilil-(3'→5')-2'-desoxiguanilil-(3'→5')-2'-desoxiguanilil-(3'→5')-timidilil-(3'→5')-2'-desoxiguanilil-(3'→5')-2'-desoxiguanilil-(3'→5')-2'-desoxiguanosina

C₁₅₀H₁₈₇N₅₇O₉₄P₁₄

(3'-5')d(G-G-T-T-G-G-T-G-T-G-G-T-T-G-G)

N : nucleoside / nucléoside / nucleósido

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

sacituzumabum tirumotecanum

sacituzumab tirumotecan

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TACSTD2 (tumor-associated calcium signal transducer 2, membrane component chromosome 1 surface marker 1, M1S1, gastrointestinal tumor-associated antigen GA7331, pancreatic carcinoma marker protein GA733-1, epithelial glycoprotein-1, EGP-1, trophoblast antigen-2, cell surface glycoprotein Trop-2, TROP2)], humanized monoclonal antibody; conjugated to the topoisomerase I inhibitor

tirumotecan;

gamma1 heavy chain humanized (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV7-4-1*02 (85.70%) -(IGHD)-IGHJ4*01 (86.7) T122>S (115), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (218) (122-219), hinge (220-234), CH2 (235-344), CH3 E12 (360), M14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-214')- disulfide with kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*01 (82.2%) -IGKJ4*01 (91.7%) G120>A (100), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01, Km3, A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dimer (230-230":233-233")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-S, glycoform afa; substituted at the sulfur atoms of eight L-cysteiny residues with 5-(6-(((1-((34S)-38-amino-34-[(4-(((4S)-4-ethyl-11-{2-[N-(propan-2-yl)methanesulfonamido]ethyl)-3,14-dioxo-3,4,12,14-tetrahydro-1H-pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinolin-4-yl]oxy)carbonyl)oxy)methyl}phenyl)carbamoyle]-28,32-dioxo-3,6,9,12,15,18,21,24,30-nonaoxa-27,33-diazaoctatriacontan-1-yl)-1H-1,2,3-triazol-4-yl)methyl]amino)-6-oxohex-1-yn-1-yl)pyrimidin-2-yl (*tirumotecan*) groups

sacituzumab tirumotécan

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TACSTD2 (transducteur 2 de signaux calciques associé aux tumeurs, composant membranaire du chromosome 1 marqueur de surface 1, M1S1, antigène GA7331 associé aux tumeurs gastrointestinales, protéine GA733-1 marqueur de carcinomes pancréatiques, glycoprotéine épithéliale 1, EGP-1, antigène 2 du trophoblaste, glycoprotéine Trop-2 à la surface des cellules, TROP2)], anticorps monoclonal humanisé; conjugué à l'inhibiteur de la topoisomérase I *tirumotécan*;

chaîne lourde gamma1 humanisée (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV7-4-1*02 (85.70%) -(IGHD)- IGHJ4*01 (86.7) T122>S (115), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (218) (122-219), charnière (220-234), CH2 (235-344), CH3 E12 (360), M14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-214')- disulfure avec la chaîne légère kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*01 (82.2%) - IGKJ4*01 (91.7%) G120>A

(100), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01, Km3, A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214'); dimère (230-230":233-233")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-S, glycoforme alfa; substitué sur les atomes de soufre de huit résidus L-cystéinyl avec un groupe 5-(6-{{(1-{{(34S)-38-amino-34-[[4-{{[[[(4S)-4-éthyl-11-{2-[N-(propan-2-yl)méthanesulfonamido]éthyl)-3,14-dioxo-3,4,12,14-tétrahydro-1H-pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinoléin-4-yl]oxy]carbonyl]oxy]méthyl}phényl]carbamoil]-28,32-dioxo-3,6,9,12,15,18,21,24,30-nonaoxa-27,33-diazaoctatriacontan-1-yl)-1H-1,2,3-triazol-4-yl)méthyl]amino}-6-oxohex-1-yn-1-yl)pyrimidin-2-yle (*tirumotécán*)

sacituzumab tirumotécán

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TACSTD2 (transductor 2 de señales cálcicas asociadas a los tumores, componente de la membrana del cromosoma 1 marcador de superficie 1, M1S1, antígeno GA7331 asociado a los tumores gastrointestinales, proteína GA733-1 marcador de carcinomas pancreáticos, glicoproteína epitelial 1, EGP-1, antígeno 2 del trofoblasto, glicoproteína Trop-2 en la superficie de las células, TROP2)], anticuerpo monoclonal humanizado; conjugado al inhibidor de la topoisomerasa I *tirumotécán*; cadena pesada gamma1 humanizada (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV7-4-1*02 (85.70%) -(IGHD)-IGHJ4*01 (86.7) T122>S (115), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (218) (122-219), bisagra (220-234), CH2 (235-344), CH3 E12 (360), M14 (362) (345-449), CHS (450-451) (122-451)], (224-214')- disulfuro con la cadena ligera kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*01 (82.2%) -IGKJ4*01 (91.7%) G120>A (100), CDR-IMGT[6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01, 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 CHO-S, forma glicosilada alfa; substituido sobre los átomos de azufre de ocho residuos L-cisteinil con grupo 5-(6-{{(1-{{(34S)-38-amino-34-[[4-{{[[[(4S)-4-etil-11-{2-[N-(propan-2-il)metanosulfonamido]etil)-3,14-dioxo-3,4,12,14-tetrahydro-1H-pirano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinolein-4-il]oxi]carbonil]oxi]metil}fenil]carbamoil]-28,32-dioxo-3,6,9,12,15,18,21,24,30-nonaoxa-27,33-diazaoctatriacontan-1-il)-1H-1,2,3-triazol-4-il]metil]amino}-6-oxohex-1-in-1-il)pirimidin-2-ilo (*tirumotécán*)

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QVQLQQSGSE LKKPGASVKV SCKASGYTFT NYGMNWKQA PGQGLKWMGW 50
 INTYTGEPTY TDDFKGRFAF SLDTSVSTAY LQISSLKADD TAVYFCARGG 100
 FGSSYWFYFDV WGGGSLVTVS SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV 150
 KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ 200
 TYICNVNHPK SNTKVDKRVK PKSCDKTHTC PPCPAPELLG GPSVFLFPPK 250
 PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
 NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKQPREP 350
 QVYTLPPSRE EMTKNQVSLT CLVKGFPYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTTTP 400
 VLDSGDSGFFL YSKLTVDKSR WQQGNVFSCS VMHEALHNYH TQKLSLSLSPG 450
 K 451

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

DIQLTQSPSS LSASVGDVRS ITCRASQDVS IAWAWYQQKP GKAPKLLIYS 50
 ASYRYTGVPD RFSGSGSGTD FTLTISSLQP EDFAVYYCQQ HYITPLTFGA 100
 GTKVEIKRVT AAPSVEIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PRAEKVQWKV 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
 LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications

Intra-H (C23-C104) 22-96 148-204 265-325 371-429
 22"-96" 148"-204" 265"-325" 371"-429"
 Intra-L (C23-C104) 23'-88' 134'-194'
 23"'-88'" 134"'-194'"
 Inter-H-L* (h 5-CL 126) 224-214' 224"-214"
 Inter-H-H* (h 11, h 14) 230-230" 233-233"

*The four inter-chain disulfide bridges are not present, an average of 8 cysteinyl being conjugated each via a thioether bond to a drug linker.

*Les quatre ponts disulfures inter-chaînes ne sont pas présents, 8 cystéinyl en moyenne étant chacun conjugué via une liaison thioéther à un linker-principe actif.

*Faltan los cuatro puentes disulfuro inter-catenarios, una media de 8 cisteinil está conjugada a conectores de principio activo.

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

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

H VH Q1: 1, 1"

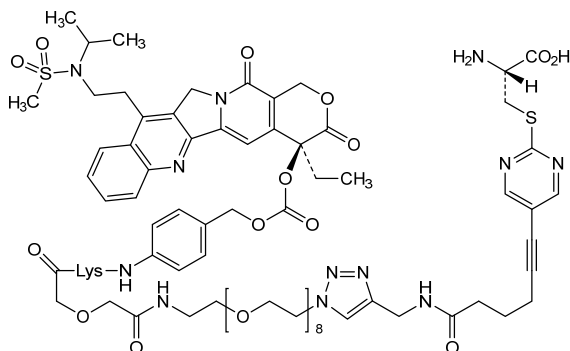
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 301, 301"

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

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

Potential modified residues / Résidus modifiés potentiels / Restos modificados potenciales*
 C (224,230,233,214',224",230",233",214'")



seniprutugum

seniprutug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TRBV9 (T cell receptor beta locus variable 9 gene)], humanized monoclonal antibody; gamma1 heavy chain humanized (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV7-4-1*02 (87.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%), G1m3, nG1m1 CH1 R120, E12, M14 (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)], (225-214')-disulfide with kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (84.2%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimer (231-231":234-234")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-S, glycoform alfa

séniprutug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TRBV9 (gène variable 9 du locus bêta du récepteur des cellules T)], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde gamma1 humanisée (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV7-4-1*02 (87.8%) -(IGHD) -IGHJ3*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%), G1m3, nG1m1 CH1 R120, E12, M14 (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)], (225-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (84.2%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimère (231-231":234-234")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-S, glycoforme alfa

seniprutug

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TRBV9 (gen variable 9 del lugar beta del receptor de las células T)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada gamma1 humanizada (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV7-4-1*02 (87.8%) -(IGHD) -IGHJ3*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%), G1m3, nG1m1 CH1 R120, E12, M14 (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)], (225-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-16*01 (84.2%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dímero (231-231":234-234")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-S, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
 QVQLVQSGSE LKKPGESVKV SCKASGYTFT DYLVHVVVROA PGQGLEWMGW 50
 INTYTGFTPT ADDFEGRFVF SLDTSVSTAN LQISSLKAED TAVYFCARSW 100
 RRGLRGLGFD YWQQTGLVTV SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAAIGCL 150
 VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFFPAVLQ 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 QPENNYKTTT 400
 PVLDSGDSFF LYSKLTVDKS RWQQGNVFSC SVMHEALHNNH YTQKSLSLSP 450
 GK 452

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
 DIQMTQSPYS LSASVGDRTV ITCKASKSIN KYLAWFQQKP GKPKNLLIYD 50
 GSTLQSGVPS RFSGSGSGTD FTLTISLSLEP EDFATYYCQQ HNEYPTTFQG 100
 GTKLEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWQV 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
 LSSPVTKSFN RGEK 214

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

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

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
 H CH2 N84.4: 302, 302"
 Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires
 complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarijos complejos fucosilados

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

sifaroceptum #

sifarocept

human Roundabout guidance receptor 2 (ROBO2, Roundabout homolog 2) fragment (1-203), fused via peptide linker ²⁰⁴GGSGGS²⁰⁹ to human immunoglobulin G1 Fc fragment (h-CH2-CH3-CHS domains [*Homo sapiens* IGHG1*03 (hinge (210-224), CH2 L²²⁸>A, L²²⁹>A, G²³¹>A (225-334), CH3 (335-439), CHS K⁴⁴¹>del (440-440))])(210-440), disulfide bridged-dimer, produced in Chinese hamster ovary (CHO) K1SV cells, glycoform alfa

sifarocept

récepteur humain de guidage Roundabout 2 (ROBO2, homologue Roundabout 2), fragment (1-203), fusionné via la liaison peptidique ²⁰⁴GGSGGS²⁰⁹ au fragment Fc de l'immunoglobuline G1 humaine (domaines h-CH2-CH3-CHS [*Homo sapiens* IGHG1*03 (charnière (210-224), CH2 L²²⁸>A, L²²⁹>A, G²³¹>A (225-334), CH3 (335-439), CHS K⁴⁴¹>del (440-440))])(210-440), dimère à pont disulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO) K1SV, glycoforme alfa

sifarocept

receptor humano de guía Roundabout 2 (ROBO2, homólogo Roundabout 2), fragmento (1-203), fusionado a través de un enlace peptídico ²⁰⁴GGSGGS²⁰⁹ al fragmento Fc de la inmunoglobulina humana G1 (dominios h-CH2-CH3-CHS [*Homo sapiens* IGHG1*03 (bisagra (210-224), CH2 L²²⁸>A, L²²⁹>A, G²³¹>A (225-334), CH3 (335-439), CHS K⁴⁴¹>del (440-440))])(210-440), dímero unido a través de puentes disulfuro, producido en células ováricas de hámster Chino (CHO) K1SV, forma glicosilada alfa

Sequence / Séquence / Secuencia			
SRLRQEDFPP	RIVEHPSDVI	VSKGEPTTLN	CKAEGRPTPT IEWYKDGERSV 50
ETDKDDPRSH	RMLLPSSGLF	FLRIVHGRRS	KPDEGSYVCV ARNYLGEAVS 100
RNASLEVALL	RDDFRQNPTD	VVVAAGEPAI	LECQPPRGHP EPTIYWKDKD 150
VRIDDKKEERI	SIRGGKLMIS	NTRKSDAGMY	TCVGTNMVGE RDSDFAEELTV 200
FERGGSGGSE	PKSSDKTHTC	PPCPAPEAAG	A ₂ PSVFLFPPK PKDTLMISRT 250
PEVTCVVVDV	SHEDPEVKFN	WYVDGVEVHN	AKTKPREEQY NSTYRVVSVL 300
TVLHQDWLNG	KEYKCKVSNK	ALPAPIEKTI	SKAKGQPREP QVYTLPPSRE 350
EMTKNQVSLT	CLVKGFPYPSD	IAVEWESNGQ	PENNYKTTTP VLDSGDSFFL 400
YSKLTVDKSR	WQQGNVFSCS	VMHEALHNNY	TQKSLSLSPG 440

Mutation / Mutation / Mutación

L²²⁸>A, L²²⁹>A, G²³¹>A, K⁴⁴¹>del

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión

²⁰⁴GGSGG²⁰⁹

Post-translational modifications

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

Intra-chain: 31-89, 133-182, 255-315, 361-419, 31'-89', 133'-182', 255'-315', 361'-419'

Inter-chain: 220-220', 223-223'

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

N102, N291, N102', N291'

sigvotatugum

sigvotatug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ITGB6 (integrin subunit beta 6)], humanized monoclonal antibody; gamma1 heavy chain humanized (1-446) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (79.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (213) (117-214), hinge 1-15 (215-229), CH2 (230-339), CH3 D12 (355), L14 (357) (340-444), CHS (445-446)) (117-446)], (219-214')-disulfide with kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (83.2%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dimer (225-225":228-228")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DG44, glycoform alfa

sigvotatug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ITGB6 (sous-unité bêta 6 de l'intégrine)], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde gamma1 humanisée (1-446) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (79.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (213) (117-214), charnière 1-15 (215-229), CH2 (230-339), CH3 D12 (355), L14 (357) (340-444), CHS (445-446)) (117-446)], (219-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (83.2%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dimère (225-225":228-228")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DG44, glycoforme alfa

sigvotatug

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ITGB6 (subunidad beta 6 de la integrina)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada gamma1 humanizada (1-446) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (79.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (213) (117-214), bisagra 1-15

(215-229), CH2 (230-339), CH3 D12 (355), L14 (357) (340-444), CHS (445-446)) (117-446)], (219-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (83.2%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dímero (225-225":228-228")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DG44, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
 QFQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYSFT DYNVNWVWQA PGQGLEWIGV 50
 INPKYGTTRY NQKFKGRATL TVDKSTSTAY MELSSLRSED TAVVYCTRGL 100
 NAWDYWGQGT LVTVSSASTK GPSVFPLAPS SKSTSGGTAA LGLCLVKDYFP 150
 EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP AVLQSSGLYS LSSVVTVVPS SLGTQTYIYN 200
 VNHKPSNTKV DKKVEPKSCD KTHTCPPCPA PELLGGPSVF LFPPKPKDTL 250
 MISRTPEVTC VVVDVSHEDP EVKFNWYVDG VEVHNAKTKP REEQYNSTYR 300
 VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC KVSNAKALPAP IEKTIKSKAG QPREPQVYTL 350
 PPSRDELTKN QVSLTCLVKG FYPSDIAVEW ESNQGPENNY KTTTPVLDSD 400
 GSFFLYSKLT VDKSRWQQGN VFSCSVMEHA LHNHYTQKSL SLSPGK 446

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
 DTQMTQSPSS LSASVGDRTV ITCGASENIY GALNWYQQKP GKAPKLLIYG 50
 ATNLEDGVPS RFGSGSGGRD YFTFISLQP EDIATYYCQN VLTPPYTFQG 100
 GTKLEIKRVT AAPSVFIFFP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYEEKK VYACEVTHQG 200
 LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
 Intra-H (C23-C104) 22-96 143-199 260-320 366-424
 22"-96" 143"-199" 260"-320" 366"-424"
 Intra-L (C23-C104) 23"-88" 134"-194"
 23"-88" 134"-194"
 Inter-H-L (h 5-CL 126) 219-214' 219"-214"
 Inter-H-H (h 11, h 14) 225-225" 228-228"

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

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

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
 H CHS K2: 446, 446"

sigvotatugum vedotinum #
 sigvotatug vedotin

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ITGB6 (integrin subunit beta 6)], humanized monoclonal antibody, conjugated on an average of 4 cysteinyl residues via a cleavable linker to monomethylauristatin E (MMAE);
 gamma1 heavy chain humanized (1-446) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (79.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17.1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (213) (117-214), hinge 1-15 (215-229), CH2 (230-339), CH3 D12 (355), L14 (357) (340-444), CHS (445-446)) (117-446)], (219-214')-disulfide with kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (83.2%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dimer (225-225":228-228")-bisdisulfide; produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DG44, glycoform alfa; substituted at the sulfur atoms of four L-cysteinyl residues on average among 219, 225, 228, 214', 219", 225", 228" and 214" with (3R,S)-1-(6-(((2S)-1-(((2S)-5-(carbamoylamino)-1-[4-(((2S)-1-(((2S)-1-(((3R,4S,5S)-1-((2S)-2-((1R,2R)-3-(((1S,2R)-1-hydroxy-1-

- phenylpropan-2-yl]amino)-1-methoxy-2-methyl-3-oxopropyl]pyrrolidin-1-yl]-3-methoxy-5-methyl-1-oxoheptan-4-yl](methyl)amino)-3-methyl-1-oxobutan-2-yl]amino)-3-methyl-1-oxobutan-2-yl](methyl)carbamoyl]oxy)methyl]anilino)-1-oxopentan-2-yl]amino)-3-methyl-1-oxobutan-2-yl]amino)-6-oxohexyl)-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (vedotin) groups
- sigvotatug védotine immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ITGB6 (sous-unité bêta 6 de l'intégrine)], anticorps monoclonal humanisé, conjugué, par 4 résidus cystéinyle en moyenne, au monométhylauristatine E (MMAE), via un linker clivable; chaîne lourde gamma1 humanisée (1-446) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (79.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (213) (117-214), charnière 1-15 (215-229), CH2 (230-339), CH3 D12 (355), L14 (357) (340-444), CHS (445-446)) (117-446)], (219-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (83.2%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dimère (225-225":228-228")-bisdisulfure; produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DG44, glycoforme alfa; substitué sur les atomes de soufre de 4 résidus L-cystéinyle en moyenne parmi 219, 225, 228, 214', 219", 225", 228" et 214"" avec des groupes (3RS)-1-(6-[[[(2S)-1-[[[(2S)-5-(carbamoylamino)-1-{4-[[[(2S)-1-[[[(2S)-1-[[[(3R,4S,5S)-1-[(2S)-2-[(1R,2R)-3-[[[(1S,2R)-1-hydroxy-1-phénylpropan-2-yl]amino]-1-méthoxy-2-méthyl-3-oxopropyl]pyrrolidin-1-yl]-3-méthoxy-5-méthyl-1-oxoheptan-4-yl](méthyl)amino)-3-méthyl-1-oxobutan-2-yl]amino)-3-méthyl-1-oxobutan-2-yl](méthyl)carbamoyl]oxy)méthyl]anilino)-1-oxopentan-2-yl]amino)-3-méthyl-1-oxobutan-2-yl]amino)-6-oxohexyl)-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (védotine)
- sigvotatug vedotina inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ITGB6 (subunidad beta 6 de la integrina)], anticuerpo monoclonal humanizado, conjugado, por término medio con 4 residuos cisteinilo, con monometilauristatina E (MMAE), a través de un enlace escindible; cadena pesada gamma1 humanizada (1-446) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (79.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (213) (117-214), bisagra 1-15 (215-229), CH2 (230-339), CH3 D12 (355), L14 (357) (340-444), CHS (445-446)) (117-446)], (219-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (83.2%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dímero (225-225":228-228")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DG44, forma glicosilada alfa; substituido en los átomo de azufre de 4 residuos L-cisteinilo por término medio entre 219, 225, 228, 214', 219", 225", 228" y 214"" con grupos (3RS)-1-(6-[[[(2S)-1-[[[(2S)-5-(carbamoilamino)-1-{4-[[[(2S)-1-[[[(2S)-1-[[[(3R,4S,5S)-1-[(2S)-2-[(1R,2R)-3-[[[(1S,2R)-1-fenil-1-hidroxiopropan-2-il]amino]-2-metil-1-metoxi-3-oxopropil]pirolidin-1-il]-5-metil-3-metoxi-1-oxoheptan-4-il](metil)amino)-3-metil-1-oxobutan-2-il]amino)-3-metil-1-oxobutan-2-il](metil)carbamoil]oxi)metil]anilino)-1-oxopentan-2-il]amino)-3-metil-1-oxobutan-2-il]amino)-6-oxohexil)-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo (vedotina)

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QFQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYSFT DYNVNVWRQA PGQGLEWIGV 50
 INPKYGTTRY NQKFKGRATL TVDKSTSTAY MELSSLRSED TAVYYCTRGL 100
 NAWDYWGQGT LVTVSSASTK GPSVFLPAPS SKSTSGGTAA LGCLVKDYFP 150
 EPVTVSWNSG ALTSQGVHTFP AVLQSSGLYS LSSVVTVPSS SLGTQTYICN 200
 VNHKPSNTKV DKKVEPKSCD KHTCCPPCPA PELLGGPSVF LFPPKPKDTL 250
 MISRTPEVTC VVVDVSHEDP EVKFNWYVDG VEVHNAKTKP REEQYNSTYR 300
 VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC KVSNKALPAP IEKTISKAKG QPREPQVYTL 350
 PPSRDELTKN QVSLTCLVKG FYPSDIAVEW ESNGQPENNY KTTTPVLDSD 400
 GSFFLYSKLT VDKSRWQQGN VFSCSVMHFA LHNHYTQKSL SLSPGK 446

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

DIQMTQSPSS LSASVGRVIT ITCGASENIY GALNWIYQKPK GKAPKLLIYG 50
 ATNLEDGVPS RFGSGSGGRD YFTFISLQPE EDIATYYCQN VLTPPYTFGQ 100
 GTKLEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNFY PREAKVQWKV 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHGQ 200
 LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-96 143-199 260-320 366-424
 22"-96" 143"-199" 260"-320" 366"-424"

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

Inter-H-L (h 5-CL 126) 219-214" 219"-214"

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

*At least two of the four inter-chain disulfide bridges are not present, an average of 4 cysteinyl being conjugated each via a thioether bond to a drug linker.

*Au moins deux des quatre ponts disulfures inter-chaînes ne sont pas présents, 4 cystéinyl en moyenne étant chacun conjugué via une liaison thioéther à un linker-principe actif.

*Al menos dos de los cuatro puentes disulfuro inter-catenarios no están presentes, una media de 4 cisteinil está conjugada a conectores de principio activo.

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

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

H VH Q1: 1, 1"

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

H CH2 N84.4: 296, 296"

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

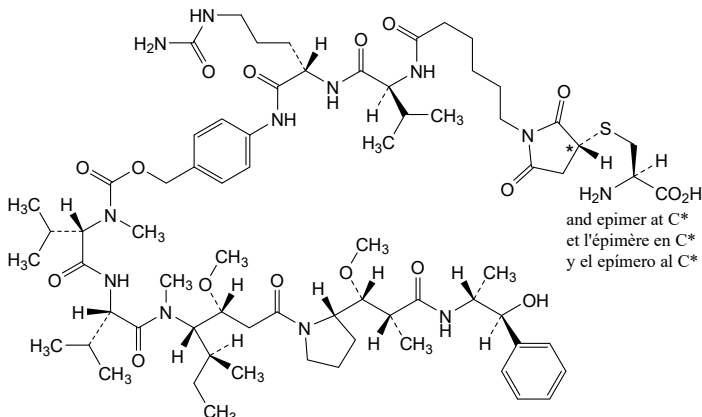
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: 446, 446"

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

C (219,225,228,214',219'',225'',228'',214''')

*(vedotin:mAb ~ 4:1)



silevimigum

silevimig

immunoglobulin (G1_L-kappa)_scFv-G1(h-CH2-CH3), anti-[rabies lyssavirus (rabies virus, RABV) glycoprotein G epitope III] and anti-[rabies lyssavirus (rabies virus, RABV) glycoprotein G epitope I] *Homo sapiens* monoclonal antibody, bispecific; gamma1 heavy chain *Homo sapiens*, anti-RABV glycoprotein G epitope III (1-448) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-30*18 (95.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118)-*Homo sapiens*IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14,G1v32 CH3 W22 (knob), G1v74 CH3 C10 (CH1 (119-216), hinge 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 E12 (357), M14 (359), T22>W (367), S10>C (355), D84.4>G (402), G85.4>D (403) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-214')-disulfide with kappa light chain *Homo sapiens*, anti-RABV glycoprotein G epitope III (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-39*01 (88.4%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; scFv-G1(h-CH2-CH3) heavy chain *Homo sapiens*, anti-RABV glycoprotein G epitope I (1"-488") [VH (*Homo sapiens*IGHV1-69*01 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.20] (26"-33".51"-58".97"-116'')) (1"-127'")-15-mer tris(tetraglycyl-seryl) linker (128"-142'") -VL (*Homo sapiens*IGLV2-11*01 (93.9%) -IGLJ2*01 (100%), CDR-IMGT [9.3.12] (168"-176".194"-196".233"-244'')) (143"-256'") -*Homo sapiens*IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 CH3 E12, M14, G1v37 hinge S5, G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole), G1v75 CH3 C5 (hinge 1-15 C5>S (261'')) (257"-271'"), CH2 (272"-381'"), CH3 T22>S (407'"), L24>A (409'"), Y86>V (448'"), Y5>C (390'") (382"-486'"), CHS (487"-488'')) (257"-488''); dimer (227-267'':230-270'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-S, glycoform alfa

silévimig

immunoglobuline (G1_L-kappa)_scFv-G1(h-CH2-CH3), anti-épitope III de la glycoprotéine G du lyssavirus de la rage (virus de la rage, RABV)] et anti-épitope I de la glycoprotéine G du lyssavirus de la rage (virus de la rage, RABV)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*, bispécifique; chaîne lourde gamma1 *Homo sapiens*, anti-épitope III de la glycoprotéine G du RABV (1-448) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-30*18 (95.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118)-*Homo sapiens*IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14,G1v32 CH3 W22 (knob) G1v74 CH3 C10 (CH1 (119-216), charnière 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 E12 (357), M14 (359), T22>W (367), S10>C (355), D84.4>G (402), G85.4>D (403) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa *Homo sapiens*, anti-épitope III de la glycoprotéine G du RABV (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3-15*01 (100%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.10] (27'-32'.50'-

52'.89'-97'') (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214'); chaîne lourde scFv-G1(h-CH2-CH3) *Homo sapiens*, anti-épitope I de la glycoprotéine G du RABV (1"-488") [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*01 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.20] (26"-33".51"-58".97"-116"')) (1"-127")-15-mer tris(tétraglycyl-séryl) linker (128"-142") -VL (*Homo sapiens* IGLV2-11*01 (93.9%) -IGLJ2*01 (100%), CDR-IMGT [9.3.12] (168"-176".194"-196".233"-244"')) (143"-256")-*Homo sapiens* IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 CH3 E12, M14, G1v37 charnière S5, G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) G1v75 CH3 C5 (charnière 1-15 C5>S (261")) (257"-271"), CH2 (272"-381"), CH3 T22>S (407"), L24>A (409"), Y86>V (448"), Y5>C (390") (382"-486"), CHS (487"-488"') (257"-488"'); dimère (227-267":230-270")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-S, glycoforme alfa

silevimig

inmunoglobulina (G1_L-kappa)_scFv-G1(h-CH2-CH3), anti-[epitopo III de la glicoproteína G del lyssavirus de la rabia (virus de la rabia, RABV)] y anti-[epitopo I de la glicoproteína G del lyssavirus de la rabia (virus de la rabia, RABV)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*, biespecífico;
cadena pesada gamma1 *Homo sapiens*, anti-epítoto III de la glicoproteína G del RABV (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*18 (95.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92,9%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118)-*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v32 CH3 W22 (knob) G1v74 CH3 C10 (CH1 (119-216), bisagra 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 E12 (357), M14 (359), T22>W (367), S10>C (355), D84.4>G (402), G85.4>D (403) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa *Homo sapiens*, anti-epítoto III de la glicoproteína G del RABV (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (100%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.10] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214');
cadena pesada scFv-G1(h-CH2-CH3) *Homo sapiens*, anti-épitope I de la glicoproteína G del RABV (1"-488") [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*01 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.20] (26"-33".51"-58".97"-116"')) (1"-127")-15-mer tris(tétraglycil-seril) enlace (128"-142") -VL (*Homo sapiens* IGLV2-11*01 (93.9%) -IGLJ2*01 (100%), CDR-IMGT [9.3.12] (168"-176".194"-196".233"-244"')) (143"-256")-*Homo sapiens* IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 CH3 E12, M14, G1v37 bisagra S5, G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) G1v75 CH3 C5 (bisagra 1-15 C5>S (261")) (257"-271"), CH2 (272"-381"), CH3 T22>S (407"), L24>A (409"), Y86>V (448"), Y5>C (390") (382"-486"), CHS (487"-488"') (257"-488"'); dímero (227-267":230-270")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-S, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: anti-RABV glycoprotein G epitope III (H)
 QVQLVESGGG VVQPGRSLRL SCAASGFTFG SYGMHWVRQA PGRGLEWVAT 50
 ISYDGSIKDY ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCAKGD 100
 RTGNLDYWGQ GTLVTVSSAS TKGPSVFLPA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY 150
 FPEPVTVSWN SGALTSVGHV FFAVLQSSGL YLSLSVVTVP SSSLGTQTYI 200
 CNVNHKPSNT KVDKRVFPKS CDKTHTCPPC PAPELLGGPS VFLFPPKPKD 250
 TLMISRTEPV TCVVVDVSHS DPEVKFNWYV DGEVHNNAKT KPREEQYNST 300
 YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY 350
 TLPFSPREMT KNQVSLWCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTFPVLD 400
 SGGSFLLYSK LTVDKSRWQQ GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: anti-RABV glycoprotein G epitope III (L)
 DIQMTQSPSS LSASVGRDRT ITCRASQNIK NALNHWYQQKPK GKAPKLLIYD 50
 ASTRGQSGVPS RFGSGSGSDT FTLTISSLQP EDFATYYCQQ NSEFPPTFGQ 100
 GTKVFIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNFFV PREAKVQMKV 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHGQ 200
 LSSPVTKSFN RGEC 214

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: anti-RABV glycoprotein G epitope I (H)
 QVQLVQSGAE VVKPGSSVKV SCKASGGTYS GYTINWVRQA PGQGLEWVMMG 50
 IIPFELTANY AQRFGQRLTI TADESTSTAY MELSSLRSD TAVYFCAREN 100
 LDNSGTYIYF SGWFDVWQQG TLTVTVSSGGG GSGGGGSGGG GSQSAITQPR 150
 SVSGSPGQSV TISCTGTSSD LGGYDFVSWY QQHPGKAPKL MIYDATKRPS 200
 GVPDRFSGSK SGNATSLTIS GLQAEDVADY YCCSYAGDYT PGVVFGGGTK 250
 LTVLASEPKS SDKTHTCPPC PAPELLGGPS VFLFPPKPKD TLMISRTEPV 300
 TCVVVDVSHS DPEVKFNWYV DGEVHNNAKT KPREEQYNST YRVVSVLTVL 350
 HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQV TLPFSPREMT 400
 KNQVSLSCAV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTFPVLD SDGSFFLVSK 450
 LTVDKSRWQQ GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 488

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104)	22-96	145-201	262-322	368-426
	22"-96"	164"-232"	302"-362"	408"-466"
Intra-L (C23-C104)		23'-88'	134'-194'	
Inter-H-L (CH1 10-CL 126)		221-214'		
Inter-H-H (h 8, h 11)		227-267"	230-270"	
Inter-H-H (CH3 C10-C5)*		355-390"		

*variants G1v74 (CH3 C10) and G1v75 (CH3 C5) creating an additional inter-H-H disulfide bond.

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

H CH2 N84.4: 298, 338"

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

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
 H CHS K2: 448, 488"

sipavibartum

sipavibart

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* (1-455) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-9*01 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (90.9%) L123>T (120), CDR-IMGT [8.8.18] (26-33.51-58.97-114)) (1-125) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, IGHG1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116, IGHG1v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 R120 (222) (126-223), hinge 1-15 (224-238), CH2 L1.3>F (242), L1.2>E (243), M15.1>Y (260), S16>T (262), T18>E (264), P116>S (339) (239-348), CH3 E12 (364), M14 (366) (349-453), CHS (454-455)) (126-455)], (228-214')-disulfide with lambda light chain *Homo sapiens* (1'-215') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV2-8*04 (94.8%) -IGLJ2*01 (100%), CDR-IMGT [9.3.9] (26-34.52-54.91-99)) (1'-109') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (110'-215')]; dimer (234-234":237-237")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, glycoform alfa

sipavibart

immunoglobuline G1-lambda, anti-[domaine de liaison au récepteur (RBD) de la glycoprotéine 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* IGHV3-9*01 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (90.9%) L123 >T (120), CDR-IMGT [8.8.18] (26-33.51-58.97-114)) (1-125) -*Homo sapiens*

IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, IGHG1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116, IGHG1v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 R120 (222) (126-223), charnière 1-15 (224-238), CH2L1.3>F (242), L1.2>E (243), M15.1>Y (260), S16>T (262), T18>E (264), P116>S (339) (239-348), CH3 E12 (364), M14 (366) (349-453), CHS (454-455)) (126-455)], (228-214')-disulfure avec la chaîne légère lambda *Homo sapiens* (1'-215') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV2-8*04 (94.8%) -IGLJ2*01 (100%), CDR-IMGT [9.3.9] (26-34.52-54.91-99)) (1'-109') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%)(110'-215')]; dimère (234-234":237-237")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa

sipavibart

immunoglobulina G1-lambda, anti-[dominio de unión al receptor (RBD) de la glicoproteína spike (S) del coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo (SARS-CoV-2)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*; cadena pesada gamma1 *Homo sapiens* (1-455) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-9*01 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (90.9%) L123>T (120), CDR-IMGT [8.8.18] (26-33.51-58.97-114)) (1-125) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, IGHG1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116, IGHG1v21 CH2 Y15.1, T16, E18 (CH1 R120 (222) (126-223), bisagra 1-15 (224-238), CH2 L1.3>F (242), L1.2>E (243), M15.1>Y (260), S16>T (262), T18>E (264), P116>S (339) (239-348), CH3 E12 (364), M14 (366) (349-453), CHS (454-455)) (126-455)], (228-214')-disulfuro con la cadena ligera lambda *Homo sapiens* (1'-215') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV2-8*04 (94.8%) -IGLJ2*01 (100%), CDR-IMGT [9.3.9] (26-34.52-54.91-99)) (1'-109') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%)(110'-215')]; dímero (234-234":237-237")-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

EVQLVESGGG	LVQPGRSLRL	SCAASGFPFD	DYAIHWVRLA	PGKGLEWVSS	50
ISWDSGSI	IGY ADSVKGRFTI	SRDNAKNSLY	LQMNSLRAED	TALYYCAKGA	100
FPGYSSGWY	GLEVWQGQTT	VTVSSASTRG	PSVFFPLPSS	KTSSGGTAAL	150
GCLVKDYFPE	PVTVSWNSGA	LTSGVHTFFA	VLQSSGLYSL	SSVVTVPSSS	200
LGTQTYICNV	NHKPSNTKVD	KRVEPKSCKD	THTCPPCPAP	EFEGGSPVFL	250
FPKPKDITLY	ITREPEVTCV	VVDVSHEDPE	VKFNWYVDGV	EVHNAKTKPR	300
EEQYNSTYRV	VSVLTVLHQD	WLNKKEYKCK	VSNKALPASI	EKTISKAKGQ	350
PREPQVYITLP	PSREEMTKNQ	VSLTCLVKGF	YPSDIAVEWE	SNGQPENNYK	400
TRTPPVLDSDG	SFFLYSKLTV	DKSRWQQGNV	FSCSVMHEAL	HNHYTQKSLS	450
LSPGK					455

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

QSVVTQPPSA	SGSLGQSVTI	SCTGTSSDVG	GYNVSWYQQ	HPGKAPKLMF	50
FEVSKRPSGV	PDRFSGSKSG	NTASLTVSGL	QAEDEADYYC	SSYAGNKGVF	100
GGGTKLTVLG	QPKAAPSVTL	FPPSSEELQA	NKATLVCLIS	DFYPGAVTVA	150
WKADSSPVKA	GVETTPSKQ	SNNKYAASSY	LSLTPEQWKS	HRSYSQCQVTH	200
EGSTVEKTV	PTECS				215

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-96 152-208 269-329 375-433
 22"-96" 152"-208" 269"-329" 375"-433"

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

Inter-H-L (h 5-CL 126) 228-214' 228"-214""

Inter-H-H (h 11, h 14) 234-234" 237-237"

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal /

Ciclación del glutaminilo N-terminal

Q > pyrroglutamyl (pE, 5-oxopropyl) / pyrroglutamyle (pE, 5-oxopropyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)

L VL 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 / 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: 455, 455"

solizestrocelum

solizestrocel

allogeneic mesenchymal stromal cells (MSC) derived from genetically selected umbilical cord tissue. The cord tissue is enzymatically digested, and the cells cultured in a xeno-free medium supplemented with human platelet lysate. The cells are positive (>90%) for the mesenchymal stromal cell surface markers CD105+, CD73+, CD90+, and are negative (<10%) for CD45-, CD34-, CD19-, CD11b-, and HLA-DR-. The cells release anti-fibrotic molecules such as matrix metalloproteinase-1 (MMP-1) and microRNA-29c (miR-29c). The cells also inhibit T lymphocyte proliferation upon CD3/CD28/CD2 activation, suppress tumor necrosis factor alpha (TNF α) secretion of immune cells (peripheral blood mononuclear cells /macrophages) upon lipopolysaccharides (LPS) stimulation, and upregulate soluble TNF receptor 1 and 2 secretion upon TNF α /interferon gamma (IFN- γ) stimulation

solizestrocel

cellules stromales mésenchymateuses allogéniques (CSM) dérivées de tissu de cordon ombilical génétiquement sélectionné. Le tissu ombilical est digéré par voie enzymatique et les cellules sont cultivées dans un milieu non-xéno, complété avec du lysat de plaquettes humaines.

Les cellules sont positives (>90%) pour les marqueurs de surface des cellules stromales mésenchymateuses CD105+, CD73+, CD90+, et sont négatives (<10%) pour CD45-, CD34-, CD19-, CD11b-, et HLA-DR-. Les cellules libèrent des molécules anti-fibrotiques telles que la métalloprotéinase matricielle 1 (MMP-1) et le microARN-29c (miR-29c). Les cellules inhibent également la prolifération des lymphocytes T lors de l'activation des CD3/CD28/CD2, suppriment la sécrétion du facteur de nécrose tumorale alpha (TNF α) des cellules immunitaires (cellules mononucléaires du sang périphérique/macrophages) lors de la stimulation par les lipopolysaccharides (LPS), et régulent à la hausse la sécrétion des récepteurs 1 et 2 solubles du TNF lors de la stimulation par le TNF α /l'interféron gamma (IFN- γ)

solizestrocel

células estromales mesenquimales (MSC) alogénicas derivadas de tejido de cordón umbilical seleccionado genéticamente. El tejido de cordón se digiere enzimáticamente y las células se cultivan en un medio sin sustancias xenogénicas suplementado con lisado plaquetario humano.

Las células son positivas (>90%) para los marcadores de superficie de células mesenquimales estromales CD105+, CD73+, CD90+, y negativas (<10%) para CD45-, CD34-, CD19-, CD11b- y HLA-DR-. Las células liberan moléculas anti-fibróticas tales como metaloproteinasas 1 de matriz (MMP-1) y microARN-29c (miR-29c). Las células también inhiben la proliferación de linfocitos T tras la activación por CD3/CD28/CD2, suprimen la secreción de factor de necrosis tumoral alfa (TNF α) por parte de células inmunes (células mononucleares de sangre periférica/macrófagos) tras su estimulación con lipopolisacáridos (LPS) y sobre regulan la secreción de receptor soluble de TNF 1 y 2 tras la estimulación con TNF α /interferón gamma (IFN- γ)

solrikitungum

solrikitung

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CRLF2 (cytokine receptor like factor 2, TSLP, thymic stromal lymphopoietin)], humanized monoclonal antibody; gamma1 heavy chain humanized (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (83.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%), G1m17,1 CH1 K120, D12, L14 (CH1 K120 (217) (121-218), hinge 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-214')-disulfide with kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (85.4%) -IGKJ2*01 (91.7%) L124>V (104), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dimer (229-229":232-232")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DXB11, glycoform alfa

solrikitung

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CRLF2 (récepteur du facteur 2 cytokine like, TSLP, lymphopoïétine stromale thymique)], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde gamma1 humanisée (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (83.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%), G1m17,1 CH1 K120, D12, L14 (CH1 K120 (217) (121-218), charnière 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (85.4%) -IGKJ2*01 (91.7%) L124>V (104), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dimère (229-229":232-232")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DXB11, glycoforme alfa

solrikitung

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CRLF2 (receptor del factor 2 de tipocitocina, TSLP, linfopoyetina estromal tímica)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada gamma1 humanizada (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (83.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%), G1m17,1 CH1 K120, D12, L14 (CH1 K120 (217) (121-218), bisagra 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (85.4%) -IGKJ2*01 (91.7%) L124>V (104), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dímero (229-229":232-232")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DXB11, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
 QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYIFT DYAMHWVRQA PGQGLEWMT 50
 FIPLLDTSYD AQKFQGRVTM TADTSTSTAY MELRSLRSDD TAVYYCARMG 100
 VTHSYVMDAW GQGTLVTVSS ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK 150
 DYFPEPVTVS WNSGALTSV HTPFAVLQSS GLYSLSVVVT VPSSSLGTQT 200
 YICNVNHKPS NTKVDKKEVP KSCDKTHTCP PCPAPELLGG PSVFLFPPPK 250
 KDTLMISRTP EVTCVVVDVSD HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN 300
 STYRVVSVLT VLNQDNLNGK EYKCKVSNKA LPAPIEKTIIS KAKGQPREPQ 350
 VYVLTPEPRDE LTKNQVSLTLC LVKGFYPSDI AVEWESNQP ENNYKTTTPV 400
 LDDSGSFFLY SKLTVDKSRW QQGNVVFSCV MHEALHNHYT QKSLSLSPGK 450

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
 EIVLTQSPGT LSLSPGERAT LSCRASQPIS ISVHWYQQKPGQAPRLLIYF 50
 ASQSISSGIPD RFGSGSGSDT FTLTISRLEP EDFAVYYCQQ TFSLPYTFGQ 100
 GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PRAEKVQWKV 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKDT STYSLSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
 LSSPVTKSFN RGECC 214

Post-translational modifications

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

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

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

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

(pE, 5-oxopropililo)

H VH Q1: 1, 1"

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

H CH2 N84.4: 300, 300"

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

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

H CHS K2: 450, 450"

sontigidomidum

sontigidomide

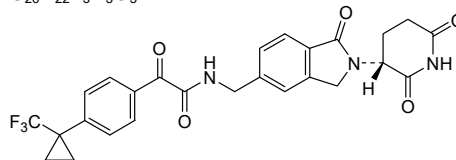
rac-N-({2-[(3*R*)-2,6-dioxopiperidin-3-yl]-1-oxo-2,3-dihydro-1*H*-isoindol-5-yl)methyl}-2-oxo-2-[4-[1-(trifluoromethyl)cyclopropyl]phenyl]acetamide

sontigidomide

rac-N-({2-[(3*R*)-2,6-dioxopiperidin-3-yl]-1-oxo-2,3-dihydro-1*H*-isoindol-5-yl)méthyl}-2-oxo-2-[4-[1-(trifluorométhyl)cyclopropyl]phényl]acetamide

sontigidomida

rac-N-({2-[(3*R*)-2,6-dioxopiperidin-3-il]-1-oxo-2,3-dihidro-1*H*-isoindol-5-il)metil}-2-oxo-2-[4-[1-(trifluorometil)ciclopropil]fenil]acetamida

 $C_{26}H_{22}F_3N_3O_5$


and enantiomer
 et énantiomère
 y entantiómero

sucantomotidum

sucantomotide

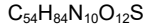
L-phenylalanyl-L-methionyl-L-leucylglycyl-L-α-glutamyl-L-phenylalanyl-L-leucyl-L-lysyl-L-leucine

sucantomotide

L-phénylalanyl-L-méthionyl-L-leucylglycyl-L-α-glutamyl-L-phénylalanyl-L-leucyl-L-lysyl-L-leucine

sucantomotida

L-fenilalanil-L-metionil-L-leucilglicil-L-α-glutamil-L-fenilalanil-L-leucil-L-lisil-L-leucina



Phe — Met — Leu — Gly — Glu — Phe — Leu — Lys — Leu-C

tacaciclíbium

tacaciclíb

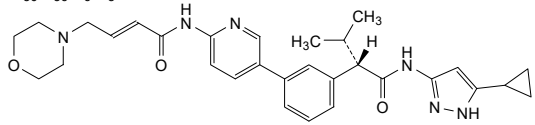
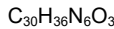
(2*E*)-4-(morpholin-4-yl)-*N*-[(3*S*)-4-oxo-3-(propan-2-yl)-5-aza-1(3)-pyridina-6(3,5)-pyrazola-2(1,3)-benzena-7(1)-cyclopropanaheptaphan-1⁶-yl]but-2-enamide

tacaciclíb

(2*E*)-4-(morpholin-4-yl)-*N*-[(3*S*)-4-oxo-3-(propan-2-yl)-5-aza-1(3)-pyridina-6(3,5)-pyrazola-2(1,3)-benzena-7(1)-cyclopropanaheptaphan-1⁶-yl]but-2-énamide

tacaciclíb

(2*E*)-4-(morfolin-4-il)-*N*-[(3*S*)-4-oxo-3-(propan-2-il)-5-aza-1(3)-piridina-6(3,5)-pirazola-2(1,3)-benzena-7(1)-ciclopropanaheptafan-1⁶-il]but-2-enamida



talovirtídium

talovirtide

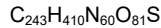
L-valyl-L- α -aspartyl-L-leucylglycyl-L- α -aspartyl-L-
isoleucyl-L-serylglycyl-L-isoleucyl-L-asparaginyL-L-
alanyl-L-seryl-L-valyl-L-valyl-L-asparaginyL-L-isoleucyl-
L-glutaminyL-L-lysyl-L- α -glutamyl-L-isoleucyl-L- α -
aspartyl-L-arginyl-L-leucyl-L-asparaginyL-L- α -glutamyl-L-
valyl-L-alanyl-L-lysyl-L-asparaginyL-L-leucyl-L-
asparaginyL-L- α -glutamyl-L-seryl-L-leucyl-L-isoleucyl-L-
 α -aspartyl-L-leucyl-L-glutaminyL-L- α -glutamyl-L-
leucylglycyl-L-serylglycyl-L-serylglycyl-S-{1-[(cholest-5-
en-3 β -yl)oxy]-1,16-dioxo-3,6,9,12-tetraoxa-15-
azaheptadecan-17-yl]-L-cysteinamide

talovirtide

L-valyl-L- α -aspartyl-L-leucylglycyl-L- α -aspartyl-L-
isoleucyl-L-sérylglycyl-L-isoleucyl-L-asparaginyL-L-
alanyl-L-séryl-L-valyl-L-valyl-L-asparaginyL-L-isoleucyl-
L-glutaminyL-L-lysyl-L- α -glutamyl-L-isoleucyl-L- α -
aspartyl-L-arginyl-L-leucyl-L-asparaginyL-L- α -glutamyl-L-
valyl-L-alanyl-L-lysyl-L-asparaginyL-L-leucyl-L-
asparaginyL-L- α -glutamyl-L-séryl-L-leucyl-L-isoleucyl-L-
 α -aspartyl-L-leucyl-L-glutaminyL-L- α -glutamyl-L-
leucylglycyl-L-sérylglycyl-L-sérylglycyl-S-{1-[(cholest-5-
én-3 β -yl)oxy]-1,16-dioxo-3,6,9,12-tétraoxa-15-
azaheptadécan-17-yl]-L-cystéinamide

talovirtida

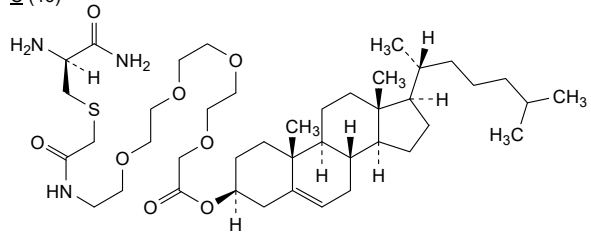
L-valil-L- α -aspartil-L-leucilglicil-L- α -aspartil-L-isoleucil-L-
serilglicil-L-isoleucil-L-asparaginil-L-alanil-L-seril-L-valil-
L-valil-L-asparaginil-L-isoleucil-L-glutaminiL-L-lisil-L- α -
glutamil-L-isoleucil-L- α -aspartil-L-arginil-L-leucil-L-
asparaginil-L- α -glutamil-L-valil-L-alanil-L-lisil-L-
asparaginil-L-leucil-L-asparaginil-L- α -glutamil-L-seril-L-
leucil-L-isoleucil-L- α -aspartil-L-leucil-L-glutaminiL-L- α -
glutamil-L-leucilglicil-L-serilglicil-L-serilglicil-S-{1-
[(colest-5-en-3 β -il)oxi]-1,16-dioxo-3,6,9,12-tetraoxa-15-
azaheptadecan-17-il]-L-cisteinamida



VDLGDISGIN ASVVNIQKEI DRLNEVAKNL NESLIDLQEL GSGSGC_46

Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados

C (46)

**tarumasum #**

tarumase

Lucilia sericata (common green bottle fly) peptidase S1 domain-containing protein (trypsin-like serine proteinase) with specificity for fibrin, produced in *Pichia pastoris* (*Komagataella phaffii*)

tarumase

protéine contenant le domaine S1 de la peptidase (sérine protéinase de type trypsine) de *Lucilia sericata* (mouche verte commune) présentant une spécificité pour la fibrine, produite chez *Pichia pastoris* (*Komagataella phaffii*)

tarumasa

Lucilia sericata (mosca verde botella común) proteína que contiene el dominio S1 (proteínasa sérica de tipo tripsina) con especificidad por la fibrina, producida en *Pichia pastoris* (*Komagataella phaffii*)

Sequence / Séquence / Secuencia

```
IVNGVDTTIQ AHPYQVSLQT NNGFHFCCGS IISEDIIVTA AHCMQSYKAY 50
QFKVRLGSTE YDNGGELVAV KSPKYHEGYN PETMVNDVAV IKLATPVRES 100
SKVRIVKLAE KTPATGTFAV VTGWGSKCFL FCQTAPKVLQ KVEVDIVDEK 150
TCASSEYKYG DDIKETMLCA YAVKKDACQG DSGGPLVANN KLVGVVSWGK 200
GCALAGYPGV YCDVATVRSW IEKTAKSL 228
```

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro 27-43, 128-132, 152-169, 178-202

tebapivatum

tebapivat

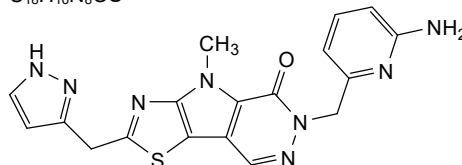
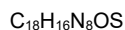
6-[(6-aminopyridin-2-yl)methyl]-4-methyl-2-[(1*H*-pyrazol-3-yl)methyl]-4,6-dihydro-5*H*-[1,3]thiazolo[5',4':4,5]pyrrolo[2,3-*d*]pyridazin-5-one

tébapivat

6-[(6-aminopyridin-2-yl)méthyl]-4-méthyl-2-[(1*H*-pyrazol-3-yl)méthyl]-4,6-dihydro-5*H*-[1,3]thiazolo[5',4':4,5]pyrrolo[2,3-*d*]pyridazin-5-one

tebapivat

6-[(6-aminopiridin-2-il)metil]-4-metil-2-[(1*H*-pirazol-3-il)metil]-4,6-dihidro-5*H*-[1,3]tiazolo[5',4':4,5]pirrolo[2,3-*d*]piridazin-5-ona



tegeprotafibum

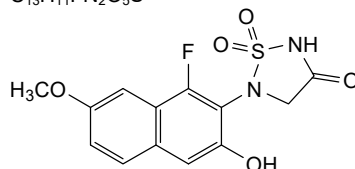
tegeprotafib

5-(1-fluoro-3-hydroxy-7-methoxynaphthalen-2-yl)-1λ⁶,2,5-thiadiazolidin-1,1,3-trione

tégéprotafib

5-(1-fluoro-3-hydroxy-7-méthoxynaphtalén-2-yl)-1λ⁶,2,5-thiadiazolidin-1,1,3-trione

tegeprotafib

5-(1-fluoro-3-hidroxi-7-metoxinaftalén-2-il)-1λ⁶,2,5-tiadiazolidin-1,1,3-trionaC₁₃H₁₁FN₂O₅S**tegomili fumaras**

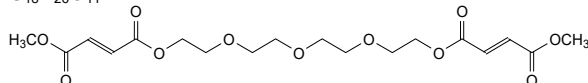
tegomil fumarate

dimethyl (2*E*,19*E*)-4,18-dioxo-5,8,11,14,17-pentaoxahenicosa-2,19-diene-1,21-dioate

fumarate de tégomil

(2*E*,19*E*)-4,18-dioxo-5,8,11,14,17-pentaoxahénicosa-2,19-diène-1,21-dioate de diméthyle

fumarato de tegomil

(2*E*,19*E*)-4,18-dioxo-5,8,11,14,17-pentaoxahenicosa-2,19-dieno-1,21-dioato de dimetiloC₁₈H₂₆O₁₁**tesrivetcelum**

tesrivetcel

equine allogeneic tenogenic-primed mesenchymal stromal/stem cells (MSCs), isolated from peripheral blood mononuclear cells (PBMCs) collected from donor horses. The MSCs are selected for by growing the PBMCs in media containing fetal bovine serum (FBS) and dexamethasone. The cells are then expanded in media containing FBS, and prior to differentiation towards tenocytes by growth in media containing FBS, fibroblast-growth factor 2 (FGF-2) and insulin-like growth factor-1 (IGF-I).

The final cells are characterized by their stretched spindle shaped morphology, and by expression of the cellular surface markers CD90 (≥95%) and CD40 (≥85%) and absence of MHC class II expression (≤2%). The cells secrete prostaglandin E2 (PGE2) and express the actin alpha 2 (ACTA2) gene (>2.3 fold)

tesrivetcel

cellules souches/stromales mésenchymateuses (CSM) allogènes équines amorcées par ténogénèse, isolées à partir de cellules mononucléaires de sang périphérique (PBMC) prélevées sur des chevaux donneurs. Les CSM sont sélectionnées en cultivant les PBMC dans un milieu contenant du sérum bovin foetal (FBS) et de la dexaméthasone. Les cellules sont ensuite amplifiées dans un milieu contenant du FBS, et avant la différenciation en ténocytes par croissance

dans un milieu contenant du FBS, du facteur de croissance des fibroblastes 2 (FGF-2) et du facteur de croissance analogue à l'insuline 1 (IGF-I).

Les cellules finales sont caractérisées par leur morphologie fusiforme étirée, et par l'expression des marqueurs de surface cellulaire CD90 (≥95%) et CD40 (≥85%) et l'absence d'expression du CMH de classe II (≤2%). Les cellules sécrètent de la prostaglandine E2 (PGE2) et expriment le gène de l'actine alpha 2 (ACTA2) (>2.3 fois)

tesrivetcel

células madre/estromales mesenquimales (MSC) equinas, alogénicas, primadas para tenogenia, aisladas de células mononucleares de sangre periférica (PBMCs) recogida de caballos donantes. Las MSCs se seleccionan mediante crecimiento de las PBMCs en medio que contiene suero bovino fetal (FBS) y dexametasona. Las células se expanden después en medio que contiene FBS, y antes de la diferenciación hacia tenocitos mediante crecimiento en medio que contiene FBS, factor de crecimiento de fibroblastos 2 (FGF-2) y factor de crecimiento similar a insulina I (IGF-I). Las células finales se caracterizan por su morfología en forma de huso estirado y por la expresión de los marcadores de superficie CD90 (≥ 95%) y CD40 (≥ 85%) y ausencia de expresión de MHC de clase II (≤2%). Las células secretan prostaglandina E2 (PGE2) y expresan el gen de la actina alfa 2 (ACTA2) (>2.3 veces)

tibremciclibum

tibremciclib

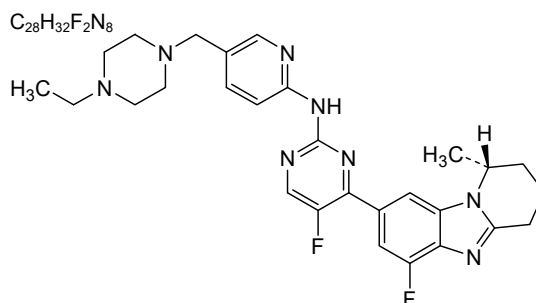
N-{5-[(4-ethylpiperazin-1-yl)methyl]pyridin-2-yl}-5-fluoro-4-[(1*R*)-6-fluoro-1-methyl-1,2,3,4-tetrahydro-pyrido[1,2-*a*][1,3]benzimidazol-8-yl]pyrimidin-2-amine

tibremciclib

N-{5-[(4-éthylpipérazin-1-yl)méthyl]pyridin-2-yl}-5-fluoro-4-[(1*R*)-6-fluoro-1-méthyl-1,2,3,4-tétrahydro-pyrido[1,2-*a*][1,3]benzimidazol-8-yl]pyrimidin-2-amine

tibremciclib

N-{5-[(4-etilpiperazin-1-il)metil]piridin-2-il}-5-fluoro-4-[(1*R*)-6-fluoro-1-metil-1,2,3,4-tetrahydro-pirido[1,2-*a*][1,3]benzimidazol-8-il]pirimidin-2-amina

**timcevibartum #**

timcevibart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[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* (1-445) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-66*01 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ3*02 (100%),

	<p>CDR-IMGT [8.7.10] (26-33.51-57.96-105)) (1-116) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v50-79 CH2 delE1.4, P1.3, V1.2, A1.A, G27, Q110, S115 (CH1 K120 (213) (117-214), hinge 1-15 (215-229), CH2 E1.4>del, L1.3>P (232), L1.2>V (233), G1.1>A (234), D27>G (263), A110>Q (325), A115>S (328) (230-338), CH3 D12 (354), L14 (356) (339-443), CHS (444-445)) (117-445)], (219-215')-disulfide with kappa light chain <i>Homo sapiens</i> (1'-215') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-9*01 (97.9%) -IGKJ3*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.10] (27'-32'.50'-52'.89'-98')) (1'-108') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (154'), V101 (192') (109'-215')]; dimer (225-225":228-228")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, glycoform alfa</p>
<p>timcévibart</p>	<p>immunoglobuline G1-kappa, anti-[domaine de liaison au récepteur (RBD) de la glycoprotéine spike (S) du coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SARS-CoV-2)], anticorps monoclonal <i>Homo sapiens</i>; chaîne lourde gamma1 <i>Homo sapiens</i> (1-445) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-66*01 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ3*02 (100%), CDR-IMGT [8.7.10] (26-33.51-57.96-105)) (1-116) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v50-79 CH2 delE1.4, P1.3, V1.2, A1.1, G27, Q110, S115 (CH1 K120 (213) (117-214), charnière 1-15 (215-229), CH2 E1.4>del, L1.3>P (232), L1.2>V (233), G1.1>A (234), D27>G (263), A110>Q (325), A115>S (328) (230-338), CH3 D12 (354), L14 (356) (339-443), CHS (444-445)) (117-445)], (219-215')-disulfure avec la chaîne légère kappa <i>Homo sapiens</i> (1'-215') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-9*01 (97.9%) -IGKJ3*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.10] (27'-32'.50'-52'.89'-98')) (1'-108') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (154'), V101 (192') (109'-215')]; dimère (225-225":228-228")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa</p>
<p>timcevibart</p>	<p>immunoglobulina G1-kappa, anti-[dominio de unión al receptor (RBD) de la glicoproteína de espícula (S) del coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo (SARS-CoV-2)], anticuerpo monoclonal <i>Homo sapiens</i>; cadena pesada gamma1 <i>Homo sapiens</i> (1-445) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-66*01 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ3*02 (100%), CDR-IMGT [8.7.10] (26-33.51-57.96-105)) (1-116) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v50-79 CH2 delE1.4, P1.3, V1.2, A1.1, G27, Q110, S115 (CH1 K120 (213) (117-214), bisagra 1-15 (215-229), CH2 E1.4>del, L1.3>P (232), L1.2>V (233), G1.1>A (234), D27>G (263), A110>Q (325), A115>S (328) (230-338), CH3 D12 (354), L14 (356) (339-443), CHS (444-445)) (117-445)], (219-215')-disulfuro con la cadena ligera kappa <i>Homo sapiens</i> (1'-215') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-9*01 (97.9%) -IGKJ3*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.10] (27'-32'.50'-52'.89'-98')) (1'-108') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (154'), V101 (192') (109'-215')]; dímero (225-225":228-228")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1SV, forma glicosilada alfa</p>

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
 QVQLVESGSGG LVQPGGSLRL SCAASGLTVS SNYMSWVRQA PGKGLEWVSV 50
 IYSGGSTYYA DSVKGRFTIS RDDSNTLYL QMNSLRAEDT AVYYCARDVA 100
 DAFDIWQOGT MVTVSSASTK GFSVFPPLAPS SKSTSGGTAA LGCLVKDYFP 150
 EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP AVLQSSGLYS LSSVVTVPSS SLGTQTYICN 200
 VNHKPSNTKV DKKVEPKSCD KHTCCPPCPA PFVAGPSVFL FFPKPKDTLM 250
 ISRTPEVTCV VVGVSHEDPE VKFNWYVDGV EVHNAKTKPR EEQYNSTYRV 300
 VSVLTVLHQD WLNKKEYKCK VSNKQLPSP I EKTISKAKGQ PREPQVYTLF 350
 FSRDELTKNQ VSLTCLVKGF YPSDIAVEWE SNGQPENNYK TTPPVLDSDG 400
 SFFLYSKLTV DKSRWQQGNV FSCSVMHEAL HNHYTQKSL S LSPGK 445

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
 DIVMTQSPSF LSASVGDRTV ITCRASQGIS SYLAWYQQKPK GKAPKLLIYA 50
 ASTLQSGVPS RFGSGSGSTE FTLLTISLQPF EDFATYYCQQ LNSYPPFTFG 100
 PGTKVDIKRT VAAPSVFIFP PSDEQLKSGT ASVVCLLNPF YPREAKVQWK 150
 VDNALQSGNS QESVTEQDSK DSTYLSSTL TSKADYEKH KVYACEVTHQ 200
 GLSSPVTKSF NRGEC 215

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22°-95' 143°-199' 259°-319' 365°-423'
 22°-95" 143°-199" 259°-319" 365°-423"

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

Inter-H-L (h 5-CL 126) 219°-215' 219°-215"

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

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

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

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

H CH2 N84.4: 295, 295"

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

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

H CHS K2: 445, 445"

tirfipiravirum

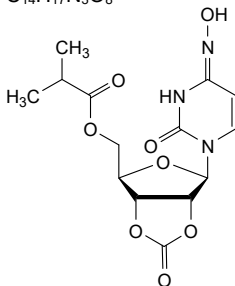
tirfipiravir

(4 Ξ)-2',3'-O-carbonyl-N⁴-hydroxycytidine 5'-(2-methylpropanoate)

tirfipiravir

5'-(2-méthylpropanoate) de (4 Ξ)-2',3'-O-carbonyl-N⁴-hydroxycytidine

tirfipiravir

5'-(2-metilpropanoato) de (4 Ξ)-2',3'-O-carbonil-N⁴-hidroxicitidinaC₁₄H₁₇N₃O₈**tisolagilinum**

tisolagiline

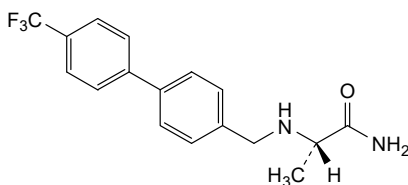
(2S)-2-({[4'-(trifluoromethyl)][1,1'-biphenyl]-4-yl]methyl)amino)propanamide

tisolagiline

(2S)-2-({[4'-(trifluorométhy)] [1,1'-biphényl]-4-yl]méthyl)amino)propanamide

tisolagilina

(2S)-2-({[4'-(trifluorometil)] [1,1'-bifenil]-4-ii]metil)amino)propanamida

C₁₇H₁₇F₃N₂O**trastuzumabum brengitecanum #**

trastuzumab brengitecan

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ERBB2 (receptor tyrosine-protein kinase erbB-2, epidermal growth factor receptor 2, EGFR2, HER2, HER-2, p185c-erbB2, NEU, CD340)], humanized monoclonal antibody; conjugated to a camptothecin derivative;

gamma1 heavy chain humanized (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (81.6%) -(IGHD) - IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (217) (121-218), hinge 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS K2>del (449)) (121-449)], (223-214')-disulfide with kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (86.3%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153), V101 (191') (108'-214')]; dimer (229-229":232-232")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa; substituted at the sulfur atoms of the L-cysteiny residues 214', 214"', 223, 223", 229, 229", 232 and 232" with (3RS)-1-[(4S,13S,21S)-13-benzyl-1-carboxy-22-[[[(1S,9S)-9-ethyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-methyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1*H*,12*H*-benzo[*de*]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolin-1-yl]amino]-21-methyl-5,8,11,14,17,22-hexaoxo-20-oxa-2,6,9,12,15,18-hexaazadocosan-4-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (*brengitecan*) groups

trastuzumab brengitécan

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ERBB2 (récepteur tyrosine-protéine kinase erbB-2, récepteur 2 du facteur de croissance épidermique, EGFR2, HER2, HER-2, p185c-erbB2, NEU, CD340)], anticorps monoclonal humanisé; conjugué à un dérivé de la camptothécine;

chaîne lourde gamma1 humanisée (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (81.6%) -(IGHD) - IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14

(CH1 R120>K (217) (121-218), charnière 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361)(344-448), CHS K2>del (449)) (121-449)), (223-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (86.3%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01(100%), Km3, A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dimère (229-229'':232-232'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa; substitué sur les atomes de soufre des résidus L-cystéinyl 214', 214''', 223, 223'', 229, 229'', 232 et 232''avec des groupes (3RS)-1-[(4S,13S,21S)-13-benzyl-1-carboxy-22-[[[(1S,9S)-9-éthyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-méthyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1*H*,12*H*-benzo[de]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinoléin-1-yl]amino]-21-méthyl-5,8,11,14,17,22-hexaoxo-20-oxa-2,6,9,12,15,18-hexaazadocosan-4-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (*brenigitécan*)

trastuzumab brenigitécán

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ERBB2 (receptor tirosina-proteína kinasa erbB-2, receptor 2 del factor de crecimiento epidérmico, EGFR2, HER2, HER-2, p185c-erbB2, NEU, CD340)], anticuerpo monoclonal humanizado; conjugado con un derivado de la campotecina; cadena pesada gamma1 humanizada (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (81.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (217) (121-218), bisagra 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS K2>del (449)) (121-449)), (223-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (86.3%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01(100%), Km3, A45.1 (153'), V101 (191') (108'-214')]; dímero (229-229'':232-232'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hamster chino (CHO), forma glicosilada alfa; substituido en los átomos de azufre de los residuos L-cisteinil 214', 214''', 223, 223'', 229, 229'', 232 y 232''con grupos (3RS)-1-[(4S,13S,21S)-13-bencil-1-carboxi-22-[[[(1S,9S)-9-etil-5-fluoro-9-hidroxi-4-metil-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahidro-1*H*,12*H*-benzo[de]pirano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolein-1-il]amino)-21-metil-5,8,11,14,17,22-hexaoxo-20-oxa-2,6,9,12,15,18-hexaazadocosan-4-il]-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo (*brenigitécán*)

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

EVQLVESGGG	LVQPGGSLRL	SCAASGFNIK	DTYIHWVRQA	PGKGLEWVAR	50
IYPTNGYTRY	ADSVKGRFTI	SADTSKNTAY	LQMNLSRAED	TAVYYCSRWG	100
GDGFYAMDYW	QGGLTLVTSS	ASTKGPSVFP	LAPSSKSTSG	GTAALGCLVK	150
DYFPEPVTVS	WNSGALTSKV	HTFPAVLQSS	GLYSLSSVVT	VPSSSLGTQT	200
YICNVNHKPS	NTKVDKKVEP	KSCDKTHTCP	PCPAPELLGG	PSVFLFPPKPK	250
KOTLMSRTP	EVTCTVVDVS	HEDPEVKFNW	VYDGVVHNA	KTKPREEQYN	300
STYRVVSVLT	VLHQDWLNGK	EYKCKVSNKA	LPAPIEKTIS	KAKGQPREPQ	350
YITLPPSREE	MTRKQVSLTC	LVKGFYPSDI	AVEWESNGQP	ENNYKTTTPV	400
LDSDGSSFFLY	SKLTVDKSRW	QQGNVFSCSV	MHEALHNNHYT	QKSLSLSPG	449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

DIQMTQSPSS	LSASVGRDRV	ITCRASQDVN	TAVAWYQQKQ	GKAPKLLIYS	50
ASFLYSGVPS	RFGSGRSGTD	FTLTISLQEP	EDFATYYCQQ	HYTTPPTFGQ	100
GTKVEIKRTV	AAPSVFIAPP	SDEQLKSGTA	SVVCLLNIFY	PREAKVQKWV	150
DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD	STYLSLSTLT	LSKADYEKHK	VYACEVTHQG	200
LSSPVTKSFN	RGEC				214

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22°-96" 147°-203" 264°-324" 370°-428"
 22°-96" 147°-203" 264°-324" 370°-428"
 Intra-L (C23-C104) 23°-88" 134°-194"
 23°-88" 134°-194"

Inter-H-L* (h 5-CL 126) 223°-214" 223°-214"
 Inter-H-H* (h 11, h 14) 229°-229" 232°-232"

*The four inter-chain disulfide bridges are not present, an average of 8 cysteinyl being conjugated each via a thioether bond to a drug linker.

*Les quatre ponts disulfures inter-chaînes ne sont pas présents, 8 cystéinyl en moyenne étant chacun conjugué via une liaison thioéther à un linker-principe actif.

*Faltan los cuatro puentes disulfuro inter-catenarios, una media de 8 cisteinil está conjugada a conectores de principio activo.

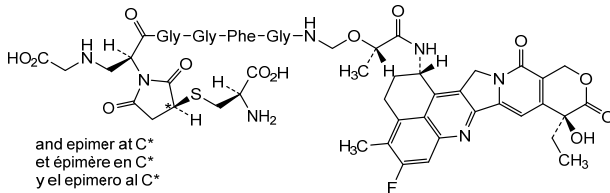
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 300, 300"

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

Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados

C (214, 214", 223, 223", 229, 229", 232, 232")



traxivitugum #
traxivitugum

immunoglobulin G1-lambda2, anti-[BK polyomavirus (BKV) major capsid protein VP1], *Homo sapiens* monoclonal antibody; gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-7*01 (89.7%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (85.7%))] [8.8.13] (26-33.51-58.97-109) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, E12, M14 (CH1 R120 (217) (121-218), hinge 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-212°)-disulfide with lambda2 light chain *Homo sapiens* (1°-213°) [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV3-21*03 (92.6%) -IGLJ2*01 (90,0%) L124>V (104))] [6.3.10] (26°-31°.49°-51°.88°-97°) (1°-107°) -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (108°-213°)]; dimer (229-229":232-232")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-C8TD, glycoform alfa

traxivitugum

immunoglobuline G1-lambda2, anti-[protéine majeure de la capsid VP1 du polyomavirus BK (BKV)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*; chaîne lourde gamma1 *Homo sapiens* (1-450) [VH (*Homo sapiens*

traxivitug

IGHV3-7*01 (89.7%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (85.7%) [8.8.13] (26-33.51-58.97-109) (1-120) - *Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, E12, M14 (CH1 R120 (217) (121-218), charnière 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (224-213')-disulfure avec la chaîne légère lambda2 *Homo sapiens* (1'-213') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV3-21*03 (92.6%) -IGLJ2*01 (90,0%) L124>V (104)) [6.3.10] (26'-31'.49'-51'.88'-97') (1'-107') - *Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (108'-213')]; dimère (229-229":232-232")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-C8TD, glycoforme alfa

inmunoglobulina G1-lambda2, anti-[proteína mayor de la cápsida VP1 del poliovirus BK (BKV)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*;

cadena pesada gamma1 *Homo sapiens* (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-7*01 (89.7%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (85.7%) [8.8.13] (26-33.51-58.97-109) (1-120) - *Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, E12, M14 (CH1 R120 (217) (121-218), bisagra 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (224-213')-disulfuro con la cadena ligera lambda2 *Homo sapiens* (1'-213') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV3-21*03 (92.6%) -IGLJ2*01 (90,0%) L124>V (104)) [6.3.10] (26'-31'.49'-51'.88'-97') (1'-107') - *Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (108'-213')]; dímero (229-229":232-232")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-C8TD, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QVQLVESGGT LVQPGGSLRL SCAASGFTFN NYWMTWVRQA PGKGLEWVAN 50
IKKDGSEKYY VDSVGRGFTI SRDNAKNSLF LQMNSLRPED TAVYFCATVR 100
SGRYFALDDW GQGTLTVTSS ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK 150
DYFPEPVTVS WNSGALTSKV HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGQT 200
YICNVNKKPS NTKVDKRVPE KSCDKTHTCP PCPAPELLGG PSVFLFPPPK 250
KDTLMSIRTP EVTCVVVDVS HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN 300
STYRVSVLT VLHQDWLNGK EYKCKVSNKA LPAPTEKTIIS KAKGQPREPQ 350
VYTLPPSREE MTKNQVSLTC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTPPV 400
LDSGSEFFLY SKLTVDKSRW QQGNVVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPGK 450

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

QSVELTQPPSV SVAPGKTARI TCGGDNIGSR PVHWYQQKPG QAPILVVYDD 50
SNRPSGIPER FSGSNSGNTA TLTISRVEAG DEADYICQVW SSSTDHPFP 100
GTKVTVLQGP KAAPSVTLPF PSSEELQANK ATLVLCLISDF YPGAIVTAWK 150
ADSSPVKAGV ETTTPSKQSN NKYAASSYLS LTPEQWKSRR SYSCQVTHEG 200
STVEKTVAPT ECS 213

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-96 147-203 264-324 370-428
22"-96" 147"-203" 264"-324" 370"-428"
Intra-L (C23-C104) 22'-87' 135'-194'
22"'-87'" 135"'-194'"

Inter-H-L (h 5-CL 126) 223-212' 223"-212"''

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

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

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

H VH Q1: 1, 1"
L VL V-LAMBDA Q1: 1', 1'''

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

H CH2 N84.4: 300, 300"

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

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

H CHS K2: 450, 450"

troculeucelum

troculeucel

autologous natural killer (NK) cells isolated from peripheral blood leukapheresis. The leukapheresis material is enriched for CD56+ cells by positive immunoselection and re-suspended in media containing fetal bovine serum (FBS), interleukin-2 (IL-2), and interleukin-21 (IL-21). The cells are initially cultured in media containing IL-2 and two different irradiated feeder cell lines and then cultured with IL-2 alone to induce cell expansion.

The final cell population consists of CD3-CD56+ NK cells ($\geq 80\%$), with highly expressed activating NK cell receptors [NKp30, NKp44 and NKp46, C-type lectin-like receptor (NKG2 family of receptors including NKG2C and NKG2D)], and other activating receptors such as CD16 and CD244. The cells also upregulate expression of perforin-1, granzyme, tumor necrosis factor alpha (TNF- α), interferon gamma (IFN- γ) and CD107a, and demonstrate cytotoxicity against K562 myeloid leukemia cells *in vitro* ($\geq 50\%$)

troculeucel

cellules tueuses naturelles (NK) autologues isolées à partir de la leucaphérèse de sang périphérique. Le matériel de leucaphérèse est enrichi en cellules CD56+ par immunosélection positive et remis en suspension dans un milieu contenant du sérum bovin fœtal (FBS), de l'interleukine-2 (IL-2) et de l'interleukine-21 (IL-21). Les cellules sont d'abord cultivées dans un milieu contenant de l'IL-2 et deux lignées différentes de cellules nourricières irradiées, puis cultivées avec de l'IL-2 seule pour induire l'expansion cellulaire.

La population cellulaire finale se compose de cellules NK CD3-CD56+ ($\geq 80\%$), d'une forte expression de récepteurs activateurs des cellules NK [NKp30, NKp44 et NKp46, récepteur de type lectine C (famille des récepteurs NKG2 comprenant NKG2C et NKG2D)], et d'autres récepteurs activateurs tels que CD16 et CD244. Les cellules augmentent également l'expression de la perforine-1, de la granzyme, du facteur de nécrose tumorale alpha (TNF- α), de l'interféron gamma (IFN- γ) et du CD107a, et démontrent une cytotoxicité contre les cellules de leucémie myéloïde K562 *in vitro* ($\geq 50\%$)

troculeucel

células NK autólogas aisladas de leucoaféresis de sangre periférica. El material de leucoaféresis se enriquece para células CD56+ mediante inmunoselección positiva y se resuspende en medio que contiene suero bovino fetal (FBS), interleuquina-2 (IL-2) e interleuquina-21 (IL-21). Las células se cultivan inicialmente en medio que contiene IL-2 y dos líneas celulares alimentadoras irradiadas diferentes, y después se cultivan sólo con IL-2 para inducir expansión.

La población celular final consiste en células NK CD3-CD56+ ($\geq 80\%$) con alta expresión de receptores activadores de NK [NKp30, NKp44 y NKp46, receptor similar a lectina tipo C (familia de receptores NKG2 incluyendo NKG2C y NKG2D)], y otros receptores activadores como CD16 y CD244. Las células también sobre regulan la expresión de perforina-1, granzima, factor de necrosis tumoral alfa (TNF- α), interferón gamma (IFN- γ) y CD107a, y demuestran citotoxicidad contra células de leucemia mielóide K562 *in vitro* ($\geq 50\%$)

ucasareotidum dasaroxetanum

ucasareotide dasaroxetan

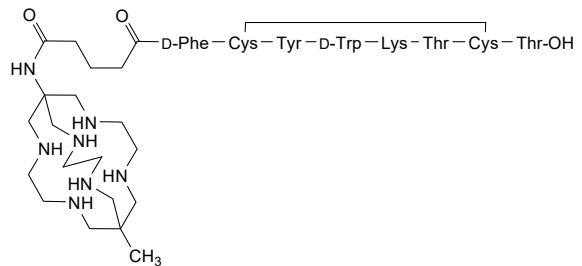
$N^{2,1}$ -[5-[(8-méthyl-3,6,10,13,16,19-hexaazabicyclo[6.6.6]icosan-1-yl)amino]-5-oxopentanoyl]- $S^{3,2},S^{3,7}$ -cyclo(D-phénylalanil-L-cystéinyl-L-tyrosyl-D-tryptophyl-L-lysyl-L-thréonil-L-cystéinyl-L-thréonine)

ucasaréotide dasaroxétan

$N^{2,1}$ -[5-[(8-méthyl-3,6,10,13,16,19-hexaazabicyclo[6.6.6]icosan-1-yl)amino]-5-oxopentanoyl]- $S^{3,2},S^{3,7}$ -cyclo(D-phénylalanil-L-cystéinyl-L-tyrosyl-D-tryptophyl-L-lysyl-L-thréonil-L-cystéinyl-L-thréonine)

ucasareotida dasaroxetán

$N^{2,1}$ -[5-[(8-metil-3,6,10,13,16,19-hexaazabicyclo[6.6.6]icosan-1-il)amino]-5-oxopentanoi]- $S^{3,2},S^{3,7}$ -ciclo(D-fenilalanil-L-cisteinil-L-tirosil-D-triptofil-L-lisil-L-treonil-L-cisteinil-L-treonina)

 $C_{69}H_{103}N_{17}O_{14}S_2$ **ucenprubartum #**

ucenprubart

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD200R1 (CD200 receptor 1, MOX2 receptor, MOX2R, OX2R, HCRTR2)], humanized monoclonal antibody; gamma4 heavy chain humanized (1-446) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (87.9%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (85.7%) R120>Q (112), CDR-IMGT [9.8.12] (26-34.52-59.98-109)) (1-120)-*Homo sapiens* IGHG4*01, *nG4m(a)* CH2 L92, G4v5 h P10 (CH1 (121-218), hinge 1-12 S10>P (228) (219-230), CH2 L92 (309) (231-340), CH3 (341-445), CHS K2>del (446)) (121-446)], (134-215')-disulfide with kappa light chain humanized (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV6-21*02 (88.8%) -IGKJ4*01 (100%), 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 lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, glycoform alfa

ucenprubart

immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD200R1 (récepteur 1 de CD200, récepteur de MOX2, MOX2R, OX2R, HCRTR2)], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde gamma4 humanisée (1-446) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (87.9%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (85.7%) R120>Q (112), CDR-IMGT [9.8.12] (26-34.52-59.98-109)) (1-120)-*Homo sapiens* IGHG4*01, *nG4m(a)* CH2 L92, G4v5 h P10 (CH1 (121-218), charnière 1-12 S10>P (228) (219-230), CH2 L92 (309) (231-340), CH3 (341-445), CHS K2-del (446)) (121-446)], (134-215')-disulfure avec la chaîne légère kappa humanisée (1'-215') [V-KAPPA (*Homo*

sapiens IGKV6-21*02 (88.8%) -IGKJ4*01 (100%), 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) ne présentant pas le gène de la glutamine synthétase (GS-KO), glycoforme alfa

ucenprubart

inmunoglobulina G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD200R1 (receptor 1 de CD200, receptor de MOX2, MOX2R, OX2R, HCRTR2)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada gamma4 humanizada (1-446) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (87.9%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (85.7%) R120>Q (112), CDR-IMGT [9.8.12] (26-34.52-59.98-109)) (1-120)-*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10 (CH1 (121-218), bisagra 1-12 S10>P (228) (219-230), CH2 L92 (309) (231-340), CH3 (341-445), CHS K2>del (446)) (121-446)], (134-215')-disulfuro con la cadena ligera kappa humanizada (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV6-21*02 (88.8%) -IGKJ4*01 (100%), 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) en ausencia del gen glutamina sintetasa (GS-KO), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QVQLVQSGAE	VKKPGASVKV	SCKASGFSEF	SGYYMAWVRQ	APGQGLEWMG	50
LIGVSGSLW	YAQKFGQVMT	MTRDTSSTTV	YMELSSLRSE	DTAVYYCARH	100
FALSDPFLNW	GQCTLVTVSS	ASTKGPSVFP	LAPCSRSTSE	STAALGCLVK	150
DYFPEPVTVS	WNSGALTSV	HTFPAVLQSS	GLYSLSSVVT	VPSSSLGPKT	200
YTCNVDPKPS	NTKVDKRVES	KYGFPPCPFC	APEFLGGPSV	FLFPKPKDT	250
LMISRTPEVT	CVVVDVSDQED	PEVQFNWYVD	GVEVHNAKTK	PREEQFNSTY	300
RVVSVLTVLH	QDWLNGKEYK	CKVSNKGLPS	SIEKTISKAK	GQPREPQVYIT	350
LPSSQEMTK	NQVSLTCLVK	GFYPSDIAVE	WESNGQPENN	YKTTTPFLVDS	400
DGSFFLYSRL	TVDKSRWQEG	NVDFSCVMHE	ALHNHYTQKS	LSLSLG	446

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

EIVLTQSPDF	QSVTPKEKVT	ITCQASESID	SYLLWYQQKQ	DQSPKLLIKQ	50
ASTLASGVPS	RFSGSGSGTD	FTLTINSLEA	EDAATYYCQN	YYDISNDFG	100
GGTKVEIKRT	VAAPSVFIFP	PSDEQLKSGT	ASVVCLLNPF	YPREAKVQWK	150
VDNALQSGNS	QESVTEQDSK	DSTYLSLSTL	TLSKADYEKH	KVYACEVTHQ	200
GLSSPVTKSF	NRGEC				215

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-97 147-203 261-321 367-425
22"-97" 147"-203" 261"-321" 367"-425"

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

Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 134-215' 134"-215"
Inter-H-H (h 8, h 11) 226-226" 229-229"

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal /

Ciclación del glutaminilo N-terminal

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

piroglutamilo (pE, 5-oxopropilo)

H VH Q1: 1, 1"

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

H CH2 N84.4: 297, 297"

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

uplarafenibum

uplarafenib

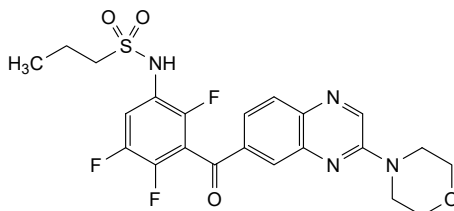
N-{2,4,5-trifluoro-3-[3-(morpholin-4-yl)quinoxaline-6-carbonyl]phenyl}propane-1-sulfonamide

uplarafénib

N-{2,4,5-trifluoro-3-[3-(morpholin-4-yl)quinoxaline-6-carbonyl]phényl}propane-1-sulfonamide

uplarafenib

N-{2,4,5-trifluoro-3-[3-(morfolin-4-il)quinoxalina-6-carbonil]fenil}propano-1-sulfonamida

 $C_{22}H_{21}F_3N_4O_4S$


uprevstobartum #

uprevstobart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* NT5E (5'-nucleotidase ecto, 5' nucleotidase, 5'-NT, NT5, CD73)], humanized monoclonal antibody;
 gamma1 heavy chain humanized (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV5-51*01 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%) Q120>A (113), L123>T (116), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120 CH3 E12, M14, G1v29 CH2 A84.4 (CH1 R120 (218) (122-219), hinge 1-15 (220-234), CH2 N84.4>A (301) (235-344), CH3 E12 (360), M14 (362) (345-449), CHS K2>del (450)) (122-450)], (224-214')-disulfide with kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (83.2%) -IGKJ2*01 (91.7%) Q120>G (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 (230-230":233-233")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1 lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, non-glycosylated

uprevstobart

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* NT5E (5' ecto nucléotidase, 5' nucléotidase, 5'-NT, NT5, CD73)], anticorps monoclonal humanisé;
 chaîne lourde gamma1 humanisée (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV5-51*01 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%) Q120>A (113), L123>T (116), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120 CH3 E12, M14, G1v29 CH2 A84.4 (CH1 R120 (218) (122-219), charnière 1-15 (220-234), CH2 N84.4>A (301) (235-344), CH3 E12 (360), M14 (362) (345-449), CHS K2>del (450)) (122-450)], (224-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (83.2%) -IGKJ2*01 (91.7%) Q120>G (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 (230-230":233-233")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1 ne présentant pas le gène de la glutamine synthétase (GS-KO), non-glycosylé

uprevstobart

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* NT5E (5' ecto nucleotidasa, 5' nucleotidasa, 5'-NT, NT5, CD73)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada gamma1 humanizada (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV5-51*01 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%) Q120>A (113), L123>T (116), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120 CH3 E12, M14, G1v29 CH2 A84.4 (CH1 R120 (218) (122-219), pesada 1-15 (220-234), CH2 N84.4>A (301) (235-344), CH3 E12 (360), M14 (362) (345-449), CHS K2>del (450)) (122-450)], (224-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (83.2%) -IGKJ2*01 (91.7%) Q120>G (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 (230-230":233-233")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1 en ausencia del gen glutamina sintetasa (GS-KO), no glicosilado

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
 EVQLVQSGAE VKKPGESLKI SCKGSGYFTT SYGLSWVRQM PGRGLEWNGE 50
 IYFGSGNTYY NEKFKGQVTI SADKSIISTAY LQWSSLKASD TAMYYCARYD 100
 YLGSSYGFDY WGAGTTVTVS SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGLCLV 150
 KDYFPEPVTV SWNSGALTSC VHTFPAVLQS SGLYLSLSSV VTPSSSLGTQ 200
 TYICNVNHPK SNTKVDKRVK PKSCDKTHPC PFCFAPPELLG GPSVFLFPFK 250
 FKDTLMLSRP PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
 ASTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKGQPREP 350
 QVYTLPPSRE EMTKNQVSLT CLVKGFYPSI IAVWEESNGQ PENNYKTPFP 400
 VLDSGDSGFFL YSKLTVDKSR WQQGNVFCSS VMHEALHNYH TQKSLSLSPG 450

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
 DIVMTQSPDS LAVSLGERAT INCKASQDVS TAVAWYQQKQ GQPKLLIYS 50
 ASYRYSGVFD RFGSGSGGTD FTLTISSLQA EDVAVYFCQQ HYNTPYTFGG 100
 GTKLEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNRFY PREAKVQWVK 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYKHK YVACEVTHQG 200
 LSSPVTKSFN RGECC

Post-translational modifications
 Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
 Intra-H (C23-C104) 22'-96" 148"-204" 265'-325" 371'-429"
 22"-96" 148"-204" 265'-325" 371'-429"
 Intra-L (C23-C104) 23"-88" 134"-194"
 23"-88" 134"-194"
 Inter-H-L (h 5-CL 126) 224'-214' 224"-214"
 Inter-H-H (h 11, h 14) 230'-230" 233'-233"

No N-glycosylation sites / pas de sites de N-glycosylation / ninguna posición de N-glicosilación
 H CH2 N84.4>A (G1v29): 301, 301"

usilinetugum #
 usilinetug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* APP (amyloid beta A4 precursor protein) Abeta N3pGlu (amyloid beta N-terminal truncated and pyroglutamate modified at position 3, AβpE3) peptides], monoclonal antibody; gamma1 heavy chain (1-451) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV8-12*01 (82.0%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (92.9%) A128>S (121)/*Homo sapiens* IGHV2-5*08 (75.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [10.7.13] (26-35.53-59.98-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (218) (122-219), hinge 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 E12 (360), M14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-214')-disulfide with kappa light chain (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (88.4%) -IGKJ2*02 (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 (230-230":233-233")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, glycoform alfa

usilnetug immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* APP (protéine précurseur A4 amyloïde bêta) Abêta N3pGlu (amyloïde bêta N-terminal tronqué avec la position 3 modifiée en pyroglutamate, AβpE3) peptides], anticorps monoclonal;
 chaîne lourde gamma1 (1-451) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV8-12*01 (82.0%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (92.9%) A128>S (121)/*Homo sapiens* IGHV2-5*08 (75.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [10.7.13] (26-35.53-59.98-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (218) (122-219), charnière 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 E12 (360), M14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (88.4%) -IGKJ2*02 (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 (230-230":233-233")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa

usilnetug inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* APP (proteína precursor A4 amieloide beta) Abeta N3pGlu (amieloide beta N-terminal truncada con la posición 3 modificada en piroglutamato, AβpE3) péptidos], anticuerpo monoclonal;
 cadena pesada gamma1 (1-451) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV8-12*01 (82.0%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (92.9%) A128>S (121)/*Homo sapiens* IGHV2-5*08 (75.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [10.7.13] (26-35.53-59.98-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (218) (122-219), bisagra 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 E12 (360), M14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (88.4%) -IGKJ2*02 (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 (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
 EVQLQESGPG LVKPSTLSL TCTFSGFSL TSGMGVSWIR QPPGKGLEWL 50
 AHIYWDKDKR YNPKMRRRLT ISKDTSKNQV SLKISSVTAA DTAVYYCARR 100
 ADDYDVGFAF YWGGTLVTVS SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGLCVL 150
 KDYFFPEPVTV SWNSGALTSV VHTFFPAVLQS SGLYSLSSVV TVPSSSLGLGQ 200
 TYICNVNHKP SNTKVDKKEV PKSCDKTHTC PPCPAPELLG GPSVFFLFPFK 250
 PRDLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
 NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKGQPREP 350
 QVYTLPPSRE EMTKQVSLT CLVKGFPYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTPFP 400
 VLDSGDSFPL YSKLTVDKSR WQQGNVFSCT VMHEALHNYH TQKSLSLSPG 450
 K 451

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
 DIQMTQSPSS VSASVGRDVT ITCLASQTIG TFLAWYQQKP GKSPKLLIYA 50
 ATSLADGVPS RFSGSGSGTD FTLTISSLQP EDFATYYCQQ LYSSPPTFGQ 100
 GTKLEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
 LSSPVTKSFN RGEC 214

Post-translational modifications
 Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
 Intra-H (C23-C104) 22-97 148-204 265-325 371-429
 22"-97" 148"-204" 265"-325" 371"-429"
 Intra-L (C23-C104) 23'-88" 134'-194"
 23'''-88''' 134'''-194'''
 Inter-H-L (h 5-CL 126) 224-214' 224"-214"
 Inter-H-H (h 11, h 14) 230-230" 233-233"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
 H CH2 N84.4: 301, 301"

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

usnoflastum

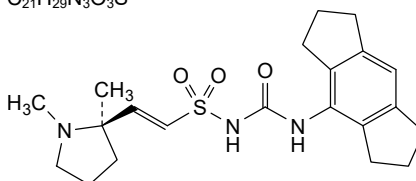
usnoflast

(1*E*)-2-[(2*R*)-1,2-dimethylpyrrolidin-2-yl]-*N*-[(1,2,3,5,6,7-hexahydro-*s*-indacen-4-yl)carbamoyl]ethene-1-sulfonamide

usnoflast

(1*E*)-2-[(2*R*)-1,2-diméthylpyrrolidin-2-yl]-*N*-[(1,2,3,5,6,7-hexahydro-*s*-indacén-4-yl)carbamoyl]éthène-1-sulfonamide

usnoflast

(1*E*)-2-[(2*R*)-1,2-dimetilpirrolidin-2-il]-*N*-[(1,2,3,5,6,7-hexahidro-*s*-indacén-4-il)carbamoi]jeteno-1-sulfonamidaC₂₁H₂₉N₃O₃S**vamagloxistatum**

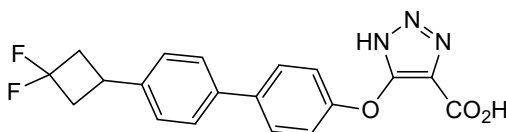
vamagloxistat

5-[[4'-(3,3-difluorocyclobutyl)[1,1'-biphenyl]-4-yl]oxy]-1*H*-1,2,3-triazole-4-carboxylic acid

vamagloxistat

acide 5-[[4'-(3,3-difluorocyclobutyl)[1,1'-biphényl]-4-yl]oxy]-1*H*-1,2,3-triazole-4-carboxylique

vamagloxistat

ácido 5-[[4'-(3,3-difluorociclobutil)[1,1'-bifenil]-4-il]oxi]-1*H*-1,2,3-triazol-4-carboxílicoC₁₉H₁₅F₂N₃O₃**vecilmeranum #**

vecilmeran

messenger RNA (mRNA), 5'-capped, encoding a codon-optimised receptor binding domain (RBD) of the severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) spike (S) glycoprotein (Omicron sub-lineages B.1.1.529.4 and B.1.1.529.5; also known as BA.4 and BA.5; based upon, GISAID: EPI_ISL_12431317) expressed as a fusion protein with a human immunoglobulin (Ig) ε-chain signal peptide, flanked by a 5' untranslated region (UTR) derived from *Xenopus laevis* β-globin gene (HBB) and a 3' UTR derived from the human α-globin gene (HBA1), and terminated by a 3' polyadenylation (polyA) tail

vécilméran

ARN messenger (ARNm), protégé d'une coiffe en 5', codant un domaine de liaison au récepteur (RBD) aux codons optimisés de la glycoprotéine de spicule (S) du coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SARS-CoV-2) (sous-lignées Omicron B.1.1.529.4 et B.1.1.529.5; également connu sous le nom de BA.4 et BA.5; d'après, GISAID: EPI_ISL_12431317) exprimée sous la forme d'une protéine de fusion avec un peptide signal de la chaîne ϵ d'une immunoglobuline (Ig) humaine, flanquée d'une région non traduite (UTR) en 5' dérivée du gène de la β -globine de *Xenopus laevis* (HBB) et d'une UTR en 3' dérivée du gène de l' α -globine humaine (HBA1), et terminée par une queue polyadénylation (polyA) en 3'

vecilmerán

ARN mensajero (ARNm), protegido en 5', que codifica, con codones optimizados, para el dominio de unión al receptor (RBD) de la glicoproteína de la espícula (S) del coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo (SARS-Cov-2) (sublinajes B.1.1.529.4 and B.1.1.529.5 de Omicron; también conocidos como BA.4 y BA.5; basado en GISAID: EPI_ISL_12431317), expresado como una proteína de fusión con el péptido señal de la cadena ϵ de la inmunoglobulina (Ig) humana, flanqueado por una región 5' no traducida (UTR) derivada del gen de la β -globina (HBB) de *Xenopus laevis* y una 3' UTR derivada del gen de la α -globina (HBA1) humana y terminado con una cola poliadenilación (poliA)

velucovacapum #
velucovacap

N-L-glycyl-split protein tag peptide (2-15) fused via the peptide linker ¹⁶GSGTAGGSGS²⁶ to *Acinetobacter* phage AP205 coat protein fragment (Met¹>del, 2-131, 27-156 in the current sequence), produced in *Escherichia coli*, conjugated via isopeptide bond (formed by the reaction between N⁹ and K³² with associated loss of one amino group) to *N*-L-glycyl-catcher peptide fragment (2-114) derived from *Streptococcus dysgalactiae* fibronectin binding protein fused via peptide linker ¹¹⁵GSGS¹¹⁸ to severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) spike glycoprotein (S glycoprotein) receptor binding domain (RBD) fragment (GenBank ID: QIA20044.1; 306-578, 119-391 in the current sequence) fused via peptide linker ³⁹²GSGS³⁹⁵ to a ³⁹⁶EPEA³⁹⁹ C-terminal tag peptide, produced in *Drosophila melanogaster* S2 cells, glycoform alfa. The *Acinetobacter* phage AP205 coat protein-containing monomers self-assemble into a virus-like particle (VLP) consisting of 180 subunits of which approximately 61 surface exposed copies spontaneously conjugate with the RBD-containing recombinant fusion protein when mixed together

vélucovacap

peptide *N*-L-glycyl-split servant de marquage protéique (2-15) fusionné via le peptide liant ¹⁶GSGTAGGGSGS²⁶ à un fragment de la protéine d'enveloppe d'*Acinetobacter* phage AP205 (Met¹>del, 2-131, 27-156 dans la séquence actuelle), produit chez *Escherichia coli*, conjugué par liaison isopeptidique (formée par la réaction entre N⁹ et K³² avec perte associée d'un groupe amine) à un fragment du peptide *N*-L-glycyl-catcher (2-114) dérivé de la protéine de liaison à la fibronectine de *Streptococcus dysgalactiae* fusionné via la liaison peptidique ¹¹⁵GSGS¹¹⁸ à un fragment de domaine de liaison au récepteur (RBD) de la glycoprotéine de spicule du coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SARS-CoV-2) (identifiant GenBank: QIA20044. 1; 306-578, 119-391 dans la séquence actuelle) fusionné via le peptide liant ³⁹²GSGS³⁹⁵ à un peptide de marquage en C-terminal ³⁹⁶EPEA³⁹⁹, produit dans les cellules S2 de *Drosophila melanogaster*, glycoforme alfa. Les monomères contenant la protéine d'enveloppe du phage *Acinetobacter* AP205 s'auto-assemblent en une particule de type virus (VLP) composée de 180 sous-unités dont environ 61 copies présentées à la surface se conjuguent spontanément avec la protéine de fusion recombinante contenant le RBD lorsqu'elles se mélangent

velucovacap

peptido de marca de proteína *N*-L-glicil-dividido (2-15) fusionado a través de enlace peptídico ¹⁶GSGTAGGGSGS²⁶ al fragmento de proteína de cubierta del fago *Acinetobacter* AP205 (Met¹>del, 2-131, 27-156 en la secuencia actual), producido en *Escherichia coli*, conjugado a través de un enlace isopeptídico (formado por la reacción entre N⁹ y K³² con pérdida asociada a un grupo amino) a un fragmento peptídico *N*-L-glicil-receptor (2-114) derivado de *Streptococcus dysgalactiae* proteína de unión a la fibronectina fusionada a través de enlace peptídico ¹¹⁵GSGS¹¹⁸ al fragmento del dominio de unión al receptor (RBD) de la proteína de espícula (glicoproteína S) del síndrome severo agudo respiratorio del coronavirus 2 (SARS-CoV-2) (GenBank ID: QIA20044.1; 306-578, 119-391 en la secuencia actual) fusionado a través de enlace peptídico ³⁹²GSGS³⁹⁵ a un ³⁹⁶EPEA³⁹⁹ péptido de marca de proteína C-terminal, producido en células *Drosophila melanogaster* S2, forma glicosilada alfa. Los monómeros que contienen la proteína de cubierta del fago *Acinetobacter* AP205 se autoensamblan en una partícula similar al virus (VLP) que consta de 180 subunidades, de las cuales aproximadamente 61 copias expuestas a la superficie se conjugan espontáneamente con la proteína de fusión recombinante que contiene RBD cuando se mezclan

Sequence / Séquence / Secuencia

VLP-AP205 monomer

GNPLIVMVND **TTKVK**GSGTA GGGSGSANKP MQPITSTANK IVWSDPTRLS 50
 TTFASALLRQ RVKVGIAELN NVSGQYVSVY KRPAPKEGC ADACVIMPNE 100
 NQSI^rTVISG SAENLATLKA EWETHKRNVD TLFASGNAGL GFLDPTAAIV 150
 SSDTTA 156

SARS-CoV-2 RBD-antigen monomer

GIDTMSGLSG **ETGQSGNTTI** **EEDSTTHVKF** **SKRDSNGKEL** **AGAMIELRNL** 50
SGQTIQSWVS **DGTVKDFYLM** **PGTYQFVETA** **APEGYELAAP** **ITFTVQDNGE** 100
VIIQGRLTRG **DVHI**GSGSRV QPTESIVRFP NITNLCPFGE VFNATRFASV 150
 YAWNRRKRISN CVADYSVLYN SASFSTFKCY GVSPTKLNLD CFTNVYADSF 200
 VIRGDEV^rQI APGQTGKIAD YNYKLPDDFT GCVIAWNSNN LDSKVGGNYN 250
 YLYR^rLFRKSN LKPFERDIST EIYQAGSTPC NGVEGFNCYF PLQSYGFQPT 300
 NGVGYQPYRV VVLSFELLHA PATVCGPKKS TNLVKNKCVN FNFNGLTGTG 350
 VLTESNKKFL PFQQFGRDIA DTTDAVRDPQ TLEILDITPC SGSGSEPEA 399

Mutation / Mutation / Mutación

Met¹ >Met²⁷ del

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión

VLP-AP205: ¹⁶GSGTAGGGSGS²⁶
 RBD-antigen: ¹¹⁵GSGS¹¹⁸ and ³⁹²GSGS³⁹⁵

Post-translational modifications

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

Inter-chain VLP-AP205: 90^m-94ⁿ (m=1,...,180; n=1,...,180; m≠n) (predicted)

Intra-chain RBD-antigen: 136-161, 179-232, 191-325, 280-288, 338-390 (predicted)

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

RBD-antigen: N17, N49, N131, N143

Gluconoylation sites / Sites de gluconoylation / Posiciones de gluconoilación

VLP-AP205: G1 (K13 and K63 to a minor extent)

Phosphogluconoylation sites

VLP-AP205: G1 (K13 and K63 to a minor extent)

Oxidation sites / Sites d'oxydation / Posiciones de oxidación

VLP-AP205: M31 RBD-antigen: M44

Deamidation sites / Sites de désamidation / Posiciones de desamidación

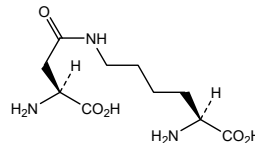
VLP-AP205: N9, N28, N70, N71

RBD-antigen: N160, N170, (N281/N287/Q293/N301)*, N344

*Deamidation can be in any of the listed amino acids

Amide bridge location / Position du pont amide / Posición del puente amido

VLP-AP205 D⁹ - RBD-antigen K³² (VLP-AP205 N⁹ - RBD-antigen norleucine³²)
 approximately 61 RBD-antigen monomers are conjugated per VLP, which itself is
 composed of 180 monomers of AP205



venanprubartum

venanprubart

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* BTLA (B and T lymphocyte attenuator, BTLA1, CD272)], humanized monoclonal antibody;
 gamma4 heavy chain humanized (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-18*01 (80.6%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.17] (26-33.51-57.96-112)) (1-123)-*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10, G4v4 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 (124-221), hinge 1-12 S10>P (231) (222-233), CH2 F1.3>A (237), L1.2>A (238), L92 (312) (234-343), CH3 (344-448), CHS K2>del (449)) (124-449)], (137-217')-disulfide with kappa light chain humanized (1'-217') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (88.5%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.12] (27'-32'.50'-52'.89'-100')) (1'-110') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (156'), V101 (194') (111'-217')]; dimer (229-229":232-232")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, glycoform alfa

vénanprubart

immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* BTLA (atténuateur des lymphocytes B et T, BTLA1, CD272)], anticorps monoclonal humanisé;
 chaîne lourde gamma4 humanisée (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-18*01 (80.6%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.17] (26-33.51-57.96-112)) (1-123)-*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10, G4v4 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 (124-221), charnière 1-12 S10>P (231) (222-233), CH2 F1.3>A (237), L1.2>A (238), L92 (312) (234-343), CH3 (344-448), CHS K2>del (449)) (124-449)], (137-217')-disulfure avec la chaîne légère kappa humanisée (1'-217') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (88.5%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.12] (27'-32'.50'-52'.89'-100')) (1'-110') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (156'), V101 (194') (111'-217')]; dimère (229-229":232-232")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO) ne présentant pas le gène de la glutamine synthétase (GS-KO), glycoforme alfa

venanprubart

immunoglobulina G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* BTLA (atenuador de los linfocitos B y T, BTLA1, CD272)], anticuerpo monoclonal humanizado;
 cadena pesada gamma4 humanizada (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-18*01 (80.6%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.17] (26-33.51-57.96-112)) (1-123)-*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10, G4v4 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 (124-221), bisagra 1-12 S10>P (231) (222-233), CH2 F1.3>A (237), L1.2>A (238), L92 (312) (234-343), CH3 (344-448), CHS K2>del (449)) (124-449)], (137-217')-disulfuro con la cadena ligera kappa humanizada (1'-217') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (88.5%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.12] (27'-32'.50'-52'.89'-100')) (1'-110') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (156'), V101 (194') (111'-217')]; dímero (229-229":232-232")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO) en ausencia del gen glutamina sintetasa (GS-KO), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGFSLS SYGVSWVRQA PGQGLEWMGA 50
 ISYDGIYYA SWAKSRVTMT RDTSTSTVYM ELSSLRSEDT AVVYICARGDY 100
 YDDYVYVYAL DIWQGQTLVT VSSASTKGPS VFPLAPCSRS TSESTAALGC 150
 LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL QSSGLYLSLS VVTVPSSSLG 200
 TKTYTCNVDH KPSNTKVDKR VESKYGPFCP PCFAPEAAGG PSVFLFPPKP 250
 KDTLMISRTP EVTCVVVDVS QEDPEVQFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQFN 300
 STYRVSVLTL VLHQDWLNGK EYKCKVSNKG LPSSTEKTI S KAKGQPREPQ 350
 VYTLFPPSQEE MTKNQVSLTC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV 400
 LDSDGSEFFLY SRLTVDKSRW QEGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSLG 449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

EIVLTQSPGT LSLSPGERAT LSCQASQSI S TALAWYQQKP GQAPRLLIYA 50
 ASTLASGIPD RFGSGSGSDT FTLTISRLEP EDFAVYYCQQ GYSSSNLDNV 100
 FGGGTKVEIK RTVAAPSVFI FPPSDEQLKS GTASVVCLLN NFYPREAKVQ 150
 WKVDNALQSG NSQESVTEQD SKDSTYSLSS TITLTKADYE KHKVYACEVT 200
 HQGLSSPVTK SFNRGEC 217

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-95 150-206 264-324 370-428
 22"-95" 150"-206" 264"-324" 370"-428"

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

Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 137-217 137"-217"

Inter-H-H (h 8, h 11) 229-229" 232-232"

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

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

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

H CH2 N84.4: 300, 300"

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

verekitugum

verekitug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CRLF2 (cytokine receptor like factor 2, TSLPR, thymic stromal lymphopoietin receptor)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;
 gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (89.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%), G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (215) (119-216), hinge 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 D12 (357), L14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-214')-disulfide with kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-16*02 (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')]; dimer (227-227":230-230")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa

vérekítug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CRLF2 (récepteur du facteur 2 cytokine like, TSLPR, récepteur de la lymphopoïétine stromale thymique)]; anticorps monoclonal *Homo sapiens*;
 chaîne lourde gamma1 *Homo sapiens* (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (89.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%), G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (215) (119-216), charnière 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 D12 (357), L14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-16*02 (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')]; dimère (227-227":230-230")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

verekitug

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CRLF2 (receptor del factor 2 de tipo citocina, TSLPR, receptor de la linfopoyetina estromal tímico)]; anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*; cadena pesada gamma1 *Homo sapiens* (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (89.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%), G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (215) (119-216), bisagra 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 D12 (357), L14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-16*02 (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')]; dímero (227-227''':230-230'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
 EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFR SSAMHWVRQA PGKGLKWVSS 50
 VSGSGACTYIV ADSVKGRFTI SRDNEPKNTLY LQMSLRAED TAVYYCVKVEG 100
 GSRGFDYWGQ GTLVTVSSAS TKGPSVFPLA PPSKSTSGGT AALGCLVKDY 150
 FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL YSLSSVTVTP SSSLGTQTYI 200
 CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPELLGGPS VFLFPPKPKD 250
 TLMISRTPEV TCVVVDVSH E DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
 YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY 350
 TLPFPRDEL TKNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD 400
 SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
 DIQMTQSPSS LSASVGRVIT ITCRASQDIS NYLAWFQOKP GKAPKSLIYT 50
 ASSLQSGVPS KFSGSGSGTD FTLTISSLQP EDFATYYCQQ YNLYPPTFGQ 100
 GTKVEIKRTV AAFSVFIFPP SDEQLKSGTA SUVCLLNRFY PREAKVQWVKV 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSSLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
 LSSPVTKSFN RGE C 214

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

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

vevotadekinum #

vevotadekin

human interleukin 18 (IL18, interleukin-1 gamma, IL-1 gamma, interferon gamma-inducing factor) fragment (1-157), engineered variant (C³⁸>S, M⁵¹>K, K⁵³>S, ⁵⁶QP⁵⁷>LA, M⁶⁰>L, C⁶⁸>D, S¹⁰⁵>D, ¹¹⁰DN¹¹¹>SR) produced in *Escherichia coli*

véovotadékiné

fragment (1-157) de l'interleukine 18 humaine (IL18, interleukine-1 gamma, IL-1 gamma, facteur d'induction de l'interféron gamma), variant modifié (C³⁸>S, M⁵¹>K, K⁵³>S, ⁵⁶QP⁵⁷>LA, M⁶⁰>L, C⁶⁸>D, S¹⁰⁵>D, ¹¹⁰DN¹¹¹>SR) produit chez *Escherichia coli*

vevotadekina

fragmento (1-157) de interleukina humana 18 (IL18, interleukina-1 gamma, IL-1 gamma, factor de inducción interferón gamma), variante diseñada (C³⁸>S, M⁵¹>K, K⁵³>S, ⁵⁶QP⁵⁷>LA, M⁶⁰>L, C⁶⁸>D, S¹⁰⁵>D, ¹¹⁰DN¹¹¹>SR) producida en *Escherichia coli*

Sequence / Séquence / Secuencia

YFGKLESKLS VIRNLNDQVL FIDQGNRPLF EDMTDS~~S~~SRD NAPRTTIFIIS 50
~~K~~~~Y~~~~S~~~~D~~~~S~~~~L~~~~A~~~~R~~~~G~~~~L~~ AVTISVK~~D~~EK ISTLS~~S~~CENKI ISFKEMNPPD NIKD~~T~~KSDII 100
 FFQR~~D~~VPGHS ~~R~~KMQFESSY EGYFLACEKE RDLFKLILKK EDELGDRSIM 150
 FTVQ~~N~~ED 157

Mutation / Mutation / Mutación

C³⁸>~~S~~, M⁵¹>~~K~~, K⁵³>~~S~~, Q⁵⁶>~~L~~, P⁵⁷>~~A~~, M⁶⁰>~~L~~, C⁶⁸>~~D~~, S¹⁰⁵>~~D~~, D¹¹⁰>~~S~~, N¹¹¹>~~R~~

Post-translational modifications

none / aucun / ninguna

vicatertidum

vicatertide L-leucyl-L-glutaminy-L-valyl-L-valyl-L-tyrosyl-L-leucyl-L-histidine

vicatertide L-leucyl-L-glutaminy-L-valyl-L-valyl-L-tyrosyl-L-leucyl-L-histidine

vicatertida L-leucil-L-glutaminil-L-valil-L-valil-L-tirosil-L-leucil-L-histidina

C₄₂H₆₆N₁₀O₁₀

H—Leu—Gln—Val—Val—Tyr—Leu—His—OH

vilastobartum #

vilastobart

immunoglobulin G1-fused prodomain kappa, anti-[*Homo sapiens* CTLA4 (cytotoxic T-lymphocyte associated protein 4, CTLA-4, CD152)], humanized monoclonal antibody; gamma1 heavy chain humanized (1-449) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-69*08 (84.7%) -(IGHD)-IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens*IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, D12, L14, G1v7 CH2 D3, E117 (CH1 K120 (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 S3>D (241), I117>E (334) (233-342), CH3 D12 (358), L14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-241')-disulfide with fused prodomain kappa light chain humanized (1'-241') [prodomain (1'-28') fused to V- KAPPA (*Homo sapiens* IGKV6-21*02 (78.5%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (55'-59'.77'-79'.116'-124')) (29'-134') -*Homo sapiens* IGKC*01, Km3 A45.1 (180'), V101 (218') (135'-241')]; dimer (228-228":231-231")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa

vilastobart

immunoglobuline G1-kappa à prodomaine fusionné, anti-[*Homo sapiens* CTLA4 (protéine 4 associée aux lymphocytes T cytotoxiques, CTLA-4, CD152)], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde gamma1 humanisée (1-449) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-69*08 (84.7%) -(IGHD)-IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens*IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, D12, L14, G1v7 CH2 D3, E117 (CH1 K120 (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 S3>D (241), I117>E (334) (233-342), CH3 D12 (358), L14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-241')-disulfure avec la chaîne légère kappa humanisée à prodomaine fusionné (1'-241') [prodomaine (1'-28') fusionné à V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV6-21*02 (78.5%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (55'-59'.77'-79'.116'-124')) (29'-134') -*Homo sapiens* IGKC*01, Km3 A45.1 (180'), V101 (218') (135'-241')]; dimère (228-228":231-231")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa

vilastobart

inmunoglobulina G1-kappa con predominio fusionado, anti-[*Homo sapiens* CTLA4 (proteína 4 asociada con los linfocitos T citotóxicos, CTLA-4, CD152)], anticuerpo monoclonal humanizado;

cadena pesada gamma1 humanizada (1-449) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-69*08 (84.7%) -(IGHD)-(IGHJ4*01 (92.9%)), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens*IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, D12, L14, G1v7 CH2 D3, E117 (CH1 K120 (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 S3>D (241), 1117>E (334) (233-342), CH3 D12 (358), L14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-241')-disulfuro con la cadena ligera kappa humanizada con predominio fusionado (1'-241') [prodominio (1'-28') fusionado con V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV6-21*02 (78.5%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.9] (55'-59'.77'-79'.116'-124'')) (29'-134') -*Homo sapiens*IGKC*01, Km3 A45.1 (180'), V101 (218') (135'-241')]; dímero (228-228''-231-231'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QVQLVQSGAE VKKPGSSSVKV SCKASGYTFT NYFMNWRQA PGQGLEWMGR 50
 VDPEQGRADY AEKFKKRVTI TADKSTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARRA 100
 MDNYGFAYWG QGTLVTVSSA STKGPSVFPL APSKSTSGG TAALGCLVKD 150
 YFPEPVTYSW NSGALTSGVH TFFAVLQSSG LYSLSVSVTV PSSSLGTQTY 200
 ICNVNKKPSN TKVDKKEPK SCDKTHTCPP CPAPELLGGP DVFLEFPKPK 250
 DTLMSIRTFE VTCVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKFREEQYNS 300
 TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAFEEKTIKSK ARGQPREPQV 350
 YTLPPSRDEL TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA WEWESNGQPE NNYKTTTPVL 400
 DSDGSFFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSCSVM HEALHNYTQ KSLSLSPGK 449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

ACPGRKGLPSC GGGSSGGSGV PLSLYSGGEI VLTQSPDFQS VTPKEKVTIT 50
 CSANSALSYM WYVQKQPDQS PCLWVHGTSN LAGVPSRFS GSGSGDFTL 100
 TINSLEAEDA ATYYCHWNSN TQWTFGGGTK VEIKRTVAAP SVFIFFPSPDE 150
 QLKSGTASVV CLLNFFPRE AKVQWKVDNA LQSGNSQESV TEQDSKSTY 200
 SLSSTLTLSK ADYEKHKVYA CEVTHQGLSS PVTKSFNRGE C 241

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 prodomain 2'-10' 2'''-10'''
 Intra-L (C23-C104) 51'-115' 161'-221"
 51'''-115''' 161'''-221'''
 Inter-H-L (h 5-CL 126) 222-241' 222"-241"
 Inter-H-H (h 11, h 14) 228-228" 231-231"

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

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

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
 H CH2 N84.4: 299, 299"

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

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

vimekofuspum #
 vimekofusp

Vibrio cholerae L-methionyl-cholix toxin (exotoxin A, NAD(+)-diphthamide ADP-ribosyltransferase, EC: 2.4.2.36), fragment (1-386, 2-387 in the current sequence), variant (D³>E⁴, E⁴>A⁵), fused via peptide linker ³⁸⁸GGGGSGGGSGGGG⁴⁰¹ to human interleukin 10 (IL-10, cytokine synthesis inhibitory factor (CSIF)) fragment (1-160, 402-561 in the current sequence), dimer, produced in *Escherichia coli*

vimékofusp
toxine L-méthionyl-cholix de *Vibrio cholerae* (exotoxine A, NAD(+)-diphthamide ADP-ribosyltransférase, EC: 2.4.2.36), fragment (1-386, 2-387 dans la séquence actuelle), variant (D³>E⁴, E⁴>A⁵), fusionné via la liaison peptidique ³⁸⁸GGGGSGGGGG⁴⁰¹ à l'interleukine 10 humaine (IL-10, facteur d'inhibition de la synthèse des cytokines (CSIF)) (1-160, 402-561 dans la séquence actuelle), dimère, produit chez *Escherichia coli*

vimekofusp
toxina L-metionil-colix de *Vibrio cholerae* (exotoxina A, NAD(+)-difitamida ADP-ribosiltransferasa, EC: 2.4.2.36), fragmento (1-386, 2-387 en la secuencia actual), variante (D³>E⁴, E⁴>A⁵), fusionado a través de un enlace peptídico ³⁸⁸GGGGSGGGGG⁴⁰¹ a la interleukina 10 humana (IL-10, factor inhibidor de la síntesis de citocina (CSIF)) (1-160, 402-561 en la secuencia actual), dímero, producido en *Escherichia coli*

Sequence / Séquence / Secuencia

```

MVEEALNIFD ECRSPCSLTP EPGKPIQSKL SIPSDVVLDE GVLYYSMTIN 50
DEQNDIKDED KGESIITIGE FATVRATRHY VNQDAPFGVI HLDITTTENG 100
KTYSYNRKEG EFAINWLVP I GEDSPASIKI SVDELQQRN IIEVPKLYSI 150
DLDNQTLQEW KTQGNVFSV TRPEHNIAIS WFSVSYKAAQ KEGSRHRKWA 200
HWHTGLALCW LVPMDAIYNY ITQQNCTLGD NWFGGSYETV AGTPKVITVK 250
QGIEQKPEVQ RIHFSGKNAM SALAAHRVCG VPLETLARSR KPRDLTDDL 300
CAYQAQNIIVS LRVATRIILFS HLDSVFTLNL DEQEPEVAER LSDLRINEN 350
NPGMVTQVLT VARQIYNDYV THHPGLTPEQ TSAGAQAAGG GSGGGSGGG 400
GSPFGQTQSE NSCTHFPGNL PNMLRDLRDA FSRVKTFEQM KDQLDNLLK 450
ESLLEDKFGY LGCQALSEMI QFYLEEVMPQ AENQDPDIKA HVNSLGENLK 500
TLRLRLRCH RFLPCENKSK AVEQVKNAFN KLQEKGIYKA MSEFDIFINY 550
IEAYMTMKIR N 561

```

Mutation / Mutation / Mutación

N-L-methionyl added (**M**¹), D³>E⁴, E⁴>A⁵

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión

³⁸⁸GGGGSGGGGG⁴⁰¹

Post-translational modifications

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

Intra-chain: 12-16, 209-226, 279-301, 413-509, 463-515,
12'-16', 209'-226', 279'-301', 413'-509', 463'-515'

vipalanebartum #
vipalanebart

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* ADCYAP1 (adenylate cyclase-activating polypeptide 1, pituitary adenylyl cyclase-activating polypeptide, PACAP)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;
gamma4 heavy chain *Homo sapiens* (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (93.9%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112))] (1-123)-*Homo sapiens* IGHG4*01, G4v5 h P10, nG4m(a) CH2 L92, G4v4 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 (124-221), hinge 1-12 S10>P (231) (222-233), CH2 F1.3>A (237), L1.2>A (238), L92 (312) (234-343), CH3 (344-448), CHS K2>del (449)) (124-449)], (137-214')-disulfide with kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (87.8%) -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, cell line CHO-K1, glycoform alfa

vipalanebart

immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* ADCYAP1 (polypeptide 1 activant l'adénylate cyclase, polypeptide activant l'adénylate cyclase pituitaire, PACAP)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;
chaîne lourde gamma4 *Homo sapiens* (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (93.9%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112)) (1-123)-*Homo sapiens* IGHG4*01, G4v5 h P10, nG4m(a) CH2 L92, G4v4 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 (124-221), charnière 1-12 S10>P (231) (222-233), CH2 F1.3>A (237), L1.2>A (238), L92 (312) (234-343), CH3 (344-448), CHS K2>del (449)) (124-449)], (137-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (87.8%) -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), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa

vipalanebart

inmunoglobulina G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* ADCYAP1 (polipéptido 1 activador de la adenilato ciclasa, polipéptido activador de la adenilato ciclasa pituitaria, PACAP)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*;
cadena pesada gamma4 *Homo sapiens* (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (93.9%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112)) (1-123)-*Homo sapiens* IGHG4*01, G4v5 h P10, nG4m(a) CH2 L92, G4v4 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 (124-221), bisagra 1-12 S10>P (231) (222-233), CH2 F1.3>A (237), L1.2>A (238), L92 (312) (234-343), CH3 (344-448), CHS K2>del (449)) (124-449)], (137-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (87.8%) -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), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

EVQLLESGGG	LVQPGGSLRL	SCAASGFTFS	SYMSWVRQA	PGKGLEWVSA	50
ISLSGGSTYY	AASHKGRFTI	SRNSKNTLY	LQMSLRAED	TAVYVCREV	100
GASTHNYGM	DVWGQTMVY	VSSASTKGPS	VFPLAPCSRS	TSESTAALGC	150
LVKDYFFPEPV	TVSWNSGALT	SGVHTFFPAVL	QSSGLYSLSS	VVTVPSSSLG	200
TKTYTCNVDH	KPSNTKVDKR	VESKYGPPCP	PCPAPEAAGG	PSVFLFPKPK	250
KDTLMISRTP	EVTCTVVDVVS	QEDPEVFQFN	YVDGVEVHNA	KTKPREEQFN	300
STYRVVSVLT	VLHQDWLNGK	EYKCKVSNKG	LPSSIEKTIIS	KARGQPREPQ	350
VYTLPPSQEE	MTKNQVSLTC	LVKGFYPSDI	AVEWESNGQP	ENNYKTTPPV	400
LDSDGSEFFLY	SRLLVDKSRW	QEGNVFSCSV	MHEALHNHYT	QKSLSLSLG	449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

DIQMTQSPSS	LSASVGRVY	ITCRASQSIW	RWLAWYQQK	GKAPKLLIHD	50
ASQLEFEGVPS	RFSGSGSGTD	FTFTISSLQP	EDIATYYCQQ	FDLLPLTFGG	100
GTRKVEIKRTV	AAPSVFIFPP	SDEQLKSGTA	SVVCLLNFEY	PREAKVQWKV	150
DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD	STYLSLSTLT	LSKADYKHKH	VYACEVTHQG	200
LSSPVTKSFN	RGEC				214

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104)	22-96	150-206	264-324	370-428
	22"-96"	150"-206"	264"-324"	370"-428"
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 8, h 11)	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.

visepegenatidum

visepegenatide

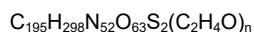
L-histidylglycyl-L- α -glutamylglycyl-L-threonyl-L-phenylalanyl-L-threonyl-L-seryl-L- α -aspartyl-L-leucyl-L-seryl-L-lysyl-L-glutamyl-L-methionyl-L- α -glutamyl-L- α -glutamyl-L- α -glutamyl-L-alanyl-L-valyl-L-arginyl-L-leucyl-L-phenylalanyl-L-isoleucyl-L- α -glutamyl-L-tryptophyl-L-leucyl-L-lysyl-L-asparaginylglycylglycyl-L-prolyl-L-seryl-L-serylglycyl-L-alanyl-L-prolyl-L-prolyl-L-prolyl-S-[(3 Ξ)-1-{3-[(α -methylpoly(oxyethylene)- ω -yl)oxy]propyl)amino]-3-oxopropyl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl]-L-cysteinamide

visépégénatide

L-histidylglycyl-L- α -glutamylglycyl-L-thréonyl-L-phénylalanyl-L-thréonyl-L-séryl-L- α -aspartyl-L-leucyl-L-séryl-L-lysyl-L-glutamyl-L-méthionyl-L- α -glutamyl-L- α -glutamyl-L- α -glutamyl-L-alanyl-L-valyl-L-arginyl-L-leucyl-L-phénylalanyl-L-isoleucyl-L- α -glutamyl-L-tryptophyl-L-leucyl-L-lysyl-L-asparaginylglycylglycyl-L-prolyl-L-séryl-L-sérylglycyl-L-alanyl-L-prolyl-L-prolyl-L-prolyl-S-[(3 Ξ)-1-{3-[(α -méthylpoly(oxyéthylène)- ω -yl)oxy]propyl)amino]-3-oxopropyl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl]-L-cystéinamide

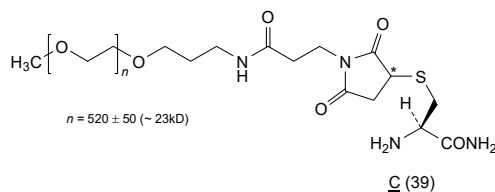
visepegenatida

L-histidilglicil-L- α -glutamilglicil-L-treonil-L-fenilalanil-L-treonil-L-seril-L- α -aspartil-L-leucil-L-seril-L-lisil-L-glutaminil-L-metionil-L- α -glutamil-L- α -glutamil-L- α -glutamil-L-alanil-L-valil-L-arginil-L-leucil-fenilalanil-L-isoleucil-L- α -glutamil-L-triptofil-L-leucil-L-lisil-L-asparaginilglicilglicil-L-prolil-L-seril-L-serilglicil-L-alanil-L-prolil-L-prolil-L-prolil-S-[(3 Ξ)-1-{3-[(α -metilpoli(oxietileno)- ω -il]oxi]propil)amino]-3-oxopropil]-2,5-dioxopirrolidin-3-il]-L-cisteinamida



HGEFTFTSDL SKQMEEEA VR LFIEWLKNNG PSSGAPPPC 39

Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados

**vorbipirantum**

vorbipirant

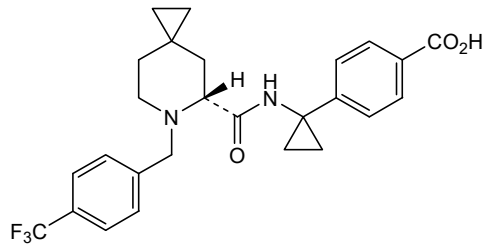
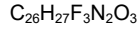
(5^SR)-4-oxo-7⁴-trifluoromethyl-3,5⁶-diaz-1,7(1)-dibenzena-5(5,6)-spiro[2.5]octana-2(1,1)-cyclopropanaheptaphane-1⁴-carboxylic acid

vorbipirant

acide (5^SR)-4-oxo-7⁴-trifluorométhyl-3,5⁶-diaz-1,7(1)-dibenzéna-5(5,6)-spiro[2.5]octana-2(1,1)-cyclopropanaheptaphane-1⁴-carboxylique

vorbipirant

ácido (5^SR)-4-oxo-7⁴-trifluorometil-3,5⁶-diaz-1,7(1)-dibencena-5(5,6)-spiro[2.5]octana-2(1,1)-ciclopropanaheptafano-1⁴-carboxílico



votoplamum

votoplam

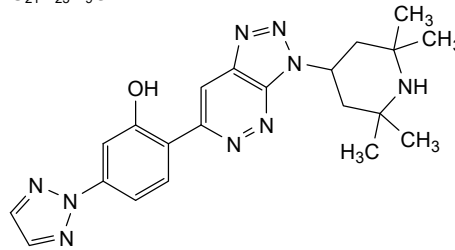
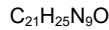
2-[3-(2,2,6,6-tetramethylpiperidin-4-yl)-3*H*-[1,2,3]triazolo[4,5-*c*]pyridazin-6-yl]-5-(2*H*-1,2,3-triazol-2-yl)phenol

votoplam

2-[3-(2,2,6,6-tétraméthylpipéridin-4-yl)-3*H*-[1,2,3]triazolo[4,5-*c*]pyridazin-6-yl]-5-(2*H*-1,2,3-triazol-2-yl)phénol

votoplam

2-[3-(2,2,6,6-tetrametilpiperidin-4-il)-3*H*-[1,2,3]triazolo[4,5-*c*]piridazin-6-il]-5-(2*H*-1,2,3-triazol-2-il)fenol



xirestomigum #

xirestomig

immunoglobulin G1-scFv_L2 dimer, anti-[*Homo sapiens* CD274 (programmed cell death 1 ligand 1, PDL1, PD-L1, B7 homolog 1, B7H1, B7-H1, PDCD1LG1) and anti-[*Homo sapiens* TNFRSF9 (TNF receptor superfamily member 9, 4-1BB, T cell antigen IIA, CD137)], *Homo sapiens* monoclonal antibody, bispecific; G1-scFv fused heavy chain *Homo sapiens* (1-713) [gamma1 heavy chain anti-CD274 *Homo sapiens* (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*04 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121)-*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14, G1v29 CH2 A84.4 (CH1 R120>K (218) (122-219), hinge 1-15 (220-234), CH2 N84.4>A (301)(235-344), CH3 E12 (360), M14 (362) (345-449)) (122-449)] -15-mer tris(tetraglycyl-seryl) linker (450-464) -scFv heavy-lambda anti-TNFRSF9 *Homo sapiens* (465-713) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (99.0%) -IGHD -IGHJ3*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (490-497.515-522.561-573)) (465-587) -15-mer tris(tetraglycyl-seryl) linker (588-602) -V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-44*01 (95.9%) -IGLJ1*01 (91.7%) V124>L (709), CDR-IMGT [8.3.11] (628-635.653-655.692-702)) (603-713)], (224-216')-disulfide with lambda2 light chain anti-CD274 *Homo sapiens* (1'-217') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV2-14*03 (92.7%) -IGLJ2*01 (100%), CDR-IMGT [9.3.11] (26'-34'.52'-54'.91'-101')) (1'-111') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (112'-217')]; dimer (230-230'':233-233'')

	bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, non-glycosylated
xirestomig	<p>immunoglobuline G1-scFv_{L2} dimère, anti-[<i>Homo sapiens</i> CD274 (ligand 1 de mort cellulaire programmée 1, PDL1, PD-L1, B7 homologue 1, B7H1, B7-H1, PDCD1LG1) and anti-[<i>Homo sapiens</i> TNFRSF9 (membre 9 de la superfamille des récepteurs du TNF, 4-1BB, antigène ILA des cellules T, CD137)], anticorps monoclonal <i>Homo sapiens</i>, bispécifique;</p> <p>chaîne lourde fusionnée G1-scFv <i>Homo sapiens</i> (1-713) [chaîne lourde gamma1 anti-CD274 <i>Homo sapiens</i> (1-448) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-69*04 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121)-<i>Homo sapiens</i> IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14, G1v29 CH2 A84.4 (CH1 R120>K (218) (122-219), charnière 1-15 (220-234), CH2 N84.4>A (301) (235-344), CH3 E12 (360), M14 (362) (345-449)) (122-449)] -15-mer tris(tétraglycyl-séryl) linker (450-464) -scFv heavy-lambda anti-TNFRSF9 <i>Homo sapiens</i> (465-713)[VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-23*04 (99.0%) -IGHD -IGHJ3*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (490-497.515-522.561-573)) (465-587) -15-mer tris(tétraglycyl-séryl) linker (588-602) -V-LAMBDA (<i>Homo sapiens</i> IGLV1-44*01 (95.9%) -IGLJ1*01 (91.7%) V124>L (709), CDR-IMGT [8.3.11] (628-635.653-655.692-702)) (603-713)], (224-216')-disulfure avec la chaîne légère lambda2 anti-CD274 <i>Homo sapiens</i> (1'-217') [V-LAMBDA (<i>Homo sapiens</i> IGLV2-14*03 (92.7%) -IGLJ2*01 (100%), CDR-IMGT [9.3.11] (26'-34'.52'-54'.91'-101'')] (1'-111') -<i>Homo sapiens</i> IGLC2*01 (100%) (112'-217'')]; dimère (230-230":233-233")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, non-glycosylé</p>
xirestomig	<p>inmunoglobulina G1-scFv_{L2} dímero, anti-[<i>Homo sapiens</i> CD274 (ligando 1 de muerte celular programada 1, PDL1, PD-L1, B7 homólogo 1, B7H1, B7-H1, PDCD1LG1) y anti-[<i>Homo sapiens</i> TNFRSF9 (miembro 9 de la superfamilia de los receptores del TNF, 4-1BB, antígeno ILA de las células T, CD137)], anticuerpo monoclonal <i>Homo sapiens</i>, biespecífico;</p> <p>cadena pesada fusionada G1-scFv <i>Homo sapiens</i> (1-713) [cadena pesada gamma1 anti-CD274 <i>Homo sapiens</i> (1-448) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-69*04 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121)-<i>Homo sapiens</i> IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14, G1v29 CH2 A84.4 (CH1 R120>K (218) (122-219), bisagra 1-15 (220-234), CH2 N84.4>A (301) (235-344), CH3 E12 (360), M14 (362) (345-449)) (122-449)] -15-mer tris(tetraglicil-seril) enlace (450-464) -scFv pesada-lambda anti-TNFRSF9 <i>Homo sapiens</i> (465-713)[VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-23*04 (99.0%) -IGHD -IGHJ3*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (490-497.515-522.561-573)) (465-587) -15-mer tris(tetraglicil-seril) enlac (588-602) -V-LAMBDA (<i>Homo sapiens</i> IGLV1-44*01 (95.9%) -IGLJ1*01 (91.7%) V124>L (709), CDR-IMGT [8.3.11] (628-635.653-655.692-702)) (603-713)], (224-216')-disulfuro con la cadena ligera lambda2 anti-CD274 <i>Homo sapiens</i> (1'-217') [V-LAMBDA (<i>Homo sapiens</i> IGLV2-14*03 (92.7%) -IGLJ2*01 (100%), CDR-IMGT [9.3.11] (26'-34'.52'-54'.91'-101'')] (1'-111') -<i>Homo sapiens</i> IGLC2*01 (100%) (112'-217'')]; dímero (230-230":233-233")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, no glicosilado</p>

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: anti-CD274 G1 - anti-TNFRSF9 scFv
 QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASRGPFPS TYAISWVRQA PGQGLEWMGR 50
 IIPILGLIANY AAKFQGRVTI TADKSTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARTM 100
 EGYGFGNFDY WGGTGLVTVS SASTKGFPSYF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV 150
 KDYFPEPVTY SWNSGALTSV VHTFPAVLQS SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ 200
 TYICNVNHKP SNTKVDKKE PKSCDKTHTC PFCPEPELLG GPSVFLFPPK 250
 PKDTLMISRT PEVTCVVDV SHEDPEVKFN WYDVGVEVHN AKTKPREEQY 300
 ASTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKGQPREP 350
 QVYTLPPSRE EMTKNQVSLT CLVKGFPYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTTTP 400
 VLDSGDSFLL YSKLTVDKSR WQGGNVFSCS VMHEALHNHY TQKSLSLSPG 450
 GGGSGGGGSG GGGQVQLVVE SGGGLVQPGG SLRLSCAASG FTFSSYAMSW 500
 VRQAPGKGLE WVSAISGSGG STYYADSVKG RFTISRDNK NTLYLQMNLS 550
 RAEDTAVYIC AKTNWGPSDA FDIWGGQTMV TVSSASTGGG GSGGGGSGGG 600
 GSQSVLTQPP SASGTPGQRV TISCSGSTD IGSYSVNWIYQ QLPGTAPKLL 650
 IYSNQRPSG VPDRFSGSKS GTSASLAISG LQSEDEADYY CAAWDDSLNG 700
 YVFGTGTKLT VLG 713

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: anti-CD274 L2
 QSALIQPASV SGSPGQSITI SCTGTVSEVG GYNEVSWYQQ HPGKAPKLM 50
 YGNSNRPSGV SNRFSGSKSG NTASLTIISGL QAEDEADYYC QSYDSSLSGT 100
 VFGGGTKLTV LGQPKAAPSV TLFPPSSEEL QANKATLVCL ISDFYPGAVT 150
 VAWKADSSPV KAGVETTPS QKSNRKYAAS SYLSLTPEWQ KSHRSYSCQV 200
 THEGSTVEKT VAPTECS 217

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-96 148-204 265-325 371-429
 22"-96" 148"-204" 265"-325" 371"-429"
 486-560 624-691
 486"-560" 624"-691"

Intra-L (C23-C104) 22-90' 139'-198'
 22"-90" 139"-198"

Inter-H-L (h 5-CL 126) 224-216' 224"-216"
 Inter-H-H (h 11, h 14) 230-230" 233-233"

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

Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl) / pyroglutamide (pE, 5-oxopropyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)
 H VH Q1: 1, 1"
 L VL V-LAMBDA Q1: 1, 1"

No N-glycosylation sites / pas de sites de N-glycosylation / ninguna posición de N-glycosilación
 H CH2 N84.4>A (G1v29): 301, 301"

zalferrimum #

zalferrin

human L-alanyl fibroblast growth factor 21 (FGF-21), variant (N¹²¹>Q¹²², M¹⁶⁸>L¹⁶⁹, A¹⁸⁰>C¹⁸¹), produced in *Escherichia coli*, substituted at the sulfur atom of L-cysteinyl residue 180 (C¹⁸¹ in the current sequence) with (2S)-28,46-dicarboxy-2,7,16,25,30-pentaaxo-9,12,18,21-tetraoxa-3,6,15,24,29-pentaazahexatetracontan-1-yl group

zalferrine

L-alanyl facteur de croissance des fibroblastes 21 (FGF-21) humain, variant (N¹²¹>Q¹²², M¹⁶⁸>L¹⁶⁹, A¹⁸⁰>C¹⁸¹), produit chez *Escherichia coli*, substitué sur l'atome de soufre du résidu L-cystéinyle 180 (C¹⁸¹ dans la séquence actuelle) par le groupe (2S)-28,46-dicarboxy-2,7,16,25,30-pentaaxo-9,12,18,21-tétraoxa-3,6,15,24,29-pentaazahexatétracontan-1-yle

zalferrina

L-alanil factor de crecimiento de los fibroblastos 21 (FGF-21) humano, variante (N¹²¹>Q¹²², M¹⁶⁸>L¹⁶⁹, A¹⁸⁰>C¹⁸¹), producido en *Escherichia coli*, substituido en el átomo de azufre del residuo L-cisteinil residuo 180 (C¹⁸¹ en la secuencia actual) con el grupo (2S)-28,46-dicarboxi-2,7,16,25,30-pentaaxo-9,12,18,21-tetraoxa-3,6,15,24,29-pentaazahexatetracontan-1-ilo

Sequence / Séquence / Secuencia

AHPIPDSSPL LQFGGQVRQR YLYTDDAQQT EAHLEIREDG TVGGAADQSP 50
 ESLQLKALK PGVIQILGVK TSRFLCQRPD GALYVGLHFD PEACSFRELL 100
 LEDGYNVYQS EAHGLPLHLP GQKSPHRDPA PRGPARELPL PGLPPALPEP 150
 PGLAPQPPD VGSSDPLSLV GPSQGRSPSY CS 182

Mutation / Mutation / Mutación

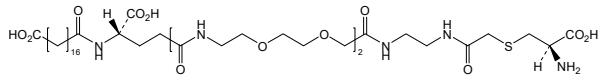
N-L-alanyl added (A¹), N¹²¹>Q¹²², M¹⁶⁸>L¹⁶⁹, A¹⁸⁰>C¹⁸¹

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
 76-94

Modified residue / Résidu modifié / Resto modificado

C181:



zalogananum

zaloganan

L-arginyl-L-arginyl-L-tryptophyl-L-valyl-L-arginyl-L-arginyl-L-valyl-L-arginyl-L-arginyl-L-valyl-L-tryptophyl-L-arginyl-L-arginyl-L-valyl-L-valyl-L-arginyl-L-valyl-L-arginyl-L-arginyl-L-tryptophyl-L-valyl-L-arginyl-L-argininamide

zaloganan

L-arginyl-L-arginyl-L-tryptophyl-L-valyl-L-arginyl-L-arginyl-L-valyl-L-arginyl-L-arginyl-L-valyl-L-tryptophyl-L-arginyl-L-arginyl-L-valyl-L-valyl-L-arginyl-L-arginyl-L-tryptophyl-L-valyl-L-arginyl-L-argininamide

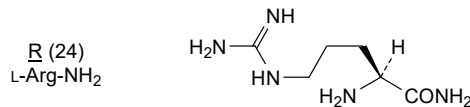
zaloganán

L-arginil-L-arginil-L-triptofil-L-valil-L-arginil-L-arginil-L-valil-L-arginil-L-arginil-L-valil-L-triptofil-L-arginil-L-arginil-L-valil-L-valil-L-arginil-L-valil-L-valil-L-arginil-L-arginil-L-triptofil-L-valil-L-arginil-L-argininamida

C₁₅₁H₂₆₁N₆₇O₂₄

RRWVRRVRRV WRRVVRVRR VWRR 24

Modified residue / Résidu modifié / Resto modificado



zamaporvintum

zamaporvint

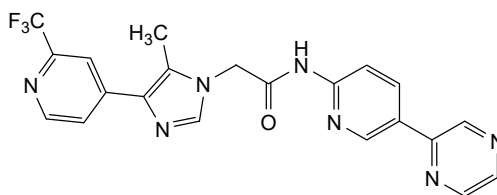
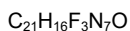
2-{5-methyl-4-[2-(trifluoromethyl)pyridin-4-yl]-1H-imidazol-1-yl}-N-[5-(pyrazin-2-yl)pyridin-2-yl]acetamide

zamaporvint

2-{5-méthyl-4-[2-(trifluorométhy)pyridin-4-yl]-1H-imidazol-1-yl}-N-[5-(pyrazin-2-yl)pyridin-2-yl]acetamide

zamaporvint

2-{5-metil-4-[2-(trifluorometil)piridin-4-il]-1H-imidazol-1-il}-N-[5-(pirazin-2-il)piridin-2-il]acetamida

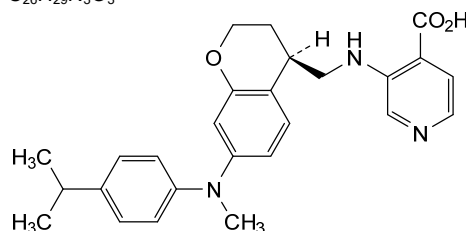
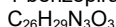
**zavondemstatum**

zavondemstat

zavondemstat

zavondemstat

3-(((4R)-7-[N-methyl-4-(propan-2-yl)anilino]-3,4-dihydro-2H-1-benzopyran-4-yl)methyl)amino)pyridine-4-carboxylic acid
 acide 3-(((4R)-7-[N-méthyl-4-(propan-2-yl)anilino]-3,4-dihydro-2H-1-benzopyran-4-yl)méthyl)amino)pyridine-4-carboxylique
 ácido 3-(((4R)-7-[N-metil-4-(propan-2-il)anilino]-3,4-dihidro-2H-1-benzopirán-4-il)metil)amino)piridina-4-carboxílico

**zelatriazinum**

zelatriazin

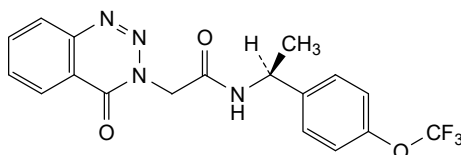
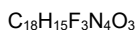
zélatriazine

zelatriazina

2-(4-oxo-1,2,3-benzotriazin-3(4H)-yl)-N-((1S)-1-[4-(trifluoromethoxy)phenyl]ethyl)acetamide

2-(4-oxo-1,2,3-benzotriazin-3(4H)-yl)-N-((1S)-1-[4-(trifluorométhoxy)phényl]éthyl)acetamide

2-(4-oxo-1,2,3-benzotriazin-3(4H)-yl)-N-((1S)-1-[4-(trifluorometoxi)fenil]etil)acetamida

**zelecimentum #**

zeleciment

immunoglobulin Fab-G1kappa (VH-CH1_L-kappa), anti-[*Homo sapiens* TFRC (transferrin receptor, TfR1, TFR1, CD71)], monoclonal antibody;

Fab-G1 VH-CH1 chain (1-227) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV3-6*01 (84.5%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (85.7%) L124>V (115)]/*Homo sapiens* IGHV4-30-4*01 (82.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%) L123>T (114), CDR-IMGT [9.7.12] (26-34.52-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*01 CH1-h

(100%), G1m17 CH1 K120 (CH1 K120 (216) (120-217), hinge 1-10 (218-227)) (120-227)], (222-214')-disulfide with L-kappa light chain (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (85.3%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.51-53.89-97))] (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')], produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, non-glycosylated

zéléciment

immunoglobuline Fab-G1kappa (VH-CH1_L-kappa), anti-[*Homo sapiens* TFRC (récepteur de la transferrine, TfR1, TFR1, CD71)], anticorps monoclonal; chaîne Fab-G1 VH-CH1 (1-227) [VH *Musmus/Homsap (Mus musculus*IGHV3-6*01 (84.5%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (85.7%) L124>V (115)/*Homo sapiens* IGHV4-30-4*01 (82.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%) L123>T (114), CDR-IMGT [9.7.12] (26-34.52-58.97-108)] (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*01 CH1-h (100%), (CH1 G1m17 CH1 K120 (CH1 K120 (216) (120-217), charnière 1-10 (218-227)) (120-227)], (222-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (85.3%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.51-53.89-97))] (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')], produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, non-glycosylé

zeleciment

inmunoglobulina Fab-G1kappa (VH-CH1_L-kappa), anti-[*Homo sapiens* TFRC (receptor de la transferrina, TfR1, TFR1, CD71)], anticuerpo monoclonal; cadena Fab-G1 VH-CH1 (1-227) [VH *Musmus/Homsap (Mus musculus*IGHV3-6*01 (84.5%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (85.7%) L124>V (115)/*Homo sapiens* IGHV4-30-4*01 (82.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%) L123>T (114), CDR-IMGT [9.7.12] (26-34.52-58.97-108)] (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*01 CH1-h (100%), (CH1 G1m17 CH1 K120 (CH1 K120 (216) (120-217), bisagra 1-10 (218-227)) (120-227)], (222-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (85.3%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.51-53.89-97))] (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')], producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, no glicosilado

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QVQLQESGPG LVKPSQTL LSL TCTVTGYSIT SGYYNWIRO PPGKGLEWIG 50
 YITFDGANNY NPSLKNRVS I SRDTSKNQFS LKLSVTAED TATYYCTRSS 100
 YDYDVL DLYWG QGTTVTVSSA STRGSPVFLP APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
 YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFFAVLQSSG LYSLSVSVTV PSSSLGTQTY 200
 IICNVNHPKSN TKVDKKVEPK SCDKHT 227

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

DIQMTQSPSS LSASVGDRTV ITCRASQDIS NFLNWIYQKP GQPVKLLIYY 50
 T SRLHSGVPS RFSGSGSGTD FTLLTISLQP EDFATYYCQQ GHTLPYTFQG 100
 GTKLEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYEEKH KYACEVTHQG 200
 LSSPVTKSFN RGE C 214

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
 Intra-H (C23-C104) 22-96 146-202
 Intra-L (C23-C104) 23'-88' 134'-194'
 Inter-H-L (h 5-CL 126) 222-214'

N-terminal glutaminy cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal /

Cielación del glutamínilo N-terminal
 Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl) / pyroglutamyle (pE, 5-oxopropyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)
 H VH Q1: 1

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
 QVQLQESGPG LVKPSQTLSTL TCTVTGYSIT SGYYWNWIRQ PPGKGLEWIG 50
 YITFDGANNY NPSLKNRVS I SRDTSKNQFS LKLSSTVAED TATYYCTRSS 100
 YDYLVDLDYWG QGTTVTVSSA STKGPSVFP L APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
 YFPEPVTSW NSGALTSGVH TFPAVLQSSG LYSLSVVTV PSSSLGTQTY 200
 ICNVNHPFSN TKVDKKEVEK SCDKTHT 227

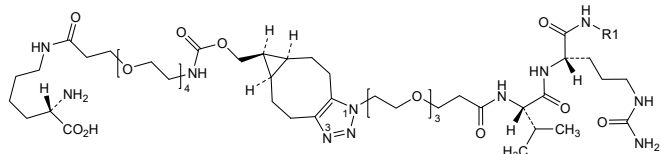
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
 DIQMTQSPSS LSASVGRDVT ITCRASQDIS NFLNYYQQKP GQPVKLLIYY 50
 TSRLHSGVPS RFGSGSGSDT FTLTISSLQP EDFATYYCQQ GHTLPYTFGG 100
 GTKLEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQKVV 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSSLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
 LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications / Modifications post-traductionnelles / Modificaciones postraduccionales

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / posiciones de los puentes disulfuro
 Intra-H 22-96 146-202 22"-96" 146"-202"
 Intra-L 23"-88" 134"-194" 23"-88" 134"-194"
 Inter-H-L 222-214' 222"-214"

N-terminal glutaminy cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal 1,1"

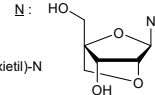
Potential modified residues / résidus modifiés potentiels / restos modificados potenciales*
 K
 *(basivarsen.mAb ~ 2:1)



R1 : and positional isomer substituted at N3 et isomère de position substitué en N3 e isómero posicional sustituido en N3

R2 : $\text{---}(3'-5')(P\text{-thio})(m^5C-A-Gmoe-m^5Cmoe-dG-dC-dC-dA-dC-dA-Gmoe-m^5Umoe-m^5C-A)$

N : nucleoside / nucléoside / nucleósido
 dN : 2'-deoxy-N / 2'-désoxy-N / 2'-desoxi-N
 m⁵N : 5-methyl-N / 5-méthyl-N / 5-metil-N
 Nmoe : 2'-O-(2-methoxyethyl)-N / 2'-O-(2-méthoxyéthyl)-N / 2'-O-(2-metoxietil)-N



zelecimentum rostudirsenum #

zeleciment rostudirsen

immunoglobulin Fab-G1kappa (VH-CH1_L-kappa), anti-[*Homo sapiens* TFRC (transferrin receptor, TfR1, TFR1, CD71)], monoclonal antibody, conjugated at lysine residues with *rostudirsen* groups;

Fab-G1 VH-CH1 chain (1-227) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV3-6*01 (84.5%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (85.7%) L124>V (115)/*Homo sapiens* IGHV4-30-4*01 (82.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%) L123>T (114), CDR-IMGT [9.7.12] (26-34.52-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*01 CH1-h (100%), G1m17 CH1 K120 (CH1 K120 (216) (120-217), hinge 1-10 (218-227)) (120-217)], (222-214')-disulfide with L-kappa light chain (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (85.3%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.51-53.89-97)) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')], produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, non-glycosylated; substituted at N⁶ of 1 to 3 L-lysine residues with 1-((5aRS,6SR,6aSR)-1-[(6S,9S)-6-[(4-[[[4-4-[[all-P-ambo-2'-N-acetyl[2',3'-azanediyl-P,2',3'-trideoxy-P-(dimethylamino)-2',3'-seco](5'->2'-N)(GATCTTTACG GTAGAAGGAA CTACAACCTC-5'-O)](dimethylamino)phosphoryl]piperazin-1-yl)-6-[(2-amino-2-oxoethyl)(methyl)amino]-1,3,5-triazin-2-yl)oxy]hexyl}carbamoyleoxy]methyl}phenyl)carbamoyle]-1-amino-

zéléciment rostudirsén	<p>1,8,11-trioxa-9-(propan-2-yl)-14,17,20-trioxa-2,7,10-triazadocosan-22-yl]-1,4,5,5a,6,6a,7,8-octahydrocyclopropa[5,6]cycloocta[1,2-d][1,2,3]triazol-6-yl]-3-oxo-2,7,10,13,16-pentaoxa-4-azanonadecan-19-oyl (<i>rostudirsén</i>) groups</p> <p>immunoglobuline Fab-G1kappa (VH-CH1_L-kappa), anti-[<i>Homo sapiens</i> TFRC (récepteur de la transferrine, TfR1, TFR1, CD71)], anticorps monoclonal; conjugué sur les résidus lysine avec des groupes <i>rostudirsén</i>;</p> <p>chaîne Fab-G1 VH-CH1 (1-227) [VH Musmus/Homsap (<i>Mus musculus</i> IGHV3-6*01 (84.5%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (85.7%) L124>V (115)/<i>Homo sapiens</i> IGHV4-30-4*01 (82.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%) L123>T (114), CDR-IMGT [9.7.12] (26-34.52-58.97-108)) (1-119) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01 CH1-h (100%), G1m17 CH1 K120 (CH1 K120 (216) (120-217), charnière 1-10 (218-227)) (120-217)], (222-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 (85.3%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.51-53.89-97)) (1'-107') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')], produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, non-glycosylé; substitué en N⁶ de 1 à 3 résidus L-lysine avec un groupe 1-{{(5aRS,6SR,6aSR)-1-[(6S,9S)-6-[(4-[[[6-[[4-4-[[{tout-P-ambo-2¹-N-acetyl[2',3'-azanediy]-P,2',3'-tridésoxy-P-(diméthylamino)-2',3'-séco](5'→2'-N)(GATCTTTACG GTAGAAGGAA CTACAACCTC-5'-O)}}(diméthylamino)phosphoryl]pipérazin-1-yl)-6-[(2-amino-2-oxoéthyl)(méthyl)amino]-1,3,5-triazin-2-yl)oxy]hexyl}carbamoil)oxy]méthyl}phényl}carbamoil]-1-amino-1,8,11-trioxa-9-(propan-2-yl)-14,17,20-trioxa-2,7,10-triazadocosan-22-yl]-1,4,5,5a,6,6a,7,8-octahydrocyclopropa[5,6]cycloocta[1,2-d][1,2,3]triazol-6-yl]-3-oxo-2,7,10,13,16-pentaoxa-4-azanonadécan-19-oyl (<i>rostudirsén</i>)</p>
zeleciment rostudirsén	<p>inmunoglobulina Fab-G1kappa (VH-CH1_L-kappa), anti-[<i>Homo sapiens</i> TFRC (receptor de la transferrina, TfR1, TFR1, CD71)], anticuerpo monoclonal; conjugado en los residuos de lisina con grupos <i>rostudirsén</i>;</p> <p>cadena Fab-G1 VH-CH1 (1-227) [VH Musmus/Homsap (<i>Mus musculus</i> IGHV3-6*01 (84.5%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (85.7%) L124>V (115)/<i>Homo sapiens</i> IGHV4-30-4*01 (82.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%) L123>T (114), CDR-IMGT [9.7.12] (26-34.52-58.97-108)) (1-119) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01 CH1-h (100%), G1m17 CH1 K120 (CH1 K120 (216) (120-217), bisagra 1-10 (218-227)) (120-217)], (222-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 (85.3%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.51-53.89-97)) (1'-107') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')], producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, no glicosilado; substituida en N⁶ de 1 a 3 L-residuos de lisina con grupo 1-{{(5aRS,6SR,6aSR)-1-[(6S,9S)-6-[(4-[[[6-[[4-4-[[{todo-P-ambo-2¹-N-acetil[2',3'-azanedii]-P,2',3'-tridéoxi-P-(dimetilamino)-2',3'-seco](5'→2'-N)(GATCTTTACGGTAGAAGGA ACTACAACCTC-5'-O)}}(dimetilamino)fosforil]pipérazin-1-il)-6-[(2-amino-2-oxoetil)(metil)amino]-1,3,5-triazin-2-il)oxil]hexil}carbamoil)oxil]metil}fenil}carbamoil]-1-amino-1,8,11-trioxa-9-(propan-2-il)-14,17,20-trioxa-2,7,10-triazadocosan-22-il]-1,4,5,5a,6,6a,7,8- octahidrocciclopropa[5,6]cicloocta[1,2-d][1,2,3]triazol-6-il]-3-oxo-2,7,10,13,16-pentaoxa-4-azanonadecan-19-oilo (<i>rostudirsén</i>)</p>

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
 QVQLQESGPG LVKPSQTLTL TCTVTGYSIT SGYYWNWIRQ PPGKGLEWIG 50
 YITFDGANNY NPSLKNRVS SRDTSKNQFS LKLSVTAED TATYYCTRSS 100
 YDYDVLDYWG QGTTVTVSSA STKGPSVFLP APSKSTSGG TAALGLVKVD 150
 YFPEPVTYSW NSGALTSVGH TFAVLQSSG LYSLSVVTV PSSSLGTQTY 200
 ICNVNHPKPN TKVDKKEPEK SCDKTHT 227

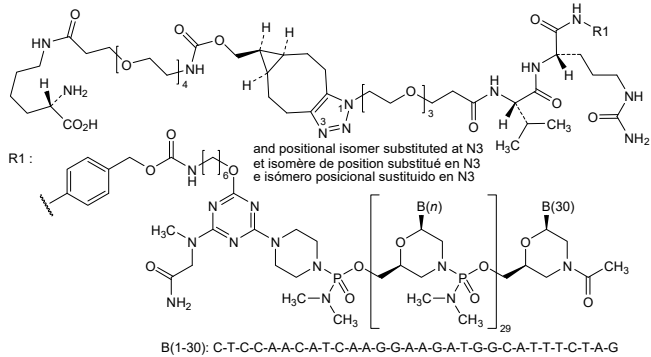
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
 DIQMTQSPSS LSASVGRVT ITCRASQDIS NFLNYYQQKP GQPVKLLIYY 50
 TSRLHSGVPS RFGSGSGTD FTLTISSLQP EDFATYYCQQ GHTLPYTFGQ 100
 GTKLEIKRTV AAPSVEIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSK STYLSLSTLT LSKADYERKH VYACEVTHQG 200
 LSSPVTKSFN RGEC 214

Post-translational modifications / Modifications post-traductionnelles / Modificaciones postraduccionales

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / posiciones de los puentes disulfuro
 Intra-H 22-96 146-202 22"-96" 146"-202"
 Intra-L 23'-88' 134'-194' 23"-88" 134"-194"
 Inter-H-L 222-214' 222"-214"

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutamínilo N-terminal 1,1"

Potential modified residues / résidus modifiés potentiels / restos modificados potenciales*
 K *(rostudisiren:mAb ~ 2:1)



zelenectidum
 zelenectide

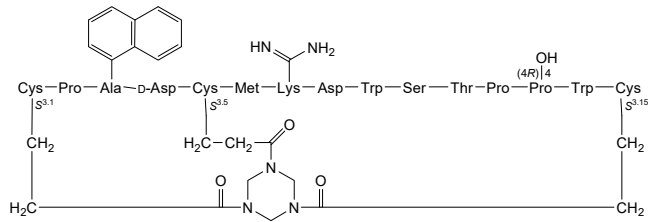
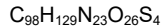
S^{3.3.3.3.12}, C^{3.16}, S^{3.5.3.3.16}, C^{3.26}-dicyclo[β-alanyl-N-methylglycyl-N-methylglycyl-N-methylglycyl-N-methylglycyl-N-methylglycyl-N-methylglycyl-N-methylglycyl-3-({3-[3,5-bis(3-sulfanylpropanoyl)-1,3,5-triazinan-1-yl]-3-oxopropyl}sulfanyl)-L-alanyl-L-prolyl-L-alanyl-D-α-aspartyl-L-alanyl-L-methionyl-N⁶-carbamimidoyl-L-lysyl-L-α-aspartyl-L-tryptophyl-L-seryl-L-threonyl-L-prolyl-(4R)-4-hydroxy-L-prolyl-L-tryptophyl-L-alanine]

zélénectide

S^{3.3.3.3.12}, C^{3.16}, S^{3.5.3.3.16}, C^{3.26}-dicyclo[β-alanyl-N-méthylglycyl-N-méthylglycyl-N-méthylglycyl-N-méthylglycyl-N-méthylglycyl-N-méthylglycyl-N-méthylglycyl-3-({3-[3,5-bis(3-sulfanylpropanoyl)-1,3,5-triazinan-1-yl]-3-oxopropyl}sulfanyl)-L-alanyl-L-prolyl-L-alanyl-D-α-aspartyl-L-alanyl-L-méthionyl-N⁶-carbamimidoyl-L-lysyl-L-α-aspartyl-L-tryptophyl-L-séryl-L-thréonyl-L-prolyl-(4R)-4-hydroxy-L-prolyl-L-tryptophyl-L-alanine]

zelenectida

S^{3.3.3.3.12}, C^{3.16}, S^{3.5.3.3.16}, C^{3.26}-dicyclo[β-alanyl-N-metilglicil-N-metilglicil-N-metilglicil-N-metilglicil-N-metilglicil-N-metilglicil-N-metilglicil-3-({3-[3,5-bis(3-sulfanilpropanoil)-1,3,5-triazinan-1-il]-3-oxopropil}sulfanil)-L-alanyl-L-prolyl-L-alanyl-D-α-aspartil-L-alanyl-L-metionil-N⁶-carbamimidoil-L-lisil-L-α-aspartil-L-triptofil-L-seril-L-treonil-L-prolyl-(4R)-4-hidroxi-L-prolyl-L-triptofil-L-alanina]



zelenectidum pevedotinum
zelenectide pevedotin

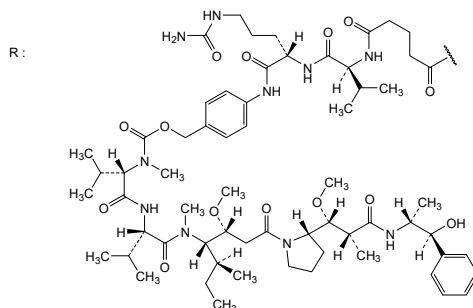
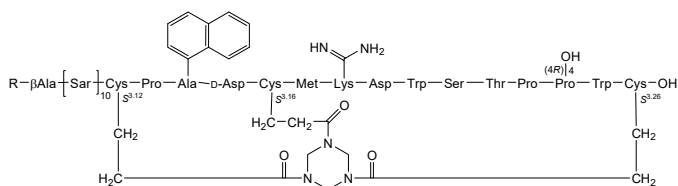
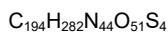
S^{3,12}, S^{3,16}, S^{3,26}-[(1,3,5-triazinane-1,3,5-triyl)tris(3-oxopropane-3,1-diyl)][N-(5-[[[(2S)-1-[[[(2S)-1-{4-[[[5S,8S,11S,12R]-11-[(2S)-butan-2-yl]-12-(2-[(2S)-2-[[[1R,2R]-3-[[[(1S,2R)-1-hydroxy-1-phenylpropan-2-yl]amino]-1-methoxy-2-methyl-3-oxopropyl]pyrrolidin-1-yl]-2-oxoethyl)-4,10-dimethyl-3,6,9-trioxo-5,8-di(propan-2-yl)-2,13-dioxo-4,7,10-triazatetradecan-1-yl]anilino]-5-(carbamoylamino)-1-oxopentan-2-yl]amino]-3-methyl-1-oxobutan-2-yl]amino]-5-oxopentanoyl)-β-alanyl-N-methylglycyl-N-methylglycyl-N-methylglycyl-N-methylglycyl-N-methylglycyl-N-methylglycyl-N-methylglycyl-N-methylglycyl-N-methylglycyl-L-cysteinyl-L-prolyl-3-(naphthalen-1-yl)-L-alanyl-D-α-aspartyl-L-cysteinyl-L-methionyl-N⁶-carbamimidoyl-L-lysyl-L-α-aspartyl-L-tryptophyl-L-seryl-L-threonyl-L-prolyl-(4R)-4-hydroxy-L-prolyl-L-tryptophyl-L-cysteine]

zélénectide pévédotine

S^{3,12}, S^{3,16}, S^{3,26}-[(1,3,5-triazinane-1,3,5-triyl)tris(3-oxopropane-3,1-diyl)][N-(5-[[[(2S)-1-[[[(2S)-1-{4-[[[5S,8S,11S,12R]-11-[(2S)-butan-2-yl]-12-(2-[(2S)-2-[[[1R,2R]-3-[[[(1S,2R)-1-hydroxy-1-phénylpropan-2-yl]amino]-1-méthoxy-2-méthyl-3-oxopropyl]pyrrolidin-1-yl]-2-oxoéthyl)-4,10-diméthyl-3,6,9-trioxo-5,8-di(propan-2-yl)-2,13-dioxa-4,7,10-triazatétradecan-1-yl]anilino]-5-(carbamoylamino)-1-oxopentan-2-yl]amino]-3-méthyl-1-oxobutan-2-yl]amino]-5-oxopentanoyl)-β-alanyl-N-méthylglycyl-N-méthylglycyl-N-méthylglycyl-N-méthylglycyl-N-méthylglycyl-N-méthylglycyl-N-méthylglycyl-N-méthylglycyl-N-méthylglycyl-L-cystéinyl-L-prolyl-3-(naphthalén-1-yl)-L-alanyl-D-α-aspartyl-L-cystéinyl-L-méthionyl-N⁶-carbamimidoyl-L-lysyl-L-α-aspartyl-L-tryptophyl-L-séryl-L-thréonyl-L-prolyl-(4R)-4-hydroxy-L-prolyl-L-tryptophyl-L-cystéine]

zelenectida pevedotina

S^{3,12}, S^{3,16}, S^{3,26}-[(1,3,5-triazinano-1,3,5-triil)tris(3-oxopropano-3,1-diil)][N-(5-[[[(2S)-1-[[[(2S)-1-{4-[[[5S,8S,11S,12R]-11-[(2S)-butan-2-yl]-12-(2-[(2S)-2-[[[1R,2R]-3-[[[(1S,2R)-1-hidroxi-1-fenilpropan-2-yl]amino]-1-metoxi-2-metil-3-oxopropil]pirrolidin-1-il]-2-oxoetil)-4,10-dimetil-3,6,9-trioxo-5,8-di(propan-2-il)-2,13-dioxa-4,7,10-triazatetradecan-1-il]anilino]-5-(carbamoilamino)-1-oxopentan-2-il]amino]-3-metil-1-oxobutan-2-il]amino]-5-oxopentanoil)-β-alanil-N-metilglicil-N-metilglicil-N-metilglicil-N-metilglicil-N-metilglicil-N-metilglicil-N-metilglicil-N-metilglicil-N-metilglicil-L-cisteinil-L-proli-3-(naftalen-1-il)-L-alanil-D-α-aspartil-L-cisteinil-L-metionil-N⁶-carbamimidoil-L-lisil-L-α-aspartil-L-triptofil-L-seril-L-treonil-L-proli-(4R)-4-hidroxi-L-proli-L-triptofil-L-cisteina]



zelicapavirum

zelicapavir

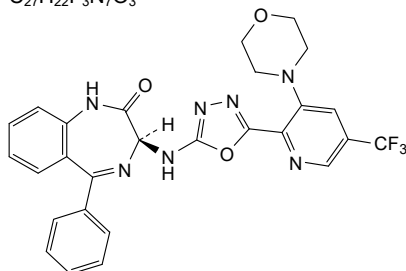
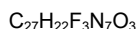
(3*S*)-3-((5-[3-(morpholin-4-yl)-5-(trifluoromethyl)pyridin-2-yl]-1,3,4-oxadiazol-2-yl)amino)-5-phenyl-1,3-dihydro-2*H*-1,4-benzodiazepin-2-one

zélicapavir

(3*S*)-3-((5-[3-(morpholin-4-yl)-5-(trifluorométhyl)pyridin-2-yl]-1,3,4-oxadiazol-2-yl)amino)-5-phényl-1,3-dihydro-2*H*-1,4-benzodiazépin-2-one

zelicapavir

(3*S*)-5-fenil-3-((5-[3-(morfolin-4-il)-5-(trifluorometil)piridin-2-il]-1,3,4-oxadiazol-2-il)amino)-1,3-dihidro-2*H*-1,4-benzodiazepin-2-ona



zevotrelvirum

zevotrelvir

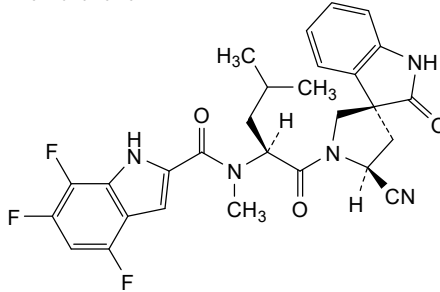
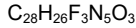
N-{(2*S*)-1-[(3*R*,5'*S*)-5'-cyano-2-oxo-1,2-dihydrospiro[indole-3,3'-pyrrolidin]-1'-yl]-4-methyl-1-oxopentan-2-yl}-4,6,7-trifluoro-*N*-methyl-1*H*-indole-2-carboxamide

zévotrelvir

N-{(2*S*)-1-[(3*R*,5'*S*)-5'-ciano-2-oxo-1,2-dihydrospiro[indole-3,3'-pyrrolidin]-1'-yl]-4-méthyl-1-oxopentan-2-yl}-4,6,7-trifluoro-*N*-méthyl-1*H*-indole-2-carboxamide

zevotrelvir

N-{(2*S*)-1-[(3*R*,5'*S*)-5'-ciano-2-oxo-1,2-dihydrospiro[indole-3,3'-pirrolidin]-1'-il]-4-metil-1-oxopentan-2-il}-4,6,7-trifluoro-*N*-metil-1*H*-indole-2-carboxamida



zimislecelum

zimislecel

allogenic pancreatic islets derived from a human embryonic stem cell (ESC) line. The initial ESCs are positive for OCT4A (>70%) and stage-specific embryonic antigen-4 (SSEA4; >90%). The pancreatic islets are differentiated from the ESCs in five stages: (1) definitive endoderm induction, (2) gut tube formation, (3) early pancreatic progenitor induction, (4) late pancreatic progenitor induction, and (5) pancreatic endocrine induction. In stage 1 the pluripotent stem cell aggregates are cultured in MCDB-131 serum-free medium supplemented with activin A and 6-[(2-{[4-(2,4-dichlorophenyl)-5-(4-methyl-1H-imidazol-2-yl)pyrimidin-2-yl]amino}ethyl)amino]pyridine-3-carbonitrile (*laduviglusib*); in stage 2, the cell culture medium is exchanged with medium supplemented with keratinocyte growth factor (KGF); in stage 3 the medium is supplemented with KGF, (1E)-N-(4-benzylpiperazin-1-yl)-1-(3,5-dimethyl-1-phenyl-1H-pyrazol-4-yl)methanimine (SANT-1), (2E,4E,6E,8E)-3,7-dimethyl-9-(2,6,6-trimethylcyclohexen-1-yl)nona-2,4,6,8-tetraenoic acid (*tretinoïn*), phorbol 12,13-dibutyrate (PDBu), N-benzyl-2-[(pyrimidin-4-yl)amino]-1,3-thiazole-4-carboxamide (thiazovivin), 4-(6-{4-[(propan-2-yl)oxy]phenyl}pyrazolo[1,5-a]pyrimidin-3-yl)quinoline (DMH-1), and activin A; in stage 4 the medium is supplemented with KGF, SANT-1, *tretinoïn*, PDBu, thiazovivin, and activin A; and in stage 5 the medium is supplemented with N-(cyclopropylmethyl)-2-[4-(4-methoxybenzoyl)piperidin-1-yl]-N-[(4-oxo-3,5,7,8-tetrahydro-4H-pyranolo[4,3-d]pyrimidin-2-yl)methyl]acetamide (NVP-TNKS656), PDBu, SANT-1, betacellulin, (2S)-2-[2-(3,5-difluorophenyl)acetamido]-N-[(3S)-1-methyl-2-oxo-5-phenyl-2,3-dihydro-1H-1,4-benzodiazepin-3-yl]propanamide (γ -secretase inhibitor XXI), low-dose *naltrexone* (LDN), activin receptor-like kinase 5 (ALK5) inhibitor, glucocorticoid (GC), thiazovivin, staurosporine, 3-deazaneplanocin A (DZNep), *tretinoïn*, and zinc sulfate.

At the end of stage 5 the islet-like aggregates are dissociated into a single cell suspension and cryopreserved. Thawed cells are subsequently reaggregated into islet cell clusters, removing single cells, and then washed before administration. The final substance consists of pancreatic islet β -cells (positive for NK6 homeobox 1 (NKX6.1+) and ISL LIM homeobox 1 (ISL1+)) that synthesize insulin, as well as non- β islet cells (α and δ cell type) and enterochromaffin (EC) cells. There are no detectable residual pluripotent stem cells (OCT 4+/LIN28+).

zimislecel

Îlots pancréatiques allogènes dérivés d'une lignée de cellules souches embryonnaires humaines (CSE). Les CSE initiales sont positives pour OCT4A (>70%) et l'antigène embryonnaire spécifique du stade 4 (SSEA4; >90%).

Les îlots pancréatiques sont différenciés à partir des CSE en cinq étapes: (1) induction de l'endoderme définitif, (2) formation du tube digestif, (3) induction des progéniteurs pancréatiques précoces, (4) induction des

progéniteurs pancréatiques tardifs et (5) induction endocrine pancréatique. Au stade 1, les agrégats de cellules souches pluripotentes sont cultivés dans un milieu sans sérum MCDB 131 complété avec de l'activeine A et du 6-[(2-[[4-(2,4-dichlorophényl)-5-(4-méthyl-1*H*-imidazol-2-yl)pyrimidine-2-yl]amino]éthyl)amino]pyridine-3-carbonitrile (*laduviglusib*); au stade 2, le milieu de culture cellulaire est remplacé par un milieu complété avec du facteur de croissance des kératinocytes (KGF); à l'étape 3, le milieu est complété avec du KGF, de la (1*E*)-*N*-(4-benzylpiperazin-1-yl)-1-(3,5-diméthyl-1-phényl-1*H*-pyrazol-4-yl)méthanimine (SANT-1), de l'acide (2*E*,4*E*,6*E*,8*E*)-3,7-diméthyl-9-(2,6,6-triméthylcyclohexène-1-yl)nona-2,4,6, 8-tétraénoïque (*trétinoïne*), le 12,13-dibutyrate de phorbol (PDBu), le *N*-benzyl-2-[(pyrimidin-4-yl)amino]-1,3-thiazole-4-carboxamide (thiazovivine), la 4-(6-{4-[(propan-2-yl)oxyphényl]pyrazolo[1,5-*a*]pyrimidin-3-yl}quinoléine (DMH-1) et l'activeine A; à l'étape 4, le milieu est complété avec du KGF, du SANT-1, de la *trétinoïne*, du PDBu, de la thiazovivine et de l'activeine A; et au stade 5, le milieu est complété avec du *N*-(cyclopropylméthyl)-2-[4-(4-méthoxybenzoyl)piperidin-1-yl]-*N*-[(4-oxo-3,5,7,8-tétrahydro-4*H*-pyrano[4,3-*d*]pyrimidine-2-yl)méthyl]acétamide (NVP-TNKS656), PDBu, SANT-1, bêta-celluline, (2*S*)-2-[2-(3,5-difluorophényl)acétamido]-*N*-[(3*S*)-1-méthyl-2-oxo-5-phényl-2,3-dihydro-1*H*-1,4-benzodiazépin-3-yl]propanamide (inhibiteur de la γ -sécrétase XXI), *naltrexone* à faible dose (LDN), de l'inhibiteur de l'activeine de type récepteur de la kinase 5 (ALK5), de glucocorticoïde (GC), de la thiazovivine, de la staurosporine, de la 3-désazanéplanocine A (DZNep), de la *trétinoïne* et du sulfate de zinc. À la fin de l'étape 5, les agrégats en forme d'îlots sont dissociés en une suspension cellulaire unique et cryopréservés. Les cellules décongelées sont ensuite réagrégées en amas d'îlots cellulaires en éliminant les cellules individuelles, puis lavées avant d'être administrées. La substance finale est constituée de cellules β des îlots pancréatiques (positives pour l'homéobox 1 NK6 (NKX6.1+) et l'homéobox 1 ISL LIM (ISL1+)) qui synthétisent l'insuline, ainsi que de cellules d'îlots non- β (de type α et δ) et de cellules d'entérochromaffine (EC). Il n'y a pas de cellules souches pluripotentes résiduelles détectables (OCT 4+/LIN28+).

zimislecel

islotos pancreáticos alogénicos derivados de una línea de células madre embrionarias (ESC) humanas. Las ESCs iniciales son positivas para OCT4A (>70%) y para el antígeno embrionario específico de etapa-4 (SSEA4; >90%).

Los islotes pancreáticos se diferencian desde las ESCs en cinco etapas: (1) inducción del endodermo definitivo, (2) formación del tubo gástrico, (3) inducción del progenitor pancreático temprano, (4) inducción del progenitor pancreático tardío y (5) inducción del páncreas endocrino.

En la etapa 1 los agregados de células madre pluripotentes se cultivan en medio sin suero MCDB 131 suplementado con activeina A y 6-[(2-[[4-(2,4-diclorofenil)-5-(4-metil-1*H*-imidazol-2-il)pirimidin-2-il]amino]etil)amino]piridina-3-carbonitrilo (*laduviglusib*); en la etapa 2, el medio de cultivo se intercambia por medio suplementado con factor de crecimiento de queratinocitos (KGF); en la etapa 3 el medio se suplementa con KGF, (1*E*)-*N*-(4-benzilpiperazin-1-il)-1-(3,5-dimetil-1-fenil-1*H*-pirazol-4-il)metanimina (SANT-1), ácido (2*E*,4*E*,6*E*,8*E*)-3,7-dimetil-9-(2,6,6-trimetilciclohexeno-1-il)nona-2,4,6,8-tetraenoico (*trétinoína*), forbol 12,13-dibutirato (PDBu), *N*-benzil-2-[(pirimidin-4-il)amino]-1,3-tiazol-4-carboxamida (tiazovivina), 4-(6-{4-[(propan-2-il)oxil]fenil}pirazolo[1,5-*a*]pirimidin-3-il)quinoleína (DMH-1) y activeina A; en la etapa 4 el medio se suplementa con KGF, SANT-1, *trétinoína*, PDBu, tiazovivina y activeina A; y en la etapa 5, el medio se suplementa con *N*-(ciclopropilmetil)-2-[4-(4-metoxibenzoil)piperidin-1-il]-*N*-[(4-oxo-3,5,7,8-tetrahidro-4*H*-pirano[4,3-*d*]pirimidin-2-il)metil]acetamida (NVP-TNKS656), PDBu, SANT-1, betacelulina, (2*S*)-2-[2-(3,5-difluorofenil)acetamido]-*N*-[(3*S*)-1-metil-2-oxo-

5-fenil-2,3-dihidro-1*H*-1,4-benzodiazepin-3-il]propanamida (inhibidor de γ -secretasa XXI), *naltrexona* en dosis baja (LDN), inhibidor de quinasa 5 similar al receptor de activina (ALK5), glucocorticoide (GC), tiazovivina, estaurosporina, 3-desazaneplanocina A(DZNep), *tretinoína* y sulfato de zinc.

Al final de la etapa 5, los agregados similares a islotes se disocian para obtener una suspensión de células individuales y se criopreservan. Las células descongeladas se vuelven a reagregar para formar agrupamientos de células de islote, eliminando las células aisladas y lavándolas después antes de su administración. La sustancia final consiste en células β de islote pancreático (positivas para NK6 homeobox 1 (NKX6.1+) e ISL LIM homeobox 1 (ISL1+)) que sintetizan insulina, así como células de islote no- β (células tipo α y δ) y células enterocromafines (EC). No hay células madre pluripotentes residuales detectables (OCT 4+/LIN28+).

Electronic structure available on MedNet: <https://extranet.who.int/soinn/>

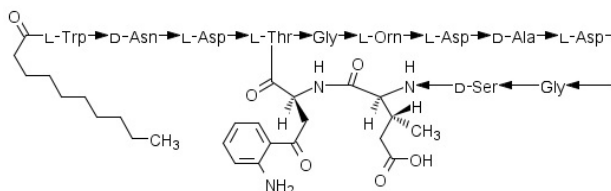
Structure électronique disponible sur MedNet: <https://extranet.who.int/soinn/>

Estructura electrónica disponible en MedNet: <https://extranet.who.int/soinn/>

**AMENDMENTS TO PREVIOUS LISTS
MODIFICATIONS APPORTÉES AUX LISTES ANTÉRIEURES
MODIFICACIONES A LAS LISTAS ANTERIORES**

Recommended International Nonproprietary Names (Rec. INN): List 29
Dénominations communes internationales recommandées (DCI Rec.): Liste 29
Denominaciones Comunes Internacionales Recomendadas (DCI Rec.): Lista 29
(WHO Drug Information, Vol. 3, No. 3, 1989)

- p.4 **daptomycinum**
daptomycin *replace the chemical name and structure by the following ones*
daptomycine *remplacer le nom chimique et la structure par les suivants*
daptomicina *sustitúyase el nombre químico y la estructura por los siguientes*
- 3.4.1.13-anhydro[*N*-decanoyl-L-tryptophyl-**D**-asparaginyL-L- α -aspartyl-L-threonylglycyl-L-ornithyl-L- α -aspartyl-D-alanyl-L- α -aspartylglycyl-D-seryl-(3*R*)-3-methyl-L- α -glutamyl-(2*S*)-2-amino-4-(2-aminophenyl)-4-oxobutanoic acid]
- 3.4.1.13-anhydro[acide *N*-décanoil-L-tryptophyl-**D**-asparaginyL-L- α -aspartyl-L-thréonylglycyl-L-ornithyl-L- α -aspartyl-D-alanyl-L- α -aspartylglycyl-D-séryl-(3*R*)-3-méthyl-L- α -glutamyl-(2*S*)-2-amino-4-(2-aminophényl)-4-oxobutanoïque]
- 3.4.1.13-anhidro[ácido *N*-decanoil-L-triptofil-**D**-asparaginil-L- α -aspartil-L-treonilglicil-L-ornitil-L- α -aspartil-D-alanil-L- α -aspartilglicil-D-seril-(3*R*)-3-metil-L- α -glutamil-(2*S*)-2-amino-4-(2-aminofenil)-4-oxobutanoico]



Recommended International Nonproprietary Names (Rec. INN): List 82
Dénominations communes internationales recommandées (DCI Rec.): Liste 82
Denominaciones Comunes Internacionales Recomendadas (DCI Rec.): Lista 82
(WHO Drug Information, Vol. 33, No. 3, 2019)

- p.694 *suprimase* *insertese*
tririluzole tririluzol

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.20 *suprimase* *insertese*
centhaquina centaquina

Recommended International Nonproprietary Names (Rec. INN): List 84
Dénominations communes internationales recommandées (DCI Rec.): Liste 84
Denominaciones Comunes Internacionales Recomendadas (DCI Rec.): Lista 84
(WHO Drug Information, Vol. 34, No. 3, 2020)

p.743- **nipocalimabum #**

744

nipocalimab

nipocalimab

nipocalimab

replace the description by the following one

remplacer la description par la suivante

sustitúyase la descripción por la siguiente

immunoglobulin G1-lambda, anti-[*Homo sapiens* FCGRT (Fc fragment of IgG receptor and transporter, neonatal Fc receptor, FcRn, transmembrane alpha chain of the neonatal receptor)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;
 gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-445) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*01 (90.8%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (100%)) CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105) (1-116) -*Homo sapiens*IGHG1*03 G1m3>G1m17, nG1m1, G1v29 CH2 A84.4 (CH1 R120>K (213) (117-214), hinge 1-15 (215-229), CH2 N84.4>A (296) (230-339), CH3 E12 (355), M14 (357) (340-444), CHS K2>del (445)) (117-445)], (219-215')-disulfide with lambda light chain *Homo sapiens* (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV2-23*01 (94.8%) -IGLJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [9.3.10] (26-34.52-54.91-100) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC3*03 (100%) (111'-216')]; dimer (225-225'':228-228'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, **cell line CHO-K1, non-glycosylated**

immunoglobuline G1-lambda, anti-[*Homo sapiens* FCGRT (transporteur et récepteur du fragment Fc des IgG, récepteur Fc néonatal, FcRn, chaîne alpha transmembranaire du récepteur néonatal)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;
 chaîne lourde gamma1 *Homo sapiens* (1-445) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*01 (90.8%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (100%)) CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105) (1-116) -*Homo sapiens*IGHG1*03 G1m3>G1m17, nG1m1, G1v29 CH2 A84.4 (CH1 R120>K (213) (117-214), charnière 1-15 (215-229), CH2 N84.4>A (296) (230-339), CH3 E12 (355), M14 (357) (340-444), CHS K2>del (445)) (117-445)], (219-215')-disulfure avec la chaîne légère lambda *Homo sapiens* (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV2-23*01 (94.8%) -IGLJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [9.3.10] (26-34.52-54.91-100) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC3*03 (100%) (111'-216')]; dimère (225-225'':228-228'')-bisdisulfure, produite dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), **lignée cellulaire CHO-K1, non-glycosylé**

inmunoglobulina G1-lambda, anti-[*Homo sapiens* FCGRT (transportador y receptor del fragmento Fc de las IgG, receptor Fc neonatal, FcRn, cadena alfa transmembranaria del receptor neonatal)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*;
 cadena pesada gamma1 *Homo sapiens* (1-445) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*01 (90.8%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (100%)) CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105) (1-116) -*Homo sapiens*IGHG1*03 G1m3>G1m17, nG1m1, G1v29 CH2 A84.4 (CH1 R120>K (213) (117-214), bisagra 1-15 (215-229), CH2 N84.4>A (296) (230-339), CH3 E12 (355), M14 (357) (340-444), CHS K2>del (445)) (117-445)], (219-215')-disulfuro con la cadena ligera lambda *Homo sapiens* (1'-216') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV2-23*01 (94.8%) -IGLJ1*01 (100%)) CDR-IMGT [9.3.10] (26-34.52-54.91-100) (1'-110') -*Homo sapiens* IGLC3*03 (100%) (111'-216')]; dímero (225-225'':228-228'')-bisdisulfuro, producida por células ováricas de hamster chino (CHO), **línea celular CHO-K1, no glicosilado**

Recommended International Nonproprietary Names (Rec. INN): List 87

Dénominations communes internationales recommandées (DCI Rec.): Liste 87

Denominaciones Comunes Internacionales Recomendadas (DCI Rec.): Lista 87

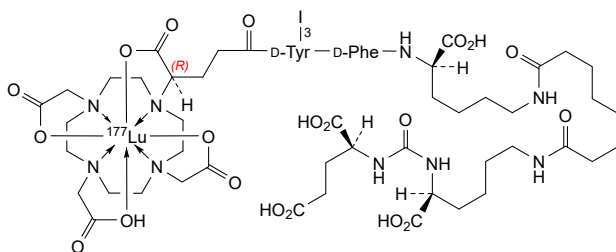
(WHO Drug Information, Vol. 36, No. 1, 2022)

p.472	lutetium (¹⁷⁷Lu) zadavotidum guraxetanum	
	lutetium (¹⁷⁷ Lu) zadavotide guraxetan	<i>replace the chemical name and structure by the following ones</i>
	lutécium (¹⁷⁷ Lu) zadavotide guraxétan	<i>remplacer le nom chimique et la structure par les suivants</i>
	lutecio (¹⁷⁷ Lu) zadavotida guraxetán	<i>sustitúyase el nombre químico y la estructura por los siguientes</i>

[N-((4R)-4-carboxy-κO-4-[4,7,10-tris(carboxy-κ³O⁴, O⁷, O¹⁰-methyl)-1,4,7,10-tetraazacyclododecan-1-yl-κ⁴N¹, N⁴, N⁷, N¹⁰]butanoyl)-3-iodo-D-tyrosyl-D-phenylalanyl-N⁶-(8-{N²-[(L-glutamic acid-N-yl)carbonyl]-L-lysine-N⁶-yl}-8-oxooctanoyl)-D-lysinate(3-)](¹⁷⁷Lu)lutetium

[N-((4R)-4-carboxy-κO-4-[4,7,10-tris(carboxy-κ³O⁴, O⁷, O¹⁰-méthyl)-1,4,7,10-tétraazacyclododécan-1-yl-κ⁴N¹, N⁴, N⁷, N¹⁰]butanoyl)-3-iodo-D-tyrosyl-D-phénylalanyl-N⁶-(8-{N²-[(acide L-glutamique-N-yl)carbonyl]-L-lysine-N⁶-yl}-8-oxooctanoyl)-D-lysinate(3-)](¹⁷⁷Lu)lutécium

[N-((4R)-4-carboxi-κO-4-[4,7,10-tris(carboxi-κ³O⁴, O⁷, O¹⁰-metil)-1,4,7,10-tetraazaciclododecan-1-il-κ⁴N¹, N⁴, N⁷, N¹⁰]butanoil)-3-iodo-D-tirosil-D-fenilalanil-N⁶-(8-{N²-[(ácido L-glutámico-N-il)carbonyl]-L-lisina-N⁶-il}-8-oxooctanoil)-D-lisinate(3-)](¹⁷⁷Lu)lutecio



Recommended International Nonproprietary Names (Rec. INN): List 89

Dénominations communes internationales recommandées (DCI Rec.): Liste 89

Denominaciones Comunes Internacionales Recomendadas (DCI Rec.): Lista 89

(WHO Drug Information, Vol. 37, No. 1, 2023)

p.199- 200	tarperprumigum #	
	tarperprumig	<i>replace the description by the following one</i>
	tarperprumig	<i>remplacer la description par la suivante</i>
	tarperprumig	<i>sustitúyase la descripción por la siguiente</i>

immunoglobulin single chain VH-VH', anti-[*Homo sapiens* ALB (albumin, human serum albumin, HSA)] and anti-[*Homo sapiens* CFP (complement factor properdin, properdin)], humanized monoclonal antibody, bispecific, bivalent; single chain (sc) VH-VH' (1-256) [humanized VH anti-ALB (*Vicugna pacos*

IGHV3-3*01 (81.6%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (92.3%)/Homo sapiens IGHV3-11*05 (80.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.7.17] (26-33.51-57.96-112) (1-123)) -14-mer bis(tetraglycyl-glutamyl) tetraglycyl linker (124-137) -humanized VH anti-CFP (*Vicugna pacos* IGHV3S53*01 (81.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01, Q123>L (251) (92.3%)/Homo sapiens IGHV3-23*01 (80.2%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.13] (163-170.188-194.233-245) (138-256))), produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1SV, non-glycosylated immunoglobuline simple chaîne VH-VH', anti-[*Homo sapiens* ALB (albumine, sérum albumine humaine, SAH)] et anti-[*Homo sapiens* CFP (facteur du complément properdine, properdine)], anticorps monoclonal humanisé, bispécifique, bivalent; simple chaîne (sc) VH-VH' (1-256) [VH anti-ALB humanisé (*Vicugna pacos* IGHV3-3*01 (81.6%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (92.3%)/Homo sapiens IGHV3-11*05 (80.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.7.17] (26-33.51-57.96-112) (1-123)) -14-mer bis(tétraglycyl-glutamyl) tétraglycyl linker (124-137)-VH anti-CFP humanisé (*Vicugna pacos* IGHV3S53*01 (81.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01, Q123>L (251) (92.3%)/Homo sapiens IGHV3-23*01 (80.2%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.13] (163-170.188-194.233-245) (138-256))), produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1SV, non-glycosylé inmunoglobulina cadena única VH-VH', anti-[*Homo sapiens* ALB (albúmina, albumina sérica humana, SAH)] y anti-[*Homo sapiens* CFP (factor complemento properdina, properdina)], anticuerpo monoclonal humanizado, biespecífico, bivalente; cadena única (sc) VH-VH' (1-256) [VH anti-ALB humanizado (*Vicugna pacos* IGHV3-3*01 (81.6%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (92.3%)/Homo sapiens IGHV3-11*05 (80.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.7.17] (26-33.51-57.96-112) (1-123)) -14-mer bis(tetraglicil-glutamil) tetraglicil linker (124-137)-VH anti-CFP humanizado (*Vicugna pacos* IGHV3S53*01 (81.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01, Q123>L (251) (92.3%)/Homo sapiens IGHV3-23*01 (80.2%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.13] (163-170.188-194.233-245) (138-256))), producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1SV, no glicosilado

p. 222-223 **ulviprubartum #**
 ulviprubart
 ulviprubart
 ulviprubart

*replace the structure by the following one
 remplacer la structure par la suivante
 sustitúyase la estructura por la siguiente*

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT DHNMHWKQA TGGLEWFGF 50
 INPNTGVTRY NQKFGQGRVTL TINKAISTAY LELSSLRSED TAVYYCARDY 100
 YGSAWFAYWG QGTLVTVSSA STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
 YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFPVAVLQSSG LYSLSVTVV PSSSLGTQTY 200
 ICNVNHKPSN TKVDKKEPK SCDKTHCTPP CPAPELLGGP SVFLFPPKPK 250
 DTLMISRTP E VTCVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
 TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
 YTLPPSREEM TRNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL 400
 DSDGSFFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSQSVM HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

DIVMTQSPDS LAVSLGERAT INCKSSQTLT YSSDQKNYLA WYQQKPGQPP 50
 KLLIYWASTR ESGVPRDFSG SGSSTDFTLT ISSLQAEDVA VYCCQQYNY 100
 PTFGGGTKVE IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVCL LNNFYPREAK 150
 VQWVKVDNALQ SGNSQESVTE QDSKDYSTSL SSTLTLSKAD YEKHKVYACE 200
 VTHQGLSSPV TKSFNREGC 219

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22"-96" 146"-202" 263"-323" 369"-427"
 22"-96" 146"-202" 263"-323" 369"-427"
 Intra-L (C23-C104) 23"-94" 139"-199"
 23"-94" 139"-199"
 Inter-H-L (h 5-CL 126) 222"-219" 222"-219"
 Inter-H-H (h 11, h 14) 228"-228" 231"-231"

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

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

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
 H CH2 N84.4: 299, 299"

Afucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes afucosylés / glicanos de tipo CHO biantenaríos complejos afucosilados.

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

p. 244-245 **zapomeranum #**
 zapomeran
 zapomérán
 zapomerán

*Please note that the MedNet file has been updated.
 Veuillez noter que le fichier MedNet a été mis à jour.
 Por favor, tenga en cuenta que se ha actualizado el archivo MedNet.*

p. 261-262 **nulabeglogenum autogedtemcelum**
 nulabeglogén autogedtemcel

sustitúyase y la descripción por la siguiente

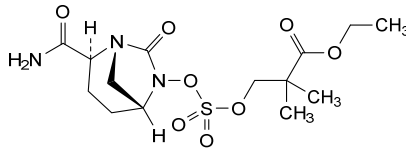
células madre y progenitoras hematopoyéticas (HSPCs) autólogas CD34+ obtenidas por aféresis de pacientes con anemia falciforme, modificadas genéticamente *ex vivo* mediante edición génica mediada por CRISPR/Cas9 (repeticiones palindrómicas cortas agrupadas y espaciadas regularmente / proteína asociada a CRISPR 9) consistente en un único RNA guía (sgRNA) dirigido al primer exón del gen de la β-globina humana (HBB) y usando un mecanismo de reparación dirigida por homología para corregir la mutación de ácido glutámico a valina en la posición 6 del gen HBB por medio de un vector de virus adenoasociado de serotipo 6 (AAV6) en el que la secuencia correctora se localiza entre dos brazos de homología en el HBB. Tras la

modificación genética, cada célula puede tener una de seis combinaciones de alelos HBB (WT/WT, INDEL/WT, INDEL/INDEL, INDEL/HR, WT/HR, HR/HR, donde WT se refiere al alelo del tipo silvestre de la anemia falciforme, INDEL se refiere a un evento de inserción/delección, pero no corrección, del gen HBB, y HR se refiere a un alelo de HBB corregido). La sustancia final consiste en células con $\geq 20\%$ de los alelos corregidos de la mutación E6V, medido por la frecuencia de eventos de recombinación homóloga. La suspensión celular se enriquece en células CD34+ usando una separación con bolas magnéticas. La sustancia consiste en células con el fenotipo CD45+ y CD34+, con $\geq 80\%$ de pureza. La caracterización funcional de las células se basa en la capacidad de formar colonias eritroides y mieloides en medio semisólido basado en metilcelulosa

Recommended International Nonproprietary Names (Rec. INN): List 90
Dénominations communes internationales recommandées (DCI Rec.): Liste 90
Denominaciones Comunes Internacionales Recomendadas (DCI Rec.): Lista 90
(WHO Drug Information, Vol. 37, No. 3, 2023)

p.721 **avibactam tomilopilum**
 avibactam tomilopil
 avibactam tomilopil
 avibactam tomilopil

replace the structure by the following one
remplacer la structure par la suivante
sustitúyase la estructura por la siguiente



p.725-
 726 **berahyaluronidasum alfa**
 berahyaluronidase alfa
 bérahyaluronidase alfa
 berahialuronidasa alfa

replace the description by the following one
remplacer la description par la suivante
sustitúyase la descripción por la siguiente

human hyaluronidase isozyme-5 (HYAL5, sperm adhesion molecule 1, SPAM1, hyaluronidase PH-20, EC:3.2.1.35) fragment (3-433, 1-431 in the current sequence) engineered variant with the structural domain replaced by the corresponding region of human hyaluronidase isozyme-1 (HYAL1) (³⁰⁶TLSIMRSMKSCLLDDNYMET³²⁶→³⁰⁴SWENTRTKESCQAIKEYMDTT³²⁴), produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line DG44, glycoform alfa

variant modifié d'un fragment (3-433, 1-431 dans la séquence actuelle) de l'isozyme-5 de la hyaluronidase humaine (HYAL5, molécule d'adhésion des spermatozoïdes 1, SPAM1, hyaluronidase PH-20, EC:3.2.1.35) dont le domaine structural a été remplacé par la région correspondante de l'isozyme-1 de la

hyaluronidase humaine (HYAL1)
 (306)TLSIMRSMKSCLLDDNYMET|326>
 304SWENTRTKESCQAIKEYMDTT324), produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire DG44, glycoforme alfa

hialuronidasa humana isoenzima-5 (HYAL5, molécula de adhesión de esperma 1, SPAM1, hialuronidasa PH-20, EC:3.2.1.35) fragmento (3-433, 1-431 en la secuencia actual) variante diseñada con el dominio estructural reemplazado por la región correspondiente a la hialuronidasa humana isoenzima-1 (HYAL1)
 (306)TLSIMRSMKSCLLDDNYMET|326>
 304SWENTRTKESCQAIKEYMDTT324), producida en células ováricas de hámster Chino (CHO), línea celular DG44, forma glicosilada alfa

p.752-
753 **elriterceptum #**
elritercept
elritercept
elritercept

replace the structure by the following one
remplacer la structure par la suivante
sustitúyase la estructura por la siguiente

Sequence / Séquence / Secuencia

```
GAILGRSETQ ECLFYNANWE LERINQTVGE RCECEKDKFL HCYATVRNIS 50
GSIELVKKKGC WLDDFNCYDR TDCVETEFENP QVYFCCCEGN MCNEKFSYFP 100
EMEVTPQPTSG QQDKTHTCPP CPAPELLGGP SVFLFPKPKK DTLMISRTPPE 150
VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS TYRVVSVLTV 200
LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPPEPQV YTLPPSRDEL 250
TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL DSDGSFFLYS 300
KLTVDKSRWQ QGNVFSCSVM HEALHNYHTQ KSLSLSPG 338
```

Peptide linker / Peptides liant / Péptido de unión

GGG110-112

Mutation / Mutation / Mutación

F15>Y, 21KID22>LE, p31>R, Y33>E, D35>E, R40>L, F43>Y, K47>R, Q58>K, I65>E, 76KKDS79>TEEN, E81>Q

Post-translational modifications

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

Intra-chain 12-42, 32-60, 67-86, 73-85, 87-92, 153-213, 259-317

12'-42', 32'-60', 67'-86', 73'-85', 87'-92', 153'-213', 259'-317'

Inter-chain 118-118', 121-121'

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

N25, N48, N189, N25', N48', N189'

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

S97, S97', T108, T108', S109, S109'

p.757-
758 **ersodetugum #**
ersodetug
ersodétug
ersodetug

replace the description by the following one
remplacer la description par la suivante
sustitúyase la descripción por la siguiente

immunoglobulin G2-kappa, anti-[Homo sapiens INSR (insulin receptor)], Homo sapiens monoclonal antibody, allosteric;

gamma2 heavy chain *Homo sapiens* (1-444) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-**30***01 (98.0%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (93.8%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens*IGHG2*02 (100%), G2m23 CH2 M45.1 (CH1 (119-216), hinge 1-12 (217-228), CH2 M45.1 (279) (229-337), CH3 (338-442), CHS (443-444)) (119-444)], (132-219')-disulfide with kappa light chain humanized (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV2-30*01 (93.0%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27-37.55-57.94-102)) (1'-112') -*Homo sapiens*IGKC*01, Km3 A45.1 (158), V101 (196) (113'-219')]; dimer (220-220":221-221":224-224":227-227")-tetrakisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, glycoform alfa

immunoglobuline G2-kappa, anti-[*Homo sapiens* INSR (récepteur de l'insuline)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*, allostérique;
chaîne lourde gamma2 *Homo sapiens* (1-444) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-**30***01 (98.0%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (93.8%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens*IGHG2*02 (100%), G2m23 CH2 M45.1 (CH1 (119-216), charnière 1-12 (217-228), CH2 M45.1 (279) (229-337), CH3 (338-442), CHS (443-444)) (119-444)], (132-219')-disulfure avec la chaîne légère kappa humanisée (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV2-30*01 (93.0%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27-37.55-57.94-102)) (1'-112') -*Homo sapiens*IGKC*01, Km3 A45.1 (158), V101 (196) (113'-219')]; dimère (220-220":221-221":224-224":227-227")-tétrakisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa

inmunoglobulina G2-kappa, anti-[*Homo sapiens* INSR (receptor de la insulina)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*, alostérico;
cadena pesada gamma2 *Homo sapiens* (1-444) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-**30***01 (98.0%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (93.8%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens*IGHG2*02 (100%), G2m23 CH2 M45.1 (CH1 (119-216), bisagra 1-12 (217-228), CH2 M45.1 (279) (229-337), CH3 (338-442), CHS (443-444)) (119-444)], (132-219')-disulfuro con la cadena ligera kappa humanizada (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV2-30*01 (93.0%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27-37.55-57.94-102)) (1'-112') -*Homo sapiens*IGKC*01, Km3 A45.1 (158), V101 (196) (113'-219')]; dímero (220-220":221-221":224-224":227-227")-tetrakisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, forma glicosilada alfa

p.774-
775 **iluzanebartum #**
iluzanebart
iluzanebart
iluzanebart

replace structure by the following one
remplacer la structure par la suivante
sustitúyase la estructura por la siguiente

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

EVQLVQSGAE	VKKPGESLKI	SCKGSGYSFT	SYWIGWVRQM	PGKGLEWMI	50
IYPGDADARY	SPSFQGGVTI	SADKSISTAY	LQWSSLKASD	TAMYFCARRR	100
QGIFGDALDF	WQQGTLVTVS	SASTKGPSVF	PLAPSSKSTS	GGTAALGCLV	150
KDYFPEFVTV	SWNSGALTSG	VHTFPAVLQS	SGLYSLSSVV	TVPSSSLGTQ	200
TYICNVNHPK	SNTKVDKKVE	PKSCDKTHTC	PPCPAPPELLG	GPSVFLFPPK	250
PKDTLMISRT	PEVTCVVVDV	SHEDPEVKFN	WYVDGVEVHN	AKTKFCEBQY	300
GSTYRCVSVL	TVLHQDWLNG	KEYCKVSNK	ALPAPIEKTI	SKAKGQPREP	350
QVYTLPPSRE	EMTKNQVSLT	CLVKGFPYPSD	IAVEWESNGQ	PENNYKTPPP	400
VLDSGDGSFFL	YSKLTVDKSR	WQQGNVFCSS	VMHEALHNYH	TQKSLSLSPG	450
K					451

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

EIVMTQSPAT	LSVSPGERAT	LSCRASQSVS	SNLAWFQQKP	GQAPRLLIYG	50
ASTRATGIPA	RFGSGSGSTE	FTLTISLQSP	EDFAVYYCLQ	DNNFPPTFGQ	100
GTKVDIKRTV	AAPSVFIFFP	SDEQLKSGTA	SVVCLLNNFY	PREAKVQWKV	150
DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD	STYLSLSTLT	LSKADYKHKH	VYACEVTHQG	200
LSSPVTKSFN	RGEC				214

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104)	22-96	148-204	265-325	371-429
	22"-96"	148"-204"	265"-325"	371"-429"

Intra-CH2 (C83-C85)* 296-306 296"-306"

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"

*Additional disulfide bond to stabilize the CH2 in the absence of N-glycosylation (G1v54)

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

H CH2 N84.4>G (G1v30): 301, 301"

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

p. 793 **muvalaplinum**
muvalaplin
muvalapline
muvalaplina

replace the chemical name by the following one
remplacer le nom chimique par le suivant
sustitúyase el nombre químico por el siguiente

(1³**R**,2**S**,10**S**,11³**R**)-6-[(3-((2**S**)-2-carboxy-2-[(3**R**)-pyrrolidin-3-yl]ethyl)phenyl)methyl]-6-aza-1,11(3)-dipyrrolidina-4,8(1,3)-dibenzenaundecaphane-2,10-dicarboxylic acid

acide (1³**R**,2**S**,10**S**,11³**R**)-6-[(3-((2**S**)-2-carboxy-2-[(3**R**)-pyrrolidin-3-yl]éthyl)phényl)méthyl]-6-aza-1,11(3)-dipyrrolidina-4,8(1,3)-dibenzénaundécaphane-2,10-dicarboxylique

ácido (1³**R**,2**S**,10**S**,11³**R**)-6-[(3-((2**S**)-2-carboxi-2-[(3**R**)-pirrolidin-3-il]etil)fenil)metil]-6-aza-1,11(3)-dipirrolidina-4,8(1,3)-dibencenaundecafano-2,10-dicarboxílico

p.803-
804 **oberotatugum #**
oberotatug
obérotatug
oberotatug

replace the description and structure by the following ones
remplacer la description et la structure par les suivantes
sustitúyase al descripción y la estructura por las siguientes

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* LY75 (human lymphocyte antigen 75, C-type lectin domain family 13 member B, CLEC13B, DEC-205, CD205)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;

H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-15*01 (98.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.10.10] (26-33.51-60.99-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-214')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (88.4%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimer (228-228":231-231")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1SV, glycoform alfa

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* LY75 (antigène 75 des lymphocytes humains, membre B de la famille 13 des lectines à domaine de type C, CLEC13B, DEC-205, CD205)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;

chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens* (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-15*01 (98.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.10.10] (26-33.51-60.99-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (88.4%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimère (228-228":231-231")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1SV, glycoforme alfa

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* LY75 (antígeno 75 de los linfocitos humanos, miembro B de la familia 13 de las lectinas con dominio de tipo C, CLEC13B, DEC-205, CD205)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*;

cadena pesada H-gamma1 *Homo sapiens* (1-449) [VH humanizado (*Homo sapiens* IGHV3-15*01 (98.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.10.10] (26-33.51-60.99-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (88.4%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dímero (228-228":231-231")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1SV, forma glicosilada alfa

Heavy chain/ Chaîne lourde / Cadena pesada

EVQLVESGGG LVKPGGSLRL SCAASGFTYS NAWMSWRQA PGKGLEWVGR 50
 IKSKTGGT DYAAPVQGRF TISRDDSKNT LYLQMSLKT EDTAVYYCTI 100
 FGVVSDYWG QGTLVTVSSA STKGPSVFPPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
 YFPEPVTWSV NSGALTSGVH TFPAVLQSSG LYSLSVVTY PSSSLGTQTY 200
 ICNVNHKPSN TKVDKKEPK SCDKHTTCCP CPAPPELLGGP SVFLFPPKPK 250
 DTLMIERTPE VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
 TYRIVSVLTV LHQDMLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
 YTLPPSREEM TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTFPVL 400
 DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSQSVN HEALHNYHTQ KSLSLSPGK 449

Light chain/ Chaîne légère / Cadena ligera

DVQMTQSPSS LSASVGRVIT ITCRASQGIS DYLSWYQQRP GKAPNLLIYA 50
 ASNLKTGVPS RFGSGSGGTD FTLTISTLQP EDFATYYCQQ SYRSPWTFGQ 100
 GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWVK 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
 LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-98 146-202 263-323 369-427
 22"-98" 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

HCH2 N84.4: 299, 299"

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

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

p.805-806

oberotatumum ravtansinum #

oberotatum ravtansine
 obérotatum ravtansine
 oberotatum ravtansina

replace the description and structure by the following ones
remplacer la description et la structure par les suivantes
sustitúyase la descripción y la estructura por las siguientes

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* LY75 (human lymphocyte antigen 75, C-type lectin domain family 13 member B, CLEC13B, DEC-205, CD205)], *Homo sapiens* monoclonal antibody; conjugated to *ravtansine*;

H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-15*01 (98.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.10.10] (26-33.51-60.99-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-214')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (88.4%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3, A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimer (228-228":231-231")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1SV, glycoform alfa; conjugated at N⁶ of an average of 3.5 lysyl residues with 4-[(5-[(2S)-1-[[[(1S,2R,3S,5S,6S,16E,18E,20R,21S)-11-chloro-21-hydroxy-12,20-dimethoxy-2,5,9,16-tetramethyl-8,23-dioxo-4,24-dioxo-9,22-diazatetracyclo[19.3.1.1^{10,14}.0^{3,5}]hexacosano-10(26),11,13,16,18-pentaen-6-yl]oxy]-1-oxopropan-2-yl](methylamino)-2-methyl-5-oxopentan-2-yl)disulfanyl]butanoyl (*ravtansine*) groups

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* LY75 (antigène 75 des lymphocytes humains, membre B de la famille 13 des lectines à domaine de type C, CLEC13B, DEC-205, CD205)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*; conjugué à la *ravtansine*;
chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens* (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-15*01 (98.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.10.10] (26-33.51-60.99-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (88.4%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dimère (228-228":231-231")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1SV, glycoforme alfa; conjugué en N⁶ d'une moyenne de 3,5 résidus lysyl avec le groupe 4-[(5-[(2S)-1-[[[(1S,2R,3S,5S,6S,16E,18E,20R,21S)-11-chloro-21-hydroxy-12,20-diméthoxy-2,5,9,16-tétraméthyl-8,23-dioxo-4,24-dioxa-9,22-diazatétracyclo[19.3.1.1^{10,14}.0^{3,5}]hexacosano(26),11,13,16,18-pentaèn-6-yl]oxy)-1-oxopropan-2-yl](méthyl)amino)-2-méthyl-5-oxopentan-2-yl]disulfanyl]butanoyle (*ravtansine*)

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* LY75 (antígeno 75 de los linfocitos humanos, miembro B de la familia 13 de las lectinas con dominio tipo C, CLEC13B, DEC-205, CD205)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*; conjugado con *ravtansina*;
cadena pesada H-gamma1 *Homo sapiens* (1-449) [VH humanizado (*Homo sapiens* IGHV3-15*01 (98.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.10.10] (26-33.51-60.99-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (88.4%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 (153), V101 (191) (108'-214')]; dímero (228-228":231-231")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1SV, forma glicosilada alf; conjugado en N⁶ de 3,5 lisil residuos, por termino medio, con grupos 4-[(5-[(2S)-1-[[[(1S,2R,3S,5S,6S,16E,18E,20R,21S)-11-cloro-21-hidroxi-2,5,9,16-tetrametil-12,20-dimetoxi-8,23-dioxo-4,24-dioxa-9,22-diazatetracilo[19.3.1.1^{10,14}.0^{3,5}]hexacosano(26),11,13,16,18-pentaen-6-il]oxi)-1-oxopropan-2-il](metil)amino)-2-metil-5-oxopentan-2-il]disulfanil]butanoilo (*ravtansina*)

Heavy chain/Chaîne lourde / Cadena pesada

EVQLVESGGG LVKPGGSLRL SCAASGFTYS NAMMSWVRQA PGKGLEWVGR 50
 IKSKTDGGTT DYAAPVQGRF TISRDDSKNT LYLQMNLSKT EDTAVYYCTI 100
 FGVVSDYWG QGTLVTVSSA STRGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
 YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TTPAVLQSSG LYSLSLVVTV PSSSLGTQTY 200
 ICNVNHHKPSN TKVDDKVEPK SCDKTHTCPP CPAPELLGGP SVFLFPPKPK 250
 DTLMIASRTPE VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
 TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
 YTLPPSREEM TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL 400
 DSDGSEFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSCSVM HEALHNNHYTQ KSLSLSPGK 449

Light chain/Chaîne légère / Cadena ligera

DVQMTQSPSS LSASVSDRVT ITCRASQIS DVLWSYQRRP GKAPNLLIYA 50
 ASNLKTGVPS RFGSGSGTD FTLTISTLQP EDFATYYCQQ SYRSPWTFGQ 100
 GTKVEIKRVT AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNFFY PREAKVQWKV 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSLT LSKADYKHKH 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"-98" 146"-202" 263"-323" 369"-427"
 22"-98" 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"

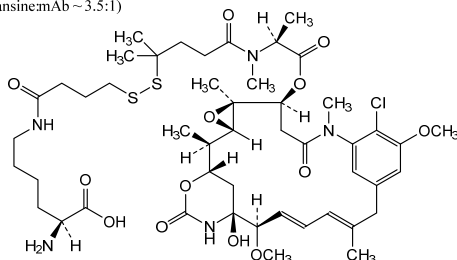
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenaricos complejos fucosilados

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

H CHS K2: 449, 449"

Potential modified residues / résidus modifiés potentiels / restos modificados potenciales*
 K (Lys)

*(ravtansineAb ~ 3.5:1)



p.839 **rizedisbenum**
 rizedisben
 rizedisbène
 rizedisbén

*replace the chemical name by the following one
 remplacer le nom chimique par le suivant
 sustitúyase el nombre químico por el siguiente*

*(4E,7E)-9⁴-amino-1⁴-(2-hydroxyethyl)-6³-methoxy-2λ⁶-thia-1(1)-
 piperazina-3,6(1,4),9(1)-tribenzenanonaphane-4,7-diene-2,2-
 dione*

*(4E,7E)-9⁴-amino-1⁴-(2-hydroxyéthyl)-6³-méthoxy-2λ⁶-thia-1(1)-
 pipérazina-3,6(1,4),9(1)-tribenzenanonaphane-4,7-diène-2,2-
 dione*

*(4E,7E)-9⁴-amino-1⁴-(2-hidroxietil)-6³-metoxi-2λ⁶-thia-1(1)-
 piperazina-3,6(1,4),9(1)-tribencenonafano-4,7-dieno-2,2-diona*

p.862 **tegrenmeranum #**

tegrenmeran *replace the description by the following one*
 tégrenméran *remplacer la description par la suivante*
 tegrenmerán *sustitúyase la descripción por la siguiente*

messenger RNA (mRNA), 5'-capped, encoding the codon-optimized receptor binding domain (RBD) of the severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) spike (S) glycoprotein (Omicron sub-lineages B.1.1.529.4 (BA.4) and B.1.1.529.5 (BA.5); based upon GISAID: EPI_ISL_12607996), with a cysteine to serine substitution at residue 233 (**corresponding to cys533 in the full-length spike glycoprotein**), expressed as a fusion protein with the S glycoprotein signal peptide derived from SARS-CoV-2 Wuhan-Hu 1 strain (GenBank: MN908947.3), flanked by 5' and 3' untranslated regions (UTRs) derived from the human β -globin gene and a 3' polyadenylation (polyA) tail; contains 5-methyluridine instead of uridine (*all-U*>5-Me-U) and 5-methylcytidine instead of cytidine (*all-C*>5-Me-C)

ARN messenger (ARNm), protégé d'une coiffe en 5', codant le domaine de liaison au récepteur (RBD) aux codons optimisés de la glycoprotéine de spicule (S) du coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SARS-CoV-2) (sous-lignes Omicron B.1.1.529.4 (BA.4) et B.1.1.529.5 (BA.5); d'après GISAID: EPI_ISL_12607996), avec substitution de la cystéine 233 par la sérine (**correspondant à cys533 dans la glycoprotéine de spicule de pleine longueur**), exprimé sous la forme d'une protéine de fusion avec le peptide signal de la glycoprotéine S dérivée de la souche SARS-CoV-2 Wuhan-Hu 1 (GenBank: MN908947.3), flanquée des régions non traduites (UTR) en 5' et 3' dérivées du gène de la β -globine humaine et d'une queue de polyadénylation (polyA) en 3'; contient de la 5-méthyluridine en lieu de l'uridine (*tout-U*>5-Me-U) et de la 5-méthylcytidine en lieu de la cytidine (*tout-C*>5-Me-C)

ARN mensajero (ARNm), protegido en 5', que codifica, con codones optimizados, para el dominio de unión al receptor (RBD) de la glicoproteína de la espícula (S) del coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo (SARS-Cov-2) (sublinajes B.1.1.529.4 (BA.4) y B.1.1.529.5 (BA.5) de Omicron; basado en GISAID: EPI_ISL_12607996), con una substitución de la cisteína 233 a serina (**correspondiente a cys533 en la glicoproteína de la espícula de longitud completa**), expresado como una proteína de fusión con el péptido señal de la glicoproteína S derivada de la cepa Wuhan-Hu 1 de SARS-Cov-2 (GenBank: MN908947.3), flanqueado por regiones 5' y 3' no traducidas (UTRs) derivadas del gen de la β -globina humana y una cola poliadenilación (poliA) en 3'; contiene 5-metiluridina en lugar de uridina (*todo-U*>5-Me-U) y 5-metilcitidina en lugar de citidina (*todo-C*>5-Me-C)

p.895 **zelnecirnonum**

zelnecirnon *replace the chemical name by the following one*
 zelnécirnon *remplacer le nom chimique par le suivant*
 zelnecirnón *sustitúyase el nombre químico por el siguiente*

(1^{1r},1^{3R},2^{3R},6R)-4⁵,7²,7⁴-trichloro-4⁶,6-dimethyl-5-aza-4(2,4)-pyrimidina-2(1,3)-piperidina-3(3,1)-azetidina-7(1)-benzena-1(1)-cyclobutanaheptaphane-1³-carboxylic acid

acide (1^{1r},1^{3R},2^{3R},6^R)-4⁵,7²,7⁴-trichloro-4⁶,6-diméthyl-5-aza-4(2,4)-
pyrimidina-2(1,3)-pipéridina-3(3,1)-azétidina-7(1)-benzéna-1(1)-
cyclobutanaheptaphane-1³-carboxylique

ácido (1^{1r},1^{3R},2^{3R},6^R)-4⁵,7²,7⁴-triclouro-4⁶,6-dimetil-5-aza-4(2,4)-
pirimidina-2(1,3)-piperidina-3(3,1)-azetidina-7(1)-bencena-1(1)-
ciclobutanaheptafano-1³-carboxílico

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.