

International Nonproprietary Names for Pharmaceutical Substances (INN)

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

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

Dénominations communes internationales des Substances pharmaceutiques (DCI)

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

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

Denominaciones Comunes Internacionales para las Sustancias Farmacéuticas (DCI)

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

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

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

Proposed International Nonproprietary Names: List 131

Comments on, or formal objections to, the proposed names may be forwarded by any person to the INN Programme of the World Health Organization within four months of the date of their publication in *WHO Drug Information*, i.e., for **List 131 of Proposed INN not later than 11 December 2024. Publication date:** 12.08.2024

Dénominations communes internationales proposées: Liste 131

Des observations ou des objections formelles à l'égard des dénominations proposées peuvent être adressées par toute personne au Programme des Dénominations communes internationales de l'Organisation mondiale de la Santé dans un délai de quatre mois à compter de la date de leur publication dans *WHO Drug Information*, c'est à dire pour la **Liste 131 de DCI Proposées le 11 décembre 2024 au plus tard. Date de publication :** 12.08.2024

Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas: Lista 131

Cualquier persona puede dirigir observaciones u objeciones respecto de las denominaciones propuestas, al Programa de Comunes Internacionales de la Organización Mundial de la Salud, en un plazo de cuatro meses, contados desde la fecha de su publicación en *WHO Drug Information*, es decir, para **la Lista 131 de DCI Propuestas el 11 de Diciembre de 2024 a más tardar. Fecha de publicación:** 12.08.2024

<i>Proposed INN</i> (Latin, English, French, Spanish)	<i>Chemical name or description: Action and use: Molecular formula, Chemical Abstracts Service (CAS) registry number: Graphic formula</i>
<i>DCI Proposée</i>	<i>Nom chimique ou description: Propriétés et indications: Formule brute, Numéro dans le registre du CAS: Formule développée</i>
<i>DCI Propuesta</i>	<i>Nombre químico o descripción: Acción y uso: Fórmula molecular, Número de registro del CAS: Fórmula desarrollada</i>

abipapogenum suvaplasmidum #	
abipapogene suvaplasmid	DNA plasmid encoding a mutation-inactivated human papillomavirus type 16 E6 / E7 fusion protein linked to the human cytokine CCL3L1 (chemokine (C-C motif) ligand 3-like 1) via a dimerization module consisting of upper and lower hinge regions and constant heavy chain domain from human immunoglobulin

	G3 (IgG3). Expression of the transgene is under control of a cytomegalovirus (CMV) promoter/enhancer and terminated by a rabbit β -globin polyadenylation signal. The plasmid also contains a kanamycin resistance gene, an immunostimulatory (CpG-rich) sequence and a pUC origin of replication <i>gene therapy (antineoplastic)</i>
abipapogène suvaplasmide	plasmide d'ADN codant une protéine de fusion E6 / E7 du papillomavirus humain de type 16, inactivée par mutation et liée à la cytokine humaine CCL3L1 (chimioquine(motif C-C) ligand 3-like 1) par l'intermédiaire d'un module de dimérisation constitué des régions charnières supérieure et inférieure, et d'un domaine de chaîne lourde invariante de l'immunoglobuline G3 (IgG3) humaine. L'expression du transgène est contrôlée par un promoteur/amplificateur du cytomégalo virus (CMV), et se termine par un signal de polyadénylation de la β -globine de lapin. Le plasmide contient également un gène de résistance à la kanamycine, une séquence immunostimulante (riche en CpG) et une origine de réplication pUC <i>thérapie génique (antineoplasique)</i>
abipapogén suvaplásmido	plásmido de ADN que codifica para una proteína de fusión E6/E7 del virus del papiloma humano tipo 16 inactivada por mutación y ligada a la citoquina humana CCL3L1 (ligando de quimioquina (motivo C-C) 1 similar a 3) a través de un módulo de dimerización que consiste en regiones bisagra superiores e inferiores y un dominio de la cadena pesada constante de la inmunoglobulina humana G3 (IgG3). La expresión del transgén está bajo el control de un promotor/potenciador del citomegalovirus (CMV) y terminada por una secuencia señal de poliadenilación de la β -globina de conejo. El plásmido también contiene un gen de resistencia a kanamicina, una secuencia inmunoestimuladora (rica en CpG) y un origen de replicación pUC. <i>terapia génica (antineoplásico)</i>
	2939766-18-2
actinium (²²⁵Ac) alpitatugum satetraxetanium #	
actinium (²²⁵ Ac) alpitatug satetraxetan	immunoglobulin G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> KLK2 (kallikrein-2, kallikrein peptidase 2, kallikrein 2 prostatic)], humanized monoclonal antibody, conjugated to <i>satetraxetan</i> (DOTA derivative) and radiolabelled with actinium-225; H-gamma1 heavy chain humanized (1-447) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV4-28*01 (90.7%) -(IGHD) - IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [9.7.10] (26-34.52-58.97-106)) (1-117) - <i>Homo sapiens</i> IGHG1*03v (100%) G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (214) (118-215), hinge 1-15 (216-230), CH2 (231-340), CH3 E12 (356), M14 (358) (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], (220-218')-disulfide

	with L-kappa light chain humanized (1'-218') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV4-1*01 (81.2%) - IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [10.3.9] (27'-36'.54'-56'.93'-101')) (1'-111') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (157'), V101 (195')) (112'-218'))]; dimer (226-226":229-229")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa; conjugated via the side chain nitrogen of an average of 3 lysine residues to actinium (²²⁵Ac) radiolabeled <i>rac</i>-(4-[[[(2R)-1,4,7,10-tetrakis(carboxymethyl)-1,4,7,10-tetraazacyclododecan-2-yl)methyl]phenyl]carbamothioyl (<i>satetraxetan</i>) <i>anti-kalikrein 2, antineoplastic</i>
actinium (²²⁵ Ac) alpitatug satétraxétan	immunoglobuline G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> KLK2 (kallikréine-2, kallikréine peptidase 2, kallikréine prostatique)], anticorps monoclonal humanisé; conjugué au <i>satétraxétan</i> (dérivé DOTA) et radiomarcué à l'actinium-225; chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-447) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV4-28*01 (90.7%) -(IGHD) - IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [9.7.10] (26-34.52-58.97-106)) (1-117) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*03v (100%) G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (214) (118-215), charnière 1-15 (216-230), CH2 (231-340), CH3 E12 (356), M14 (358) (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], (220-218')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-218') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV4-1*01 (81.2%) - IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [10.3.9] (27'-36'.54'-56'.93'-101')) (1'-111') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (157'), V101 (195')) (112'-218'))]; dimère (226-226":229-229")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa; conjugué par l'azote de la chaîne latérale de 3 résidus lysine en moyenne au <i>rac</i>-(4-[[[(2R)-1,4,7,10-tétrakis(carboxyméthyl)-1,4,7,10-tétraazacyclododécan-2-yl)méthyl]phényl]carbamothioyl (<i>satétraxétan</i>) et radiomarcué à l'actinium (²²⁵Ac) <i>anti-kalikréine 2, antinéoplasique</i>
actinio (²²⁵ Ac) alpitatug satetraxetán	immunoglobulina G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> KLK2 (kalikreína-2, kalikreína peptidasa 2, kalikreína prostática)], anticuerpo monoclonal humanizado; conjugado con <i>satetraxetán</i> (derivado DOTA) y radiomarcado con el actinium-225; cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-447) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV4-28*01 (90.7%) -(IGHD) - IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [9.7.10] (26-34.52-58.97-106)) (1-117) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*03v (100%) G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (214) (118-215), bisagra 1-15 (216-230), CH2 (231-340), CH3 E12 (356), M14 (358) (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], (220-218')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-218') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV4-1*01 (81.2%) - IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [10.3.9] (27'-36'.54'-56'.93'-101')) (1'-111') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (157'), V101 (195')) (112'-218'))]; dímero (226-226":229-229")-

bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa; conjugado por el nitrógeno de la cadena lateral de 3 residuos de lisina en promedio al *rac*-(4-[[[(2*R*)-1,4,7,10-tetrakis(carboximetil)-1,4,7,10-tetraazaciclododecan-2-il]metil]fenil]carbamoiloil (*satetraxetán*) y radiomarcado con el actinium (²²⁵Ac)
anticlicreína 2, antineoplásico

2921676-06-2

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QVQLQESGPG	LVKPSDTLSL	TCAVSGNSIT	SDYAWNWIQ	PPGKGLEWIG	50
YISYSGSTTY	NPSLKSRTVM	SRDTSKNQFS	LKLSSVTAVD	TAVIYCATGY	100
YYGSGFWQGG	TLVTVSSAST	KGPSVFPLAP	SSKSTSGGTA	ALGCLVKDYF	150
PEPVTVSWNS	GALTSGVHTF	PAVLQSSGLY	SLSSVTVTPS	SSLGTQTYIC	200
NVNHKPSNTK	VDKKVEPKSC	DKTHTCPCPC	APELLGGPSV	FLFPPKPKDT	250
LMISRTPEVT	CVVVDVSHED	PEVKFNWYVD	GVEVHNAKTK	PREEQYNSTY	300
RVVSVLTVLH	QDWLNGKEYK	CKVSNKALPA	PIEKTISKAK	GQPREPQVYT	350
LPPSREEMTK	NQVSLTCLVK	GFYPSDIAVE	WESNGQPENN	YKTTTPPVLD	400
DGSFFLYSKL	TVDKSRWQQG	NVFSCSVMHE	ALHNHYTQKS	LSLSPGK	447

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

DIVLTQSPDS	LAVSLGERAT	INCKASESVE	YFGTSLMHWY	QQKPGQPPKL	50
LIYAASNRES	GVPDRFSGSG	SGTDFTLTIS	SLQAEDVAVY	YCQTRKVPY	100
TFGQGTGLEI	KRTVAAPSVF	IFPPSDEQLK	SGTASVVCCL	NNFYPREAKV	150
QWKVDNALQS	GNSQESVTEQ	DSKDSTYSL	STLTLSKADY	EKHKVYACEV	200
THQGLSSPVT	KSFNRGEC				218

Post-translational modifications

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

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

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

Inter-H-L (h 5-CL 126) 220-218' 220"-218"

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

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: 297, 297"

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

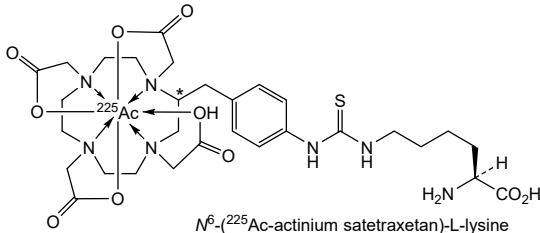
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: 447, 447"

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

K (65,246,248,392,49',130',211',65",246",248",392",49"',130"',211"')

*(*satetraxetan*:mAb ~ 3:1)



adargiminasum #

adargiminase L-methionyl albumin binding domain fragment (2-47 in the current sequence) derived from protein G of *Streptococcus* sp. G148 fused via peptide linker ⁴⁸SGSNNNNNNNGSGG⁶⁰ to *Mycoplasma arginini* arginine deiminase (EC:3.5.3.6, arginine dihydrolase) (61-469 in the current sequence), produced in *Escherichia coli* antineoplastic

adargiminase L-méthionyl fragment du domaine de liaison à l'albumine (2-47 dans la séquence actuelle) dérivé de la protéine G de *Streptococcus* sp. G148 fusionné, via un peptide liant ⁴⁸SGSNNNNNNGSG⁶⁰, à l'arginine désiminase de *Mycoplasma arginini* (EC:3.5.3.6, arginine dihydrolase) (61-469 dans la séquence actuelle), produit chez *Escherichia coli* *antinéoplasique*

adargiminasa L-metionil fragmento del dominio G de union a albúmina (2-47 en la secuencia actual) derivado de la proteína G de *Streptococcus* sp. G148 fusionado a través del enlace peptídico ⁴⁸SGSNNNNNNGSGG⁶⁰ al *Mycoplasma arginini* arginina deiminasa (EC:3.5.3.6, arginina dihidrolasa) (61-469 en la secuencia actual), producido en *Escherichia coli* *antineoplásico*

2756760-23-1

Sequence / Séquence / Secuencia

MLAEAKVLAN	RELDKYGVS	YKKNLINNAK	TVEGVKALID	EILAALPSSGS	50
NNNNNNNGSGG	SVFDSKFQGI	HVYSBIEGLE	SVLVHEPGRE	IDYITTPARLD	100
ELLFSAILES	HDARKEHKQF	VAEUKKANDIN	VVELIDLVAE	TYDLASQEAKE	150
DKLIEEFLED	SEPVLSSEHK	VVVRNFLAK	KTSRELVLME	MAGITKYDGLG	200
IEADHELIVD	PMPNLYFTDR	PFASVNGVGT	IHYMYKVRG	RETFLFSRFVF	250
SNHPKLINTP	WYYPDLSKLS	IEGGDVFYIN	NDTLVVGVS	RTDLQTVTLL	300
AKNIVANKE	EKKRIVAINV	PKWTNLMHLD	TWLTMLDKDK	FLYSPINDV	350
PKFWDYDLVN	GGAEPQPVEN	GLPLEGLLQS	IINKKPVLP	IAGEGASQME	400
IERETHFPDGT	WYLAIKRPVY	IGYSRNEKTN	AALAEAGTKV	LPHGNQLCSM	450
GMGNARCQMS	PLSRKIDPVK				469

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión

 $^{48}\text{SGSNNNNNNGSGG}^{60}$

Post-translational modifications

none / aucun / ninguna

afimkibartum

afimkibart immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TNFSF15 (tumor necrosis factor (TNF) superfamily member 15, vascular endothelial cell growth inhibitor, VEGI, VEGI192A, TNF superfamily ligand TL1A)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-18*01 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (92.3%) M123>T (119), CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, G1v14-1 CH2 A1.3, A1.2, A1 (CH1 R120>K (221) (125-222), hinge 1-15 (223-237), CH2 L1.3>A (241), L1.2>A (242), G1>A (244)(238-347), CH3 E12 (363), M14 (365) (348-452), CHS K2>del (453)) (125-453)], (227-214')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*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, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimer (233-233":236-236")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1SV lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, glycoform alfa
tumor necrosis factor-like ligand 1A (TL1A) blocker, anti-inflammatory

afimkibart

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TNFSF15 (membre 15 de la superfamille du facteur de nécrose tumorale (TNF), inhibiteur de la croissance des cellules endothéliales vasculaires, VEG1, VEG1192A, ligand TL1A de la superfamille du TNF)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*; chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-18*01 (92.9%) -(IGHD) - IGHJ3*01 (92.3%) M123>T (119), CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, G1v14-1 CH2 A1.3, A1.2, A1 (CH1 R120>K (221) (125-222), charnière 1-15 (223-237), CH2 L1.3>A (241), L1.2>A (242), G1>A (244)(238-347), CH3 E12 (363), M14 (365) (348-452), CHS K2>del (453)) (125-453)], (227-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*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, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimère (233-233":236-236")-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
bloqueur du ligand 1A (TL1A) de type facteur de nécrose tumorale, anti-inflammatoire

afimkibart

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TNFSF15 (miembro 15 de la superfamilia del factor de necrosis tumoral (TNF), inhibidor del crecimiento de las células endoteliales vasculares, VEG1, VEG1192A, ligando TL1A de la superfamilia del TNF)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*; cadena pesada H-gamma1 *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-18*01 (92.9%) -(IGHD) - IGHJ3*01 (92.3%) M123>T (119), CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, G1v14-1 CH2 A1.3, A1.2, A1 (CH1 R120>K (221) (125-222), bisagra 1-15 (223-237), CH2 L1.3>A (241), L1.2>A (242), G1>A (244)(238-347), CH3 E12 (363), M14 (365) (348-452), CHS K2>del (453)) (125-453)], (227-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*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, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dímero (233-233":236-236")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1SV en ausencia del gen de la glutamina sintetasa (GS-KO), forma glicosilada alfa
bloqueador del ligando 1A (TL1A) del factor de necrosis tumoral, antiinflamatorio

2911580-96-4

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYDFT YYGISWVRQA PGQGLEWMGW 50
ISTYNQNTYH ARLMLQGRVTM TTDTSRTAY MELRLSRSD TAVYYCAREN 100
YYGSGAYRGG MDVWGQGTTV TVSSASTKGP SVFPLAPSSK STSGGTAALG 150
CLVKDYFPEP VTVSWNSGAL TSGVHTFFAV LQSSGLYSL SVVTVPSSSL 200
GTQTYICNVN HKPSNTKVDK KVEPKSCDKT HTCPPCPAPE AAGAPSVFLF 250
PPKPKDTLMI SRTPEVTCVV VDVSHEDPEV KFNWYVDGVE VHNAKTKPRE 300
EQYNSTYRVV SVLTVLHQDW LNKKEYKCKV SNKALPAPIE KTISKAKGQP 350
REPVYTLFP SREEMTKNQV SLTCLVKGFY PSDIAVEWES NGQPPENNYKT 400
TPFVLDSDGS FFLYSKLTVD KSRWQQGNVF SCSVMHEALH NHYTKQKSLSL 450
SPG 453

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
EIVLTQSPAT LSLSPGERAT LSCRASQSVS SYLAWYQQKP GQAPRLLIYD 50
ASNATGIPA RFSGSGSGTD FTLTISSLEP EDFAVYYCQQ RSNWPWTFQG 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLNNFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 151-207 268-328 374-432
22"-96" 151"-207" 268"-328" 374"-432"
Intra-L (C23-C104) 23'-88' 134'-194'
23'''-88''' 134'''-194'''
Inter-H-L (h 5-CL 126) 227-214' 227"-214"
Inter-H-H (h 11, h 14) 233-233" 236-236"

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

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

alcestobartum #
alcestobart

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* LAG3 (lymphocyte activating 3, lymphocyte-activation 3, CD223)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;
H-gamma4 heavy chain *Homo sapiens* (1-439) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-20*04 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.5] (26-33.51-58.97-101)) (1-112) -*Homo sapiens* IGHG4*01, *nG4m(a)* CH2 L92, G4v5 h P10(CH1 (113-210), hinge 1-12 S10>P (220) (211-222), CH2 L92 (301) (223-332), CH3 (333-437), CHS (438-439)) (113-439)], (126-215')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (95.8%) -IGKJ2*01 (81.8%) EIK125-127>TVLG (105'-108'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (154'), V101 (192')) (109'-215')]; dimer (218-218":221-221")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
immunostimulant, antineoplastic

alcestobart

immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* LAG3 (activateur 3 des lymphocytes, lymphocyte-activation 3, CD223)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;
chaîne lourde H-gamma4 *Homo sapiens* (1-439) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-20*04 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.5] (26-33.51-58.97-101)) (1-112)-*Homo sapiens* IGHG4*01, *nG4m(a)* CH2 L92, G4v5 h P10(CH1 (113-210), charnière 1-12 S10>P (220) (211-222), CH2 L92 (301) (223-332),

	CH3 (333-437), CHS (438-439)) (113-439)], (126-215')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa <i>Homo sapiens</i> (1'-215') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 (95.8%) -IGKJ2*01 (81.8%) EIK125-127>TVLG (105'-108'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-108') - <i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (154'), V101 (192')) (109'-215')]; dimère (218-218":221-221")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa <i>immunostimulant, antinéoplastique</i>																																																																																						
alcestobart	inmunoglobulina 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 H-gamma4 <i>Homo sapiens</i> (1-439) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-20*04 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.5] (26-33.51-58.97-101)) (1-112) -<i>Homo sapiens</i> IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10(CH1 (113-210), bisagra 1-12 S10>P (220) (211-222), CH2 L92 (301) (223-332), CH3 (333-437), CHS (438-439)) (113-439)], (126-215')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa <i>Homo sapiens</i> (1'-215') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 (95.8%) -IGKJ2*01 (81.8%) EIK125-127>TVLG (105'-108'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-108') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (154'), V101 (192')) (109'-215')]; dímero (218-218":221-221")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa <i>inmuoestimulante, antineoplásico</i>																																																																																						
	2888563-73-1 Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada <table><tr><td>QVQLQESGGG VVRPGGSLRL SCAASGFTFD</td><td>DYGMSWRQA</td><td>PGKLEWVSG</td><td>50</td></tr><tr><td>INWSGGSTYY ADSVKGRSTI SRDNSKNTLY</td><td>LQMNSLRAED</td><td>TAVYYCATGG</td><td>100</td></tr><tr><td>YWGQGTLLTVT SSASTKGPSV FPLAPCSRST</td><td>SESTAALGCL</td><td>VKDYFPEPVT</td><td>150</td></tr><tr><td>VSWSNGALTS GVHTFPAVLQ SSGLYLSLV</td><td>VTVPSSSLGT</td><td>KYTCNVDPK</td><td>200</td></tr><tr><td>PSNTKVDKRV ESKYGPCCPP CPAPEFLGGP</td><td>SVFLFFPKPK</td><td>DTLMISRTPE</td><td>250</td></tr><tr><td>VTCVVVDVSG EDPEVQFNWY VDGVEVHNK</td><td>TKPREEQFNS</td><td>TYRVVSVLTV</td><td>300</td></tr><tr><td>LHQDWLNGKE YKCKVSNKGL PSSIEKTISK</td><td>AKGQPREPQV</td><td>YTLPPSQEEM</td><td>350</td></tr><tr><td>TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE</td><td>NNYKTTTPVL</td><td>DSGDSFFLYS</td><td>400</td></tr><tr><td>RLTVDKSRWQ EGNVFCSCVM HEALHNHYTQ</td><td>KSLSLSLGK</td><td></td><td>439</td></tr></table> Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera <table><tr><td>DIRLTQSPSS LSASVGDRTV ITCRASQGIS</td><td>SYLNWYQKPK</td><td>GKAPKLLIYA</td><td>50</td></tr><tr><td>ASSLQGGGPS RFSGSGSGTD FTLTISSLQP</td><td>EDSATYYCQ</td><td>SYSTPYTFGQ</td><td>100</td></tr><tr><td>GTKLTLVLGR VAAPSVFIFP PSDEQLKSGT</td><td>ASVVCLLNPF</td><td>YPREAKVQWK</td><td>150</td></tr><tr><td>VDNALQSGNS QESVTEQDSK DSTYISLSSTL</td><td>TLSKADYEKH</td><td>KVYACEVTHQ</td><td>200</td></tr><tr><td>GLSSPVTKSF NRGEC</td><td></td><td></td><td>215</td></tr></table> Post-translational modifications Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro <table><tr><td>Intra-H (C23-C104)</td><td>22-96</td><td>139-195</td><td>253-313</td><td>359-417</td></tr><tr><td></td><td>22"-96"</td><td>139"-195"</td><td>253"-313"</td><td>359"-417"</td></tr><tr><td>Intra-L (C23-C104)</td><td>23'-88'</td><td>135'-195'</td><td></td><td></td></tr><tr><td></td><td>23"-88"</td><td>135"-195"</td><td></td><td></td></tr><tr><td>Inter-H-L (CH1 10-CL 126)</td><td></td><td>126-215'</td><td>126"-215"</td><td></td></tr><tr><td>Inter-H-H (h 8, h 11)</td><td></td><td>218-218"</td><td>221-221"</td><td></td></tr></table> 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 VH N57: 52, 52" No glycans / Pas de glycanes / Sin glicanos 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 biantenarios complejos fucosilados C-terminal lysine clipping / Coupeure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal H CHS K2: 439, 439"	QVQLQESGGG VVRPGGSLRL SCAASGFTFD	DYGMSWRQA	PGKLEWVSG	50	INWSGGSTYY ADSVKGRSTI SRDNSKNTLY	LQMNSLRAED	TAVYYCATGG	100	YWGQGTLLTVT SSASTKGPSV FPLAPCSRST	SESTAALGCL	VKDYFPEPVT	150	VSWSNGALTS GVHTFPAVLQ SSGLYLSLV	VTVPSSSLGT	KYTCNVDPK	200	PSNTKVDKRV ESKYGPCCPP CPAPEFLGGP	SVFLFFPKPK	DTLMISRTPE	250	VTCVVVDVSG EDPEVQFNWY VDGVEVHNK	TKPREEQFNS	TYRVVSVLTV	300	LHQDWLNGKE YKCKVSNKGL PSSIEKTISK	AKGQPREPQV	YTLPPSQEEM	350	TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE	NNYKTTTPVL	DSGDSFFLYS	400	RLTVDKSRWQ EGNVFCSCVM HEALHNHYTQ	KSLSLSLGK		439	DIRLTQSPSS LSASVGDRTV ITCRASQGIS	SYLNWYQKPK	GKAPKLLIYA	50	ASSLQGGGPS RFSGSGSGTD FTLTISSLQP	EDSATYYCQ	SYSTPYTFGQ	100	GTKLTLVLGR VAAPSVFIFP PSDEQLKSGT	ASVVCLLNPF	YPREAKVQWK	150	VDNALQSGNS QESVTEQDSK DSTYISLSSTL	TLSKADYEKH	KVYACEVTHQ	200	GLSSPVTKSF NRGEC			215	Intra-H (C23-C104)	22-96	139-195	253-313	359-417		22"-96"	139"-195"	253"-313"	359"-417"	Intra-L (C23-C104)	23'-88'	135'-195'				23"-88"	135"-195"			Inter-H-L (CH1 10-CL 126)		126-215'	126"-215"		Inter-H-H (h 8, h 11)		218-218"	221-221"	
QVQLQESGGG VVRPGGSLRL SCAASGFTFD	DYGMSWRQA	PGKLEWVSG	50																																																																																				
INWSGGSTYY ADSVKGRSTI SRDNSKNTLY	LQMNSLRAED	TAVYYCATGG	100																																																																																				
YWGQGTLLTVT SSASTKGPSV FPLAPCSRST	SESTAALGCL	VKDYFPEPVT	150																																																																																				
VSWSNGALTS GVHTFPAVLQ SSGLYLSLV	VTVPSSSLGT	KYTCNVDPK	200																																																																																				
PSNTKVDKRV ESKYGPCCPP CPAPEFLGGP	SVFLFFPKPK	DTLMISRTPE	250																																																																																				
VTCVVVDVSG EDPEVQFNWY VDGVEVHNK	TKPREEQFNS	TYRVVSVLTV	300																																																																																				
LHQDWLNGKE YKCKVSNKGL PSSIEKTISK	AKGQPREPQV	YTLPPSQEEM	350																																																																																				
TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE	NNYKTTTPVL	DSGDSFFLYS	400																																																																																				
RLTVDKSRWQ EGNVFCSCVM HEALHNHYTQ	KSLSLSLGK		439																																																																																				
DIRLTQSPSS LSASVGDRTV ITCRASQGIS	SYLNWYQKPK	GKAPKLLIYA	50																																																																																				
ASSLQGGGPS RFSGSGSGTD FTLTISSLQP	EDSATYYCQ	SYSTPYTFGQ	100																																																																																				
GTKLTLVLGR VAAPSVFIFP PSDEQLKSGT	ASVVCLLNPF	YPREAKVQWK	150																																																																																				
VDNALQSGNS QESVTEQDSK DSTYISLSSTL	TLSKADYEKH	KVYACEVTHQ	200																																																																																				
GLSSPVTKSF NRGEC			215																																																																																				
Intra-H (C23-C104)	22-96	139-195	253-313	359-417																																																																																			
	22"-96"	139"-195"	253"-313"	359"-417"																																																																																			
Intra-L (C23-C104)	23'-88'	135'-195'																																																																																					
	23"-88"	135"-195"																																																																																					
Inter-H-L (CH1 10-CL 126)		126-215'	126"-215"																																																																																				
Inter-H-H (h 8, h 11)		218-218"	221-221"																																																																																				

aleniglipronum

aleniglipron

(3⁴S,6¹S,6²S)-1⁴-(diethylphosphoryl)-3²-(4-fluoro-3,5-dimethylphenyl)-3⁴,6²-dimethyl-1³-(methylamino)-5⁵-(oxan-4-yl)-3²,3⁴,3⁶,3⁷-tetrahydro-2²H-3(3,5)-pyrazolo[4,3-c]pyridina-5(2,1)-indola-7(3)-[1,2,4]oxadiazola-2(1,3)-imidazola-1(1)-benzena-6(1,1)-cyclopropanaheptaphane-2²,4,7⁵(7²H)-trione
glucagon-like peptide 1 (GLP-1) receptor agonist

aléniglipron

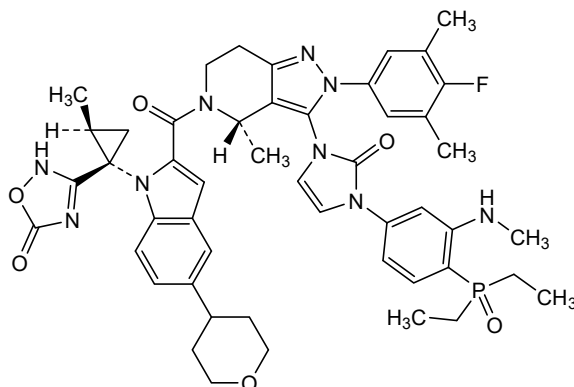
(3⁴S,6¹S,6²S)-1⁴-(diethylphosphoryl)-3²-(4-fluoro-3,5-dimethylphenyl)-3⁴,6²-dimethyl-1³-(methylamino)-5⁵-(oxan-4-yl)-3²,3⁴,3⁶,3⁷-tetrahydro-2²H-3(3,5)-pyrazolo[4,3-c]pyridina-5(2,1)-indola-7(3)-[1,2,4]oxadiazola-2(1,3)-imidazola-1(1)-benzena-6(1,1)-cyclopropanaheptaphane-2²,4,7⁵(7²H)-trione
agoniste du récepteur du peptide 1 de type glucagon (GLP-1)

alenigliprón

(3⁴S,6¹S,6²S)-1⁴-(diethylfosforil)-3²-(4-fluoro-3,5-dimetilfenil)-3⁴,6²-dimetil-1³-(metilamino)-5⁵-(oxan-4-il)-3²,3⁴,3⁶,3⁷-tetrahidro-3(3,5)-pirazolo[4,3-c]piridina-5(2,1)-indola-7(3)-[1,2,4]oxadiazola-2(1,3)-imidazola-1(1)-bencena-6(1,1)-ciclopropanaheptafano-2²,4,7⁵(7²H)-triona
agonista del receptor del péptido 1 similar al glucagón (GLP-1)

C₄₉H₅₅FN₉O₆P

2685823-26-9

**aletekitugum #**

aletekitug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL18 (interleukin 18, IL-18, interferon gamma-inducing factor, IGIF, interleukin-1 gamma, IL-1G, IL1F4)], humanized monoclonal antibody; H-gamma1 heavy chain humanized (1-456) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-24*01 (82.7%) - (IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.19] (26-33.51-58.97-115)) (1-126) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (223) (127-224), hinge 1-15 (225-239), CH2 (240-349), CH3 D12 (365), L14 (367) (350-454), CHS (455-456)) (127-456)], (229-214')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*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, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191'')) (108'-214'')]; dimer (235-235'':238-238'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DG44, glycoform alfa
anti-inflammatory

alétékitug immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL18 (interleukine 18, IL-18, facteur inducteur d'interferon gamma, IGIF, interleukine-1 gamma, IL-1G, IL1F4)], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-456) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-24*01 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.19] (26-33.51-58.97-115)) (1-126) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (223) (127-224), charnière 1-15 (225-239), CH2 (240-349), CH3 D12 (365), L14 (367) (350-454), CHS (455-456)) (127-456)], (229-214')- disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*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, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimère (235-235":238-238")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DG44, glycoforme alfa *anti-inflammatoire*

aletekitug inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL18 (interleukina 18, IL-18, factor inductor del interferón gamma, IGIF, interleukina-1 gamma, IL-1G, IL1F4)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-456) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-24*01 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.19] (26-33.51-58.97-115)) (1-126) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (223) (127-224), bisagra 1-15 (225-239), CH2 (240-349), CH3 D12 (365), L14 (367) (350-454), CHS (455-456)) (127-456)], (229-214')- disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*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, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dímero (235-235":238-238")- bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DG44, forma glicosilada alfa *antiinflamatorio*

2923284-67-5

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
GYQLVQSGAE VKKPGASVKV SKVSGEIST GYFHWVRQA PGKGLEWMGR 50
IDPEDDSTKY AERFKDRVTM TEDTSDTAY MELSSLRSED TAVYYCTTWR 100
IYRDSSGRPF YVMDAWGGGT LVTVSSASTK GPSVFPLAPS SKSTSGGTAA 150
LGCLVKDYFP EPVTVSWNSG ALTSCVHTFP AVLQSSGLYS LSSVTVFPSS 200
SLGTQTYICN VNHKPSNTKV DKKVEPKSCD KTHCTCPCPA PELLGGPSVF 250
LFFPKPKDTL MISRTPEVTC VVVDVSHEDP EVKENWYVDG VEVHNAKTKP 300
REEQYNSTYR VSVSLTVLHQ DWLNGKEYKC KVSNAKALPAP IEKTIKAKG 350
QPREPQVYTL PPSRDELTKN QVSLTCLVKG FYPSDIAVEW ESNQGPENNY 400
KTTTPVLDSG GSFFLYSKLT VDKSRWQQGN VFSCSVMHEA LHNHYTQKSL 450
SLSPGK 456

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIQMTQSPSS VSASVGDRTV ITCLASEDIY TYLTWYQQKP GKAPKLLIYG 50
ANKLQDGVPS RFSGSGSGTD YTLTISSLQP EDFATYYCLO GSKFPLTFGQ 100
GTKLEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNFFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSRD STYLSSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 153-209 270-330 376-434
22"-96" 153"-209" 270"-330" 376"-434"
Intra-L (C23-C104) 23'-88' 134'-194'
23'''-88''' 134'''-194'''
Inter-H-L (h 5-CL 126) 229-214' 229"-214"
Inter-H-H (h 11, h 14) 235-235" 238-238"

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

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 306, 306"
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: 456, 456"

alizulatidum vixocianinum

alizulatide vixocianine

N-{6-[(2 Ξ)-2-{(2 Ξ ,4 Ξ ,6 Ξ)-7-[1,1-dimethyl-3-(4-sulfonatobutyl)-1*H*-benzo[*e*]indol-3-ium-2-yl]hepta-2,4,6-trienylidene)-1,1-dimethyl-1,2-dihydro-3*H*-benzo[*e*]indol-3-yl]hexanoyl}-L- α -glutamyl-L- α -glutamyl-L- α -aspartyl-3-cyclohexyl-L-alanyl-L-phenylalanyl-D-seryl-D-arginyl-L-tyrosyl-L-leucyl-L-tryptophyl-L-serine
diagnostic imaging agent

alizulatide vixocianine

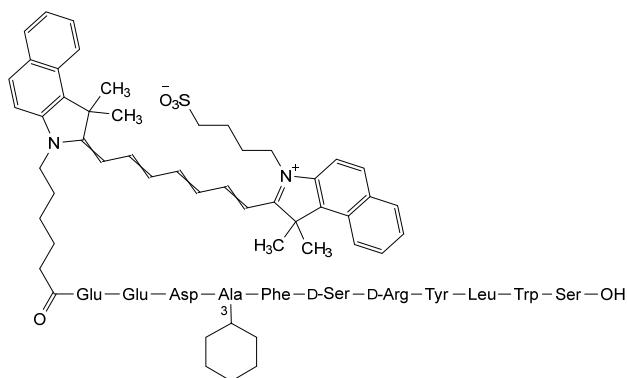
N-{6-[(2 Ξ)-2-{(2 Ξ ,4 Ξ ,6 Ξ)-7-[1,1-diméthyl-3-(4-sulfonatobutyl)-1*H*-benzo[*e*]indol-3-ium-2-yl]hepta-2,4,6-trién-1-ylidène)-1,1-diméthyl-1,2-dihydro-3*H*-benzo[*e*]indol-3-yl]hexanoyl}-L- α -glutamyl-L- α -glutamyl-L- α -aspartyl-3-cyclohexyl-L-alanyl-L-phénylalanyl-D-séryl-D-arginyl-L-tyrosyl-L-leucyl-L-tryptophyl-L-sérine
agent d'imagerie diagnostique

alizulatida vixocianina

N-{6-[(2 Ξ)-2-{(2 Ξ ,4 Ξ ,6 Ξ)-7-[1,1-dimetil-3-(4-sulfonatobutil)-1*H*-benzo[*e*]indol-3-io-2-il]hepta-2,4,6-trien-1-ilideno)-1,1-dimetil-1,2-dihidro-3*H*-benzo[*e*]indol-3-il]hexanoilo}-L- α -glutamil-L- α -glutamil-L- α -aspartil-3-ciclohexil-L-alanil-L-fenilalanil-D-seril-D-arginil-L-tirosil-L-leucil-L-triptofil-L-serina
agente de diagnóstico

C₁₁₅H₁₄₅N₁₇O₂₅S

2924859-51-6

**alpitatugum #**

alpitatug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* KLK2 (kallikrein-2, kallikrein peptidase 2, kallikrein 2 prostatic)], humanized monoclonal antibody;

H-gamma1 heavy chain humanized (1-447) [VH (*Homo sapiens*IGHV4-28*01 (90.7%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [9.7.10] (26-34.52-58.97-106)) (1-117) -*Homo sapiens*IGHG1*03v (100%) G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (214) (118-215), hinge 1-15 (216-230), CH2 (231-340), CH3 E12 (356), M14 (358) (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], (220-218')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-218') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV4-1*01 (81.2%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [10.3.9] (27'-36'.54'-56'.93'-101'')) (1'-111') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (157'), V101 (195')) (112'-218')]; dimer (226-226'':229-229'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa
anti-kallikrein 2

alpitatug immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* KLK2 (kallikréine-2, kallikréine peptidase 2, kallikréine prostatique)], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-28*01 (90.7%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [9.7.10] (26-34.52-58.97-106)) (1-117) -*Homo sapiens* IGHG1*03v (100%) G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (214) (118-215), charnière 1-15 (216-230), CH2 (231-340), CH3 E12 (356), M14 (358) (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], (220-218')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-218') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (81.2%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [10.3.9] (27'-36'.54'-56'.93'-101')) (1'-111') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (157'), V101 (195')) (112'-218')]; dimère (226-226":229-229")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa
anti-kalikréine 2

alpitatug inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* KLK2 (kalikreína-2, kalikreína peptidasa 2, kalikreína prostática)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-28*01 (90.7%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [9.7.10] (26-34.52-58.97-106)) (1-117) -*Homo sapiens* IGHG1*03v (100%) G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (214) (118-215), bisagra 1-15 (216-230), CH2 (231-340), CH3 E12 (356), M14 (358) (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], (220-218')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-218') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (81.2%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [10.3.9] (27'-36'.54'-56'.93'-101')) (1'-111') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (157'), V101 (195')) (112'-218')]; dímero (226-226":229-229")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa
anticalicreína 2

2921676-05-1

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada		
QVQLQESGPG	LVPKPSD	TC
YISYSGSTTY	NPSLKS	SR
YYGSGTGWGQ	TLTVTSS	AST
PEPVTVS	WNS	GALTSGVHTF
NVNHKPSNTK	VDKKVEPKSC	DKTHTCPPCP
LMISRTPEVT	CVVVDVSHED	PEVKFNWYVD
RVVSVTLTVLH	QDWLNGKEYK	CKVSNKALP
LPPSREEMTK	NQVSLTCLVK	GFYP
DGSFFLYSKL	TVDKSRWQGL	NVFC
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera		
DIVLTQSPDS	LAVSLGERAT	INCKASESVE
LIYAASNRES	GVPDRFSGSG	SGTDFTLTIS
TFGQGT	KLEI	KRTVAAPSVF
QWKVDNALQS	GNSQESVTEQ	DSK
THQGLSPPTV	KSFNRGEC	

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 144-200 261-321 367-425
22"-96" 144"-200" 261"-321" 367"-425"
Intra-L (C23-C104) 23'-92" 138"-198"
23'"-92'" 138'"-198'"
Inter-H-L (h 5-CL 126) 220-218' 220"-218"
Inter-H-H (h 11, h 14) 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 biantenarios complejos fucosilados

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

amezovateinum # amezovatein	human varicella-zoster virus also known as human herpesvirus 3 (HHV-3, human alphaherpesvirus 3) envelope glycoprotein E (gE) fragment (1-507), produced in Chinese hamster ovary (CHO) DG44(S) cells, glycoform alfa <i>immunological agent for active immunization (anti-varicella zoster)</i>
amézosvatéine	fragment (1-507) de la glycoprotéine d'enveloppe E (gE) du virus varicelle-zona humain, connu également sous le nom d'herpèsvirus humain de type 3 (HVV-3, alphaherpèsvirus 3 humain), produit dans des cellules ovariennes DG44(S) de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa <i>agent immunologique d'immunisation active (anti-varicelle-zona)</i>
amezovateína	fragmento (1-507) de la glicoproteína de envoltura E (gE) del virus de la varicela-zóster humano, también conocido como herpesvirus humano de tipo 3 (HVV-3, alphaherpésvirus humano 3), producido en células DG44(S) de ovario de hámster chino (CHO), glicoconforme alfa <i>agente inmunológico para la inmunización activa (antivaricela-zóster)</i>

2857842-69-2

Sequence / Séquence / Secuencia	
SVLRYDDFHT DEDKLDTSNV YEPYYHSDHA ESSWVNRGES SRKAYDHNSP	50
YIWPRNDYDG FLENAHEHHG VYNQGRGIDS GERLMQPTQM SAQEDLGDDT	100
GIHVIPTLNG DDRHKIVNVD QRQYGDVFKG DLNPKPQQQR LIEVSVVEENH	150
PFTLRAPIQR IYGVRYTETW SFLPSLCTCG DAAPAIQHIC LKHHTCFQDV	200
VVDVDCAENT KEDQLAEISY RFQGGKEADQ PWIVVNTSTL FDELELDPPE	250
IEPGVLKVLR TEKQYLGVIY WNMGRSDGTS TYATFLVTWK GDEKTRNPTP	300
AVTPQPRGAE FHMWNYHSHV FSVGDTFSLA MHLQYKIHEA PFDLLEWLW	350
VPIDPTCQPM RLYSTCLYHP NAPQCLSHMN SGCTFTSPHL AQRVASTVYQ	400
NCEHADNYTA YCLGISHMEP SFGILHDGG TTLKFVDTPPE SLGGLYVFFVV	450
YFNGHVEAVA YTVVSTVDHF VNAIEERGFP PTAGQPPATT KPKEITPVNP	500
GTSPLLR	507

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
178-190, 196-206, 357-383, 366-375, 402-412

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
236, 407

O-glycosylation sites / Sites de O-glycosylation / Posiciones de O-glicosilación
S49, S91, T107, T195, T299, T303

Deamidation sites / Sites de désamidation / Posiciones de desamidación
N73, N407 and N453

Oxidation site / Site de désamidation / Posición de desamidación
M379

Phosphorylation site / Site de désamidation / Posición de desamidación
S80

amimestrocelum amimestrocel	allogeneic mesenchymal stromal cells (MSC) derived from umbilical cord tissue and Wharton's jelly. The tissue is enzymatically digested, and the cells cultured in a serum-free medium supplemented with epidermal growth factor (EGF) and basic fibroblast growth factor (bFGF) and then cryopreserved. The cells are positive (≥95%) for the mesenchymal stromal cell surface markers CD10, CD73, CD90, and CD105, and are negative (≤2%) for CD14, CD19, CD31, CD34, CD45 and HLA class II histocompatibility antigen (HLA-DR) gamma chain markers. The cells
---------------------------------------	--

	secrete prostaglandin E2 (PGE2), interleukin 6 (IL-6), hepatocyte growth factor (HGF), transforming growth factor alpha (TGF-α), and can be induced by interferon gamma (IFN-γ) to express indoleamine 2,3-dioxygenase 1 (IDO-1). The cells can be induced to differentiate into adipogenic, osteogenic and chondrogenic lineages <i>in vitro</i>. The cells demonstrate inhibitory effects in an <i>in vitro</i> T lymphocyte proliferation assay <i>cell therapy (acute graft versus host disease)</i>
amimestrocel	cellules stromales mésenchymateuses allogéniques (CSM) dérivées du tissu du cordon ombilical et de la gelée de Wharton. Le tissu est digéré enzymatiquement, et les cellules sont cultivées dans un milieu sans sérum, additionné de facteur de croissance épidermique (EGF) et de facteur de croissance des fibroblastes de type 2 (FGF2), qui sont cryoconservées. Les cellules sont positives ($\geq 95\%$) pour les marqueurs de surface des cellules stromales mésenchymateuses CD10, CD73, CD90 et CD105, et négatives ($\leq 2\%$) pour les marqueurs de la chaîne gamma CD14, CD19, CD31, CD34, CD45 et les antigènes du complexe majeur d'histocompatibilité de classe II (HLA-DR). Les cellules sécrètent la prostaglandine E2 (PGE2), l'interleukine-6 (IL-6), le facteur de croissance transformant alpha (TGF-α), et peuvent être induites par l'interféron gamma (IFN-γ) pour exprimer l'indoléamine-2,3-dioxygénase de type 1 (IDO-1). Les cellules peuvent se différencier en lignées adipogènes, ostéogènes et chondrogènes <i>in vitro</i>. Les cellules présentent des effets inhibiteurs, lors d'un essai <i>in vitro</i> de prolifération des lymphocytes T <i>thérapie cellulaire (maladie aiguë du greffon contre l'hôte)</i>
amimestrocel	células estromales mesenquimales (CEM) alogénicas derivadas de tejido de cordón umbilical y gelatina de Wharton. El tejido se digiere enzimáticamente y las células se cultivan en medio sin suero suplementado con factor de crecimiento epidérmico (EGF) y factor de crecimiento de fibroblastos básico (bFGF) y después se criopreservan. Las células son positivas ($\geq 95\%$) para los marcadores de superficie de células estromales mesenquimales CD10, CD73, CD90 y CD105 y son negativas ($\leq 2\%$) para los marcadores CD14, CD19, CD31, CD34, CD45 y la cadena gamma del antígeno de histocompatibilidad HLA de clase II (HLA-DR). Las células secretan prostaglandina E2 (PGE2), interleuquina 6 (IL-6), factor de crecimiento de hepatocitos (HGF), factor de crecimiento transformante alfa (TGF-α) y pueden ser inducidas mediante interferón gamma (IFN-γ) a expresar indoleamina 2,3-dioxygenasa 1 (IDO-1). Las células pueden ser inducidas a diferenciarse <i>in vitro</i> a los linajes adipogénico, osteogénico y condrogénico. Las células demuestran efectos inhibidores en un ensayo de proliferación de linfocitos T <i>in vitro</i> <i>terapia celular (enfermedad del injerto contra huésped)</i>

amogammadexum

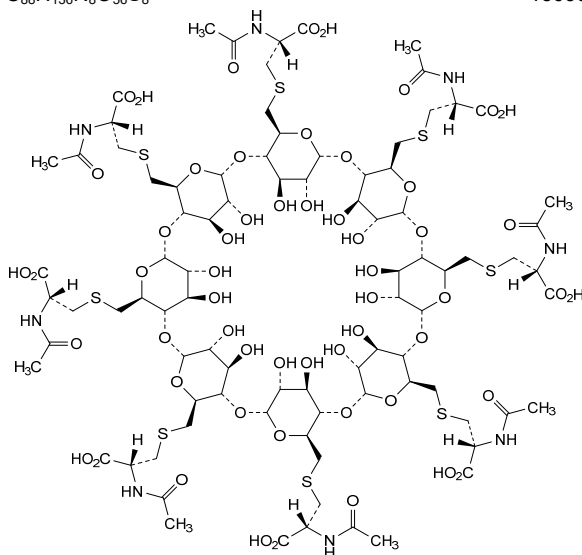
amogammadex cyclooctakis-(1→4)-{6-S-[(2*R*)-2-acetamido-2-carboxyethyl]-6-thio-α-D-glucopyranosyl}
rocuronium and vecuronium reversal agent

amogammadex cyclooctakis-(1→4)-{6-S-[(2*R*)-2-acétamido-2-carboxyéthyl]-6-thio-α-D-glucopyranosyl}
agent de réversion du rocuronium et du vécuronium

amogammadex ciclooctakis-(1→4)-{6-S-[(2*R*)-2-acetamido-2-carboxietil]-6-tio-α-D-glucopiranosilo}
agente de reversión de rocuronio y vecuronio

C₈₈H₁₃₆N₈O₅₆S₈

1309580-40-2

**amtabafuspum alfa #**

amtabafusp alfa humanized immunoglobulin G1-lambda anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)] monomer disulfide bridged to human T-cell surface glycoprotein CD4 extracellular domain 1, engineered to bind human immunodeficiency virus gp120 envelope glycoprotein, fused to an Fc fragment of human immunoglobulin G1;
 gamma 1 heavy chain (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-72*01 -(IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.19.14] (31-35.50-68.101-114)) (1-125) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (CH1 R²²²>K (126-223), hinge (224-238), CH2 L²⁴²>A, L²⁴³>A, P³³⁹>S (239-348), CH3 T³⁷⁴>S, L³⁷⁶>A, Y⁴¹⁵>V, H⁴⁴³>R (349-453), CHS (454-455)) (126-455)], (228-214')-disulfide with lambda light chain (1'-215') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV7-46*01 -IGLJ3*02, CDR-Kabat [14.7.9] (23'-36'.52'-58'.91'-99')) (1'-109') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (110'-215')]; human T-cell surface glycoprotein CD4 extracellular domain 1 [mutant L⁵>Y, S²³>N, A⁵⁵>V, I⁷⁶>P, L⁹⁶>V, F⁹⁸>V] (fragment 1"-99"), fused via a ¹⁰⁰GS¹⁰¹ peptide linker to an Fc fragment of immunoglobulin 1 [*Homo sapiens* IGHG1*03, hinge (102"-111", N-terminal EPKSC deleted), CH2 L¹¹⁵>A, L¹¹⁶>A, M¹³³>Y, S¹³⁵>T, T¹³⁷>E, P²¹²>S (112"-221"), CH3 T²⁴⁷>W (222"-326"), CHS (327"-328")) (102"-328")]; heterodimer (234-107", 237-110")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells,
 glycoform alfa
antiviral

amtabafusp alfa

immunoglobuline G1-lambda humanisée anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], monomère, disulfure ponté au domaine extracellulaire 1 de la glycoprotéine de surface des lymphocytes T humains CD4, modifiée pour se lier à la glycoprotéine d'enveloppe gp120 du virus de l'immunodéficience humaine, fusionnée à un fragment Fc de la chaîne lourde gamma 1 l'immunoglobuline G1 humaine G1; chaîne lourde gamma 1 (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-72*01 -(IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.19.14] (31-35.50-68.101-114)) (1-125) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (CH1 R²²²>K (126-223), charnière (224-238), CH2 L²⁴²>A, L²⁴³>A, P³³⁹>S (239-348), CH3 T³⁷⁴>S, L³⁷⁶>A, Y⁴¹⁵>V, H⁴⁴³>R (349-453), CHS (454-455)) (126-455)], (228-214')-disulfure avec la chaîne légère lambda (1'-215') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV7-46*01 -IGLJ3*02, CDR-Kabat [14.7.9] (23'-36'.52'-58'.91'-99')) (1'-109') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (110'-215')]; domaine extracellulaire 1 de la glycoprotéine de surface des lymphocytes T CD4 humains [mutant L^{5'}>Y, S^{23'}>N, A^{55'}>V, I^{76'}>P, L^{96'}>V, F^{98'}>V] (fragment 1"-99"), fusionné à l'aide du coupleur peptidique ^{100'}GS^{101'} à un fragment Fc de l'immunoglobuline G1 [*Homo sapiens* IGHG1*03, charnière (102"-111", N-terminale EPKSC déléetée), CH2 L^{115"}>A, L^{116"}>A, M^{133"}>Y, S^{135"}>T, T^{137"}>E, P^{212"}>S (112"-221"), CH3 T^{247"}>W (222"-326"), CHS (327"-328") (102"-328")]; hétérodimère (234-107", 237-110")-bisdisulfure, produite dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa
antiviral

amtabafusp alfa

immunoglobulina G1-lambda humanizada anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 épsilon, Leu-4)] monómero con puente disulfuro al dominio extracelular 1 de la glicoproteína CD4 de superficie de de linfocitos T humanos, diseñado para unirse a la glicoproteína de envoltura gp120 del virus de la inmunodeficiencia humana, fusionado a un fragmento Fc de inmunoglobulina humana G1; cadena pesada gamma 1 (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-72*01 -(IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.19.14] (31-35.50-68.101-114)) (1-125) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (CH1 R²²²>K (126-223), bisagra (224-238), CH2 L²⁴²>A, L²⁴³>A, P³³⁹>S (239-348), CH3 T³⁷⁴>S, L³⁷⁶>A, Y⁴¹⁵>V, H⁴⁴³>R (349-453), CHS (454-455)) (126-455)], (228-214')-disulfuro con cadena ligera lambda (1'-215') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV7-46*01 -IGLJ3*02, CDR-Kabat [14.7.9] (23'-36'.52'-58'.91'-99')) (1'-109') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (110'-215')]; dominio extracelular 1 de la glicoproteína de superficie de los linfocitos T CD4 humanos [mutante L^{5'}>Y, S^{23'}>N, A^{55'}>V, I^{76'}>P, L^{96'}>V, F^{98'}>V] (fragmento 1"-99"), fusionado a través de un enlace peptídico ^{100'}GS^{101'} a un fragmento Fc de la inmunoglobulina 1 [*Homo sapiens* IGHG1*03, bisagra N-terminal EPKSC eliminada (102"-111"), CH2 L^{115"}>A, L^{116"}>A, M^{133"}>Y, S^{135"}>T, T^{137"}>E, P^{212"}>S (112"-221"), CH3 T^{247"}>W (222"-326"), CHS (327"-328") (102"-328")]; heterodímero (234-107", 237-110")-bisdisulfuro, producido en células ováricas de hámster Chino (CHO), glicofoma alfa
antiviral

Sequence / Séquence / Secuencia	
Heavy chain (H):	
EVQLVESGGG LVPGGSLRL SCAASGFTFN TYAMNWVRQA PGKGLEWVGR	50
IRSKNNNYAT YYADSVKSRF TISRDDSKNS LYLEMNSLRT EDTAVYYCVR	100
HGNFGHSYVS WFAYWGQGTLL VTVSSASTKG PSVFPLAPSS KSTSGGTAAL	150
GCLVKDYFPE PVTVSWSNSGA LTSGVHTFPA VLQSSGLYSLL SSVVTVPSSS	200
LGTQTYICNV NHKPSNTKVD KKVEPKSCDK THTCPPCPAP E AGGSPSVFL	250
FPFKPKDTLM ISRTPEVTCV VVDVSHEDPE VKFNWYVDGV EVHNAKTKPR	300
EEQYNSTYRV VSVLTVLHQD WLNKEYKCK VSNKALP A SI EKTISKAKGQ	350
PREPQVYTLF PSREEMTKNQ V SL S A VKGF YPSDIAVEWE SNGQPENNYK	400
TPPPVLDSDG SFFLY S KLTV DKSRWQQGNV FSCSVMEAL H RYTQKSL	450
LSPGK	455
Light chain (L):	
QAVVTQEPSTL TVSPGGTVTL TCGSSTGAVT TGHYANWVQQ KPGQAPRGLI	50
GGTSNRAPGV PARFSGSLLG GKAALTISGA QPEDEAEYYC ALWYSNRWVF	100
GGGTKLTVLG QPKAAPSVTL FPPSSEELQA NKATLVCLIS DFYPGAVTVA	150
WKADSSPVKA GVETTPPSKQ SNNKYAASSY LSLTPQWKS HRSYSCQVTH	200
EGSTVEKTV PTECS	215
CD4 domain 1-IgG1 Fc (H ^u):	
K KVV V GK K G D T VEL T C T A S Q K K N I Q F H W K N S N Q I K I L G N Q G S F L T K G P S K	50
L N D R V D S R R S L W D Q N F L I I K N L K P E D S D T Y I C E V E D Q K E E V Q L V V G G	100
S D K T H T C P P C P A P E A A G G P S V F L F P P K P K D T L Y I T R E P E V T C V V V D V S H E	150
D P E V F N V Y D G V E V H N A K T K P R E E Q Y N S T Y R V V S V L T V L H Q D W L N G K E Y	200
K C K V S N K A L P A S I E K T I S K A K Q Q P R E P Q V Y T L P P S R E E M T K N Q V S L T C L V	250
K G F Y P S D I A V E W E S N G Q P E N N Y K T T P P V L D S D G S F F L Y S K L T V D K S R W Q Q	300
G N V F S C S V M H E A L H N H Y T Q K S L S L S P G K	328
Mutations / Mutations / Mutaciones	
IgG1 heavy chain: L ²⁴² > A , L ²⁴³ > A , P ³³⁹ > S , T ³⁷⁴ > S , L ³⁷⁶ > A , Y ⁴¹⁵ > V , H ⁴⁴³ > R	
CD4 domain 1-IgG1 Fc: L ⁵ > Y , S ²³ > N , A ⁵⁵ > V , I ⁷⁶ > P , L ⁹⁶ > V , F ⁹⁸ > V , L ¹¹⁵ > A , L ¹¹⁶ > A , M ¹³³ > Y , S ¹³⁵ > I , T ¹³⁷ > E , P ²¹² > S , T ²⁴⁷ > W	
Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión	
100 ^{GS} 101 ["]	
Post-translational modifications	
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro	
Intra heavy chain: 22-98, 152-208, 269-329, 375-433	
Intra light chain: 22'-90', 137'-196'	
Intra CD4 domain 1-IgG1 Fc: 16"-84", 142"-202", 248"-306"	
Inter heavy chain - light chain: 228-214'	
Inter heavy chain - CD4 domain 1-IgG1 Fc: 234-107", 237-110"	
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación	
Heavy chain: N305	
CD4 domain 1-IgG1 Fc: N178"	
N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal	
Light chain: Q1'> pyroglutamyl (pE, 5-oxo-L-prolyl)	
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal	
455 (heavy chain); 328" (CD4 domain 1-IgG1 Fc)	

armocibartum #
armocibart

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* TFPI (tissue factor pathway inhibitor, extrinsic pathway inhibitor, EPI, lipoprotein-associated coagulation inhibitor, LACI)];
H-gamma4 heavy chain (1-448) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus*IGHV1-81*01 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (83.3%) A128>S (121)/*Homo sapiens* IGHV1-18*01 (77.6%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)] (1-121) -*Homo sapiens* IGHG4*01, *nG4m(a)* CH2 L92, G4v5 h P10 (CH1 (122-219), hinge 1-12 S10>P (229) (220-231), CH2 L92 (310) (232-341), CH3 (342-446), CHS (447-448)) (122-448)], (135-219')-disulfide with L-kappa light chain (1'-219') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus*

	<i>musculus</i> IGKV1-135*01 (86.0%) -IGKJ2*03 (81.8%) S120>Q (105') , L124>V (109')/<i>Homo sapiens</i> IGKV2-29*02 (84.0%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102')) (1'-112') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219'))]; dimer (227-227":230-230")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa <i>tissue factor pathway inhibitor (TFPI) inhibitor, procoagulant</i>
armocibart	immunoglobuline G4-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> TFPI (inhibiteur de la voie du facteur tissulaire, inhibiteur de la voie extrinsèque, EPI, inhibiteur de la coagulation associé aux lipoprotéines, LACI)]; chaîne lourde H-gamma4 (1-448) [VH Musmus/Homsap (<i>Mus musculus</i> IGHV1-81*01 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (83.3%) A128>S (121)/<i>Homo sapiens</i> IGHV1-18*01 (77.6%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -<i>Homo sapiens</i> IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10(CH1 (122-219), charnière 1-12 S10>P (229) (220-231), CH2 L92 (310) (232-341), CH3 (342-446), CHS (447-448)) (122-448)], (135-219')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa (1'-219') [V-KAPPA Musmus/Homsap (<i>Mus musculus</i> IGKV1-135*01 (86.0%) -IGKJ2*03 (81.8%) S120>Q (105') , L124>V (109')/<i>Homo sapiens</i> IGKV2-29*02 (84.0%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102')) (1'-112') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219'))]; dimère (227-227":230-230")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa <i>inhibiteur de l'inhibiteur de la voie du facteur tissulaire (TFPI), procoagulant</i>
armocibart	inmunoglobulina G4-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> TFPI (inhibidor de la vía del factor tisular, inhibidor de la vía extrínseca, EPI, inhibidor de la coagulación asociada con las lipoproteínas, LACI)]; cadena pesada H-gamma4 (1-448) [VH Musmus/Homsap (<i>Mus musculus</i> IGHV1-81*01 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (83.3%) A128>S (121)/<i>Homo sapiens</i> IGHV1-18*01 (77.6%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -<i>Homo sapiens</i> IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10(CH1 (122-219), bisagra 1-12 S10>P (229) (220-231), CH2 L92 (310) (232-341), CH3 (342-446), CHS (447-448)) (122-448)], (135-219')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa (1'-219') [V-KAPPA Musmus/Homsap (<i>Mus musculus</i> IGKV1-135*01 (86.0%) -IGKJ2*03 (81.8%) S120>Q (105') , L124>V (109')/<i>Homo sapiens</i> IGKV2-29*02 (84.0%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102')) (1'-112') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219'))]; dímero (227-227":230-230")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa <i>inhibidor del inhibidor de la vía del factor histórico, procoagulante</i>

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYSFT SYGISWVKQA PGQGLEWIGE 50
IYPRSTNTYY NEKFMGKATL TADKSSSTAY MELSSSLRSED TAVYYCARES 100
FYGDYGAMDF WGQGTLTIVTS SASTKGPSVF FLAPCSRSTS ESTAALGCLV 150
KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS SGLYSLSSVV TVPSSSLGTK 200
TYTCNVDHKP SNTKVDKRVE SKYGGPPCPPC PAPEFLGGPS VFLFPPKPKD 250
TLMISRTPEV TCVVVDVSQE DPEVQFNWYV DGEVHNAKT KPREEQFNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKGLP SSIETKISKA KGQPREPQVY 350
TLPPSQEEMT KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD 400
SDGSFFLYSR LTVDKSRWQE GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSLGK 448

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIVLTQSPPLS LPVTPGEPAS IFCKSSQSLL ESGKTYLINW LLQKPGQSPQ 50
RLIYLVSKLD SGVPRDFSGS GSGTDFTLKI SRVEAEDVGV YYCSQGTHFP 100
RTFGQGTKVE IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVVCL LNNFYPREAK 150
VQWKVDNALQ SGNQSQESVTE QDSKDYSTSL SSTLTLSKAD YEKHKVYACE 200
VTHQGLSPV TKSFNRGEC 219

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22"-96" 148"-204" 262"-322" 368"-426"
22"-96" 148"-204" 262"-322" 368"-426"
Intra-L (C23-C104) 23"-93" 139"-199"
23"-93" 139"-199"
Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 135"-219" 135"-219"
Inter-H-H (h 8, h 11) 227"-227" 230"-230"

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal
Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl) / pyroglutamyne (pE, 5-oxoprolyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)
H 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"

arvenacogenum sanparvovecum #

arvenacogene sanparvovec recombinant non-replicating adeno-associated virus serotype 5 (AAV5) vector encoding a codon-optimized gain of function variant (Padua variant, R338L) of human coagulation factor IX (FIX), under the control of a murine liver-specific transthyretin (TTR) promoter and human growth hormone polyadenylation signal, flanked by AAV2 inverted terminal repeats. A human beta-globin intron has been inserted between the promoter and the FIX coding region. The virus vector also contains mutations in the viral AAV5 capsid protein VP1 (S2A and T711S) *gene therapy (hemophilia B)*

arvénacogène sanparvovec vecteur recombinant, non réplcatif, du virus adéno-associé de sérotype 5 (AAV5) modifié, codant un variant de gain de fonction optimisé par codon (variant Padoue, R338L) du facteur IX de coagulation humain (FIX), sous contrôle d'un promoteur spécifique de la transthyréline hépatique murine (TTR) et d'un signal de polyadénylation de l'hormone de croissance humaine, flanqué de répétitions terminales inversées de l'AAV2. Un intron de bêta-globine humaine a été inséré entre le promoteur et la région codante FIX. Le vecteur viral contient également des mutations dans la protéine de capsid VP1 de l'AAV5 (S2A et T711S) *thérapie génique (hémophilie B)*

arvenacogén sanparvovec vector de virus adenoasociado del serotipo 5 (modificado) (AAV5), recombinante, no replicativo, que codifica, con codones optimizados, para una variante con ganancia de función (variante Padua, R338L) del factor de coagulación IX (FIX) humano, bajo el control de un promotor específico de hígado de la transtirretina (TTR) murina y una señal de poliadenilación de la hormona de crecimiento humana, flanqueado por las repeticiones terminales invertidas del AAV2. Se ha insertado un intrón de la beta-globina humana entre el promotor y la región codificante de FIX. El vector viral también contiene mutaciones en la proteína de la cápsida VP1 de AAV5 (S2A y T711S)
terapia génica (hemofilia B)

2891724-48-2

asaretocloxum

asaretoclox

1³-(difluoromethyl)-N-[4-({[(1*r*,4*r*)-4-hydroxy-4-methylcyclohexyl]methyl}amino)-3-nitrobenzene-1-sulfonyl]-2⁵,2⁵-dimethyl-6-oxa-7(5)-pyrrolo[2,3-*b*]pyridina-4(1,4)-piperazina-5(1,3)-benzena-2(1,2)-cyclohexana-1(1)-bicyclo[1.1.1]pentanaheptaphane-2¹-ene-5⁴-carboxamide
B-cell lymphoma 2 (Bcl-2) inhibitor, antineoplastic

asarétoclox

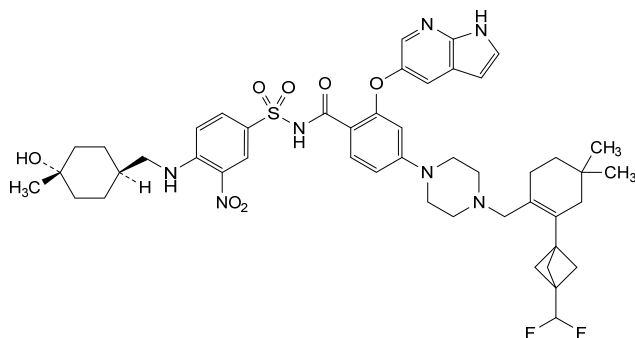
1³-(difluorométhyl)-N-[4-({[(1*r*,4*r*)-4-hydroxy-4-méthylcyclohexyl]méthyl}amino)-3-nitrobenzène-1-sulfonyl]-2⁵,2⁵-diméthyl-6-oxa-7(5)-pyrrolo[2,3-*b*]pyridina-4(1,4)-pipérazina-5(1,3)-benzéna-2(1,2)-cyclohexana-1(1)-bicyclo[1.1.1]pentanaheptaphane-2¹-ène-5⁴-carboxamide
inhibiteur du lymphome à cellules B 2 (Bcl-2), antinéoplasique

asaretoclox

1³-(difluorometil)-N-[4-({[(1*r*,4*r*)-4-hidroxi-4-metilciclohexil]metil}amino)-3-nitrobenzeno-1-sulfonyl]-2⁵,2⁵-dimetil-6-oxa-7(5)-pirrolo[2,3-*b*]piridina-4(1,4)-piperazina-5(1,3)-bencena-2(1,2)-ciclohexana-1(1)-biciclo[1.1.1]pentanaheptafano-2¹-eno-5⁴-carboxamida
inhibidor del linfoma de células B 2 (Bcl-2), antineoplásico

C₄₇H₅₇F₂N₇O₇S

2363074-01-3

**atenastobartum #**

atenastobart

immunoglobulin G1-lambda2, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF9 (TNF receptor superfamily member 9, 4-1BB, T cell antigen ILA, CD137)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;

	H-gamma1 heavy chain <i>Homo sapiens</i> (1-450) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-21*01 (90.8%) -(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, CH3 E12, M14, G1v85 CH2 W1.2, N1.1, D30, K115, G1v87 CH2 R94, CH3 R1.2 (CH1 R120 (219) (123-220), hinge 1-15 (221-235), CH2 L1.2>W (240), G1.1>N (241), H30>D (273), Q94>R (316), A115>K (335) (236-345), CH3 E12 (361), M14 (363), P1.2>R (348) (346-450), CHS G1>del, K2>del) (123-450)], (225-215')-disulfide with L-lambda2 light chain <i>Homo sapiens</i> (1'-216') [V-LAMBDA (<i>Homo sapiens</i> IGLV2-8*01 (93.5%) - IGLJ3*02 (100%), CDR-IMGT [9.3.10] (26'-34'.52'-54'.91'-100')) (1'-110') -<i>Homo sapiens</i> IGLC2*01 (100%) (C-LAMBDA2) (111'-216')]]; dimer (231-231'':234-234'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DXB11, glycoform alfa <i>immunostimulant, antineoplastic</i>
aténastobart	immunoglobuline G1-lambda2, 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>; chaîne lourde H-gamma1 <i>Homo sapiens</i> (1-450) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-21*01 (90.8%) -(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, CH3 E12, M14, G1v85 CH2 W1.2, N1.1, D30, K115, G1v87 CH2 R94, CH3 R1.2 (CH1 R120 (219) (CH1 R120 (219) (123-220), charnière 1-15 (221-235), CH2 L1.2>W (240), G1.1>N (241), H30>D (273), Q94>R (316), A115>K (335) (236-345), CH3 E12 (361), M14 (363), P1.2>R (348) (346-450), CHS G1>del, K2>del) (123-450)], (225-215')-disulfure avec la chaîne légère L-lambda2 <i>Homo sapiens</i> (1'-216') [V-LAMBDA (<i>Homo sapiens</i> IGLV2-8*01 (93.5%) - IGLJ3*02 (100%), CDR-IMGT [9.3.10] (26'-34'.52'-54'.91'-100')) (1'-110') -<i>Homo sapiens</i> IGLC2*01 (100%) (C-LAMBDA2) (111'-216')]]; dimère (231-231'':234-234'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DXB11, glycoforme alfa <i>immunostimulant, antinéoplastique</i>
atenastobart	immunoglobulina G1-lambda2, 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>; cadena pesada H-gamma1 <i>Homo sapiens</i> (1-450) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-21*01 (90.8%) -(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, CH3 E12, M14, G1v85 CH2 W1.2, N1.1, D30, K115, G1v87 CH2 R94, CH3 R1.2 (CH1 R120 (219) (CH1 R120 (219) (123-220), bisagra 1-15 (221-235), CH2 L1.2>W (240), G1.1>N (241), H30>D (273), Q94>R (316), A115>K (335) (236-345), CH3 E12 (361), M14 (363), P1.2>R (348) (346-450), CHS G1>del, K2>del) (123-450)], (225-215')-disulfuro con la cadena ligera L-lambda2 <i>Homo sapiens</i> (1'-216') [V-LAMBDA (<i>Homo sapiens</i> IGLV2-8*01 (93.5%) - IGLJ3*02 (100%), CDR-IMGT [9.3.10] (26'-34'.52'-54'.91'-100')) (1'-110') -<i>Homo sapiens</i> IGLC2*01 (100%) (C-LAMBDA2) (111'-216')]]; dímero (231-231'':234-234'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DXB11, forma glicosilada alfa <i>inmunostimulante, antineoplásico</i>

2817644-49-6

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada			
EVQLVESGGG	LVKPGGSLRL	SCAASGFTFS	TFTMNWVRQA PGKGLEWVSS 50
ISSKGSYIEY	AESFKVRFTI	SRDNAKNSLY	LQMNSLRAED TAVYYCARYG 100
IKNELNWFVD	YWGQGLTVTV	SSASTKGPSV	FPLAPSSKST SGGTAALGCL 150
VKDYFPPEPVT	VSWSNGALTS	GVHTFFPAVLQ	SSGLYSLSVV VTVPSSSLGT 200
QTYICNVNHK	PSNTKVDKRV	EPKSCDKTHT	CPPCPAPELW NGPSVFLFPP 250
KEPKDTLMISR	TPEVTCVVVD	VSDDEDEVKF	NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ 300
YNSTYRVVSV	LTVLHRDNLN	GKEYCKKVSN	KALPKPIEKT ISKAKGQRRE 350
PQVYTLPPSR	EEMTKNQVSL	TCLVKGFYPS	DIAVEWESNG QPENNYKTP 400
PVLDSDGSFF	LYSKLTVDKS	RWQQGNVFSC	SVMHEALHNH YTQKSLSLSP 450

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera			
QSALTQPPSA	SGSPGQTVTI	SCTGTSTDVG	YYEYVSWYQQ HPGKAPKLM 50
YETSKRLSGV	PDRFSGSKSG	NTASLTVSL	QAEDADYYC SSRYEHQVS 100
FGGGTKLTVL	GQPKAAPSVT	LFPPSSEELQ	ANKATLVCLI SDFYPGAVTV 150
AWKADSSPVK	AGVETTTPSK	QSNKYAASS	YLSLTPEQWK SHRSYSCQVT 200
HEGSTVEKTV	APTECS		216

Post-translational modifications				
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro				
Intra-H (C23-C104)	22-96	149-205	266-326	372-430
	22"-96"	149"-205"	266"-326"	372"-430"
Intra-L (C23-C104)	22'-90'	138'-197'		
	22'''-90'''	138'''-197'''		
Inter-H-L (h 5-CL 126)	225-215'	225"-215"		
Inter-H-H (h 11, h 14)	231-231"	234-234"		

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal
Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl) / pyroglutamyle (pE, 5-oxoprolyle) / 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: 302, 302"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados

atirmociclibum
atirmociclib

(3*S*,4*R*)-4-({5-chloro-4-[4-fluoro-2-(2-hydroxypropan-2-yl)-1-(propan-2-yl)-1*H*-1,3-benzimidazol-6-yl]pyrimidin-2-yl}amino)oxan-3-ol
cyclin-dependent kinase (CDK) inhibitor, antineoplastic

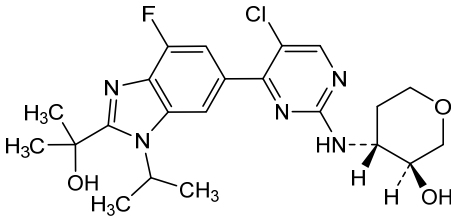
atirmociclib

(3*S*,4*R*)-4-({5-chloro-4-[4-fluoro-2-(2-hydroxypropan-2-yl)-1-(propan-2-yl)-1*H*-1,3-benzimidazol-6-yl]pyrimidin-2-yl}amino)oxan-3-ol
inhibiteur de la kinase cycline-dépendante (CDK), antinéoplasique

atirmociclib

(3*S*,4*R*)-4-({5-cloro-4-[4-fluoro-2-(2-hidroxiopropan-2-il)-1-(propan-2-il)-1*H*-1,3-bencimidazol-6-il]pirimidin-2-il}amino)oxan-3-ol
inhibidor de la kinasa dependiente de ciclinas (CDK), antineoplásico

C₂₂H₂₇ClFN₅O₃ 2380321-51-5



azerutamigum #
 azerutamig

immunoglobulin (H-gamma1_L-kappa)_scFvkh-H-gamma1(h-CH2-CH3), anti-[*Homo sapiens* KLRK1 (killer cell lectin like receptor K1, NKG2D, KLR, NKG2-D, CD314)] and anti-[*Homo sapiens* ERBB2 (epidermal growth factor receptor 2, receptor tyrosine-protein kinase erbB-2, EGFR2, HER2, HER-2, p185c-erbB2, NEU, CD340)], *Homo sapiens* and humanized monoclonal antibody, bispecific;
 H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens*, anti-KLRK1 (1-451) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-21*01 (100%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) - *Homo sapiens*IGHG1*01 G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v75 CH3 C5, G1v90 E16, W88 (CH1 K120 (219) (123-220), hinge 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 Y5>C (354), D12 (361), L14 (363), K16>E (365), K88>W (414) (346-450), CHS K2>del (451)) (123-451)], (225-214')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens*, anti-KLRK1 (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-12*01 (97.9%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')];
 scFvkh-G1(h-CH2-CH3) heavy chain humanized, anti-ERBB2 (1"-475") [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-39*01 (86.3%) -IGKJ1*01 (90.9%) Q120>C (100"), CDR-IMGT [6.3.9] (27"-32".50"-52".89"-97")) (1"-107") -20-mer tetrakis(tetraglycyl-seryl) linker (108"-127") -VH (*Homo sapiens*IGHV3-66*01 (80.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (153"-160".178"-185".224"-236")) (128"-247") -2-mer alanyl-seryl linker (248"-249") -*Homo sapiens*IGHG1*01 h-CH2-CH3 G1m1 CH3 D12, L14, G1v74 CH3 C10, G1v91 R3, V84.2, T85.1 (hinge 6-15 (250"-259"), CH2 (260"-369"), CH3 Q3>R (376"), S10>C (383"), D12 (385"), L14 (387"), D84.2>V (428"), F85.1>T (434") (370"-474"), CHS K2>del (475")) (250"-475")]; dimer (231-255": 234-258":354-383")-trisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
 antineoplastic

azérutamig

immunoglobuline (H-gamma1_L-kappa)_scFvkh-H-gamma1(h-CH2-CH3), anti-[*Homo sapiens* KLRK1 (récepteur lectine like K1 de cellule tueuse, NKG2D, KLR, NKG2-D, CD314)] et anti-[*Homo sapiens* ERBB2 (récepteur 2 du facteur de croissance épidermique, récepteur tyrosine-protéine kinase erbB-2, EGFR2, HER2, HER-2, p185c-erbB2, NEU, CD340)], anticorps monoclonal *Homo sapiens* et humanisé, bispécifique;
 chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens*, anti-KLRK1 (1-451) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-21*01 (100%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) - *Homo sapiens*IGHG1*01 G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v75 CH3 C5, G1v90 E16, W88 (CH1 K120 (219) (123-220), charnière 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 D12 (361), L14 (363), Y5>C (354), K16>E (365), K88>W (414) (346-450), CHS K2>del (451)) (123-451)], (225-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens*, anti-KLRK1 (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-12*01 (97.9%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')];

azerutamig

chaîne lourde scFvkh-G1(h-CH2-CH3) humanisée, anti-ERBB2 (1"-475") [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (86.3%) -IGKJ1*01 (90.9%) Q120>C (100"), CDR-IMGT [6.3.9] (27"-32".50"-52".89"-97")) (1"-107") -20-mer tétrakis(tétraglycyl-séryl) linker (108"-127") -VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (80.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (153"-160".178"-185".224"-236")) (128"-247") -2-mer alanyl-séryl linker (248"-249") -*Homo sapiens* IGHG1*01 h-CH2-CH3, G1m1 CH3 D12, L14, G1v74 CH3 C10, G1v91 R3, V84.2, T85.1 (charnière 6-15 (250"-259"), CH2 (260"-369"), CH3 Q3>R (376"), S10>C (383"), D12 (385"), L14 (387"), D84.2>V (428"), F85.1>T (434") (370"-474"), CHS K2>del (475")) (250"-475"); dimère (231-255": 234-258":354-383")-trisdifluore, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa antinéoplasique

immunoglobulina (H-gamma1_L-kappa)_scFvkh-H-gamma1(h-CH2-CH3), anti-[*Homo sapiens* KLRK1 (receptor lectina like K1 de células tumorales, NKG2D, KLR, NKG2-D, CD314)] y anti-[*Homo sapiens* ERBB2 (receptor 2 del factor de crecimiento epidérmico, receptor tirosina-proteína quinasa erbB-2, EGFR2, HER2, HER-2, p185c-erbB2, NEU, CD340)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens* y humanizado, biespecífico; cadena pesada H-gamma1 *Homo sapiens*, anti-KLRK1 (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-21*01 (100%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) -*Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17.1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v75 CH3 C5, G1v90 E16, W88 (CH1 K120 (219) (123-220), bisagra 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 D12 (361), L14 (363), Y5>C (354), K16>E (365), K88>W (414) (346-450), CHS K2>del (451)) (123-451)], (225-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa *Homo sapiens*, anti-KLRK1 (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (97.9%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; cadena pesada scFvkh-G1(h-CH2-CH3) humanizada, anti-ERBB2 (1"-475") [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (86.3%) -IGKJ1*01 (90.9%) Q120>C (100"), CDR-IMGT [6.3.9] (27"-32".50"-52".89"-97")) (1"-107") -20-mer tétrakis(tétraglicil-seril) linker (108"-127") -VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (80.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (153"-160".178"-185".224"-236")) (128"-247") -2-mer alanil-seril linker (248"-249") -*Homo sapiens* IGHG1*01 h-CH2-CH3, G1m1 CH3 D12, L14, G1v74 CH3 C10, G1v91 R3, V84.2, T85.1 (bisagra 6-15 (250"-259"), CH2 (260"-369"), CH3 Q3>R (376"), S10>C (383"), D12 (385"), L14 (387"), D84.2>V (428"), F85.1>T (434") (370"-474"), CHS K2>del (475")) (250"-475"); dímero (231-255": 234-258":354-383")-trisdifluore, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa antineoplásico

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: H-gamma1 anti-KLRK1 (H)	
EVQLVESGGG LVKPGGSLRL SCAASGFTFS SYSMNWVRQA PGKGLEWVSS	50
ISSSSSIYY ADSVKGRTFI SRDnaknsly LQMNSLRAED TAVYYCARGA	100
PMGAAAGWFD FWGQGTLVTV SSASTKGSPV FPLAPSSKST SGGTAALGCL	150
VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ SSGLYSLSSV VTFPSSSLGT	200
QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSCDKTHT CPPCPAPELL GGPSVFLFPP	250
KPKDTLMISR TPEVTCVVVD VSHEDPEVKF NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ	300
YNSTYRVVSV LTVLHQDWLNL GKEYCKKVSN KALPAPIEKT ISKAKGQPRE	350
PQVCTLPPSR DELTENQVSL TCLVKGFYPS DIAVEWESNG QPENNYKTPT	400
PVLDSDGSFF LYSWLTVDKS RWQQGNVFSC SVMHEALHNNH YTKQSLSLSP	450
G	451
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: L-kappa anti-KLRK1 (L')	
DIQMTQSPSS VSASVGDRVT ITCRASQGIS SWLAWYQQKP GKAPKLLIYA	50
ASSLQSGGVPV RFGSGSGTD FTLTISSLQP EDFATYYCQQ GVSFPRTEGG	100
GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV	150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG	200
LSSPVTKSFN RGEK	214
Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: scFvk anti-ERBB2 -H-gamma1 (h-CH2-CH3) (H'')	
DIQMTQSPSS VSASVGDRVT ITCRASQDVN TAVAWYQQKP GKAPKLLIYS	50
ASFLYSGVPS RFGSGRSGTD FTLTISSLQP EDFATYYCQQ HYTPPTFGC	100
GTKVEIKGGG GSGGGGSGGG GSGGGGSEVQ LVESGGGLVQ PGGSRLRSCA	150
ASGFNIKDTY IHWVRQAPGK CLEWVARIYP TNGYTRYADS VKGRFTISAD	200
TSKNTAYLQM NSLRAEDTAV YYCSRWGGDG FYAMDYWGQG TLTVSSASD	250
KTHTCPPCPA PELLGGPSVF LFPPKPKDTL MISRTPEVTC VVVDVSHEDP	300
EVKFNWYVDG VEVHNAKTKP REEQYNSTYR VVSVLTVLHQ DWLNGKEYCK	350
KVSNKALPAP IEKTIKAKG QPREPRVYTL PPCRDELTKN QVSLTCLVKG	400
FYPSDIAVEW ESNQGPENNY KTTTPVLVSD GSFTLYSKLT VDKSRWQQGN	450
VFSCVMHEA LHNHYTQKSL SLSPG	475
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
	23"-88" 149"-223" 290"-350" 396"-454"
Intra-H scFv VL120-VH49*	100"-171"
Intra-L (C23-C104)	23'-88" 134'-194'
Inter-H-L (CH1 10-CL 126)	225-214'
Inter-H-H (h 8, h 11)	231-255" 234-258"
Inter-H-H (CH3 C5-C10)**	354-383"
*engineered additional disulfide bond C120 (VL)-C49 (VH) to stabilize the scFv (variant scFv-v2).	
**variants Glv75 (CH3 C5) and Glv74 (CH3 C10) creating an additional inter-H-H disulfide bond.	
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación	
H CH2 N84.4: 302, 326"	
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados.	

balinatunfibum
balinatunfib

(7*R*,14*R*)-11-[2-(1-aminocyclobutyl)pyrimidin-5-yl]-1-(difluoromethoxy)-6-methyl-6,7-dihydro-7,14-methano[1,3]benzimidazo[1,2-*b*][2,5]benzodiazocin-5(14*H*)-one
tumor necrosis factor (TNF) signaling inhibitor

balinatunfib

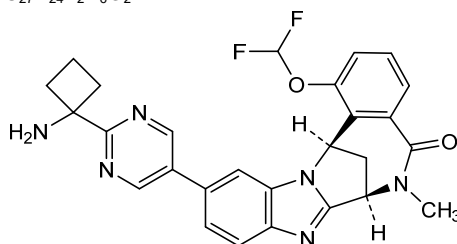
(7*R*,14*R*)-11-[2-(1-aminocyclobutyl)pyrimidin-5-yl]-1-(difluorométhoxy)-6-méthyl-6,7-dihydro-7,14-méthano[1,3]benzimidazo[1,2-*b*][2,5]benzodiazocin-5(14*H*)-one
inhibiteur de signalisation du facteur de nécrose tumorale (TNF)

balinatunfib

(7*R*,14*R*)-11-[2-(1-aminociclobutil)pirimidin-5-il]-1-(difluorometoxi)-6-metil-6,7-dihidro-7,14-metano[1,3]bencimidazo[1,2-*b*][2,5]benzodiazocin-5(14*H*)-ona
inhibidor de la señalización del factor de necrosis tumoral (TNF)

$C_{27}H_{24}F_2N_6O_2$

2248726-53-4

**bavebegenum tovaccinecum #**

bavebegene tovaccinecum

recombinant non-replicating vaccinia virus (Modified Vaccinia Ankara strain [MVA]) encoding two codon-optimised fusion proteins adjacent to one another containing hepatitis B virus (HBV) antigens, with the first one comprising the C-terminal region of the HBV Pre-S1 protein, Pre-S2, a non-functional polymerase, the pre-core antigen, and the core antigen, preceded by a shark Invariant (Sli) chain sequence and under control of the endogenous MVA F11 promoter and the vaccinia virus early termination signal. The second fusion protein comprises the signal peptide from tissue plasminogen activator (tpA), the N-terminal fragment of the HBVPre-S1 protein, and the HBV surface antigen (HBsAg) under control of a modified H5 promoter

gene therapy (immune response inducer, hepatitis B)

bavébégène tovaccinecum

virus de la vaccine recombinant non réplcatif (modifié de la vaccine souche Ankara [MVA]), qui code deux protéines de fusion optimisées par codon, adjacentes, contenant des antigènes du virus de l'hépatite B (VHB), la première comprenant la région C-terminale de la protéine Pré-S1 du VHB, Pré-S2, une polymérase non fonctionnelle, l'antigène pré-core, et l'antigène core, tous précédés d'une séquence dérivée de la chaîne invariante de requin (Sli) et sous le contrôle du promoteur MVA F11 endogène et du signal d'arrêt précoce du virus de la vaccine. La seconde protéine de fusion comprend le peptide signal de l'activateur tissulaire du plasminogène (Atp), le fragment N-terminal de la protéine Pré-S1 du VHB et l'antigène de surface du VHB (AgHB) sous le contrôle d'un promoteur H5 modifié

thérapie génique (inducteur de réponse immunitaire, hépatite B)

bavebegén tovaccinecum

virus vaccinia no replicativo, recombinante (Vaccinia cepa Ankara Modificado [MVA]) que codifica, con codones optimizados, para dos proteínas de fusión adyacentes que contienen antígenos del virus de la hepatitis B (VHB), la primera de las cuales consta de la región C-terminal de la proteína Pre-S1 del HBV, Pre-S2, una polimerasa no funcional, el antígeno pre núcleo y el antígeno del núcleo, todos precedidos por una secuencia de la cadena Invariable de tiburón (Sli) y bajo el control de del promotor endógeno MVA F11 y la señal de terminación temprana del virus vaccinia. La segunda proteína de fusión consta del péptido señal del activador del plasminógeno tisular (tpA), el fragmento N-terminal de la proteína pre-S1 del VHB y el antígeno de superficie del VHB (HbSAg), bajo el control de un promotor H5 modificado

terapia génica (inductor de respuesta inmunitaria, hepatitis B)

2857059-65-3

becotatum vedotin #

becotatum vedotin

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* EGFR (epidermal growth factor receptor, receptor tyrosine-protein kinase erbB-1, ERBB1, HER1, HER-1, ERBB)], humanized monoclonal antibody, conjugated on an average of four cysteinyl residues to *vedotin*, comprising a cleavable linker and monomethylauristatin E (MMAE);
H-gamma1 heavy chain humanized (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-4*08 (79.4%) -(IGHD) - IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.7.13] (26-33.51-57.96-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 (CH1 R120 (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-214')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV6-21*02 (89.5%) -IGKJ2*03 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimer (228-228'': 231-231'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-S, glycoform alfa; substituted at the sulfur atoms of four L-cysteinyl residues on an average among 222, 228, 231, 214', 222'', 228'', 231'' and 214''' with a group consisting of (3RS)-1-(6-(((2S)-1-(((2S)-5-(carbamoylamino)-1-{4-(((2S)-1-(((2S)-1-(((3R,4S,5S)-1-((2S)-2-((1R,2R)-3-(((1S,2R)-1-hydroxy-1-phenylpropan-2-yl)amino)-1-methoxy-2-methyl-3-oxopropyl)pyrrolidin-1-yl)-3-methoxy-5-methyl-1-oxoheptan-4-yl)(methyl)amino)-3-methyl-1-oxobutan-2-yl)amino)-3-methyl-1-oxobutan-2-yl)(methyl)carbamoyl)oxy)methyl)anilino)-1-oxopentan-2-yl)amino)-3-methyl-1-oxobutan-2-yl)amino)-6-oxohexyl)-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (*vedotin*)
inhibitor of microtubule polymerisation, antineoplastic

bécotatum védotine

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* EGFR (récepteur du facteur de croissance épidermique, récepteur tyrosine-protéine kinase erbB1, ERBB1, HER1, HER-1, ERBB)], anticorps monoclonal humanisé, conjugué, par quatre résidus cystéinyle en moyenne à la *védotine*, comprenant un linker clivable et monométhylauristatine E (MMAE);
chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-4*08 (79.4%) -(IGHD) - IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.7.13] (26-33.51-57.96-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 (CH1 R120 (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV6-21*02 (89.5%) -IGKJ2*03 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')];

dimère (228-228": 231-231")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-S, glycoforme alfa; substitué sur l'atome de soufre de quatre résidus L-cystéinyle en moyenne parmi 222, 228, 231, 214', 222", 228", 231" et 214''' avec un groupe (3*RS*)-1-(6-[[[(2*S*)-1-[[[(2*S*)-5-(carbamoylamino)-1-(4-[[[(2*S*)-1-[[[(2*S*)-1-[[[(3*R*,4*S*,5*S*)-1-[(2*S*)-2-[(1*R*,2*R*)-3-[[[(1*S*,2*R*)-1-hydroxy-1-phénylpropan-2-yl]amino]-1-méthoxy-2-méthyl-3-oxopropyl]pyrrolidin-1-yl]-3-méthoxy-5-méthyl-1-oxoheptan-4-yl](méthyl)amino]-3-méthyl-1-oxobutan-2-yl]amino]-3-méthyl-1-oxobutan-2-yl](méthyl)carbamoyl]oxy)méthyl]anilino]-1-oxopentan-2-yl]amino]-3-méthyl-1-oxobutan-2-yl]amino]-6-oxohexyl)-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (*védotine*)
inhibiteur de la polymérisation des microtubules, antinéoplasique

becotatug vedotina

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* EGFR (receptor del factor de crecimiento epidérmico, receptor proteína-tirosina kinasa erbB1, ERBB1, HER1, HER-1, ERBB)], anticuerpo monoclonal humanizado, conjugado, en una media de cuatro residuos cisteinilo a la *vedotina*, que comprende un enlace escindible y monometilauristatina E (MMAE); cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-449) [VH (*Homo sapiens*IGHV4-4*08 (79.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.7.13] (26-33.51-57.96-108)) (1-119) -*Homo sapiens*IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 (CH1 R120 (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV6-21*02 (89.5%) -IGKJ2*03 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214'')]; dímero (228-228": 231-231")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-S, forma glicosilada alfa; sustituido en el átomo de azufre de cuatro residuos L-cisteinilo en una media entre 222, 228, 231, 214', 222", 228", 231" y 214''' con un grupo (3*RS*)-1-(6-[[[(2*S*)-1-[[[(2*S*)-5-(carbamoylamino)-1-(4-[[[(2*S*)-1-[[[(2*S*)-1-[[[(3*R*,4*S*,5*S*)-1-[(2*S*)-2-[(1*R*,2*R*)-3-[[[(1*S*,2*R*)-1-hidroxi-1-fenilpropan-2-il]amino]-1-metoxi-2-metil-3-oxopropil]pirrolidin-1-il]-3-metoxi-5-metil-1-oxoheptan-4-il](metil)amino]-3-metil-1-oxobutan-2-il]amino]-3-metil-1-oxobutan-2-il](metil)carbamoyl]oxi)metil]anilino]-1-oxopentan-2-il]amino]-3-metil-1-oxobutan-2-il]amino]-6-oxohexil)-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo (*vedotina*)
inhibidor de la polimerización de los microtúbulos, antineoplásico

2770851-80-2

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QVQLQESGPG LVKPSSETLSL TCTVSGFSL NYDVHWVRQA PGKGLEWLGV 50
 IWSGGNTDYN TFFTSLRTIS VDTSKNQFSL KLSSVTAADT AVYYCARALD 100
 YYDYEFAYWG QGTLVTVSSA STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
 YFPEPVTWSV NSGALTSGVH TFPVQLQSSG LYSLSVVTV PSSSLGTQTY 200
 ICNVNHKPSN TKVDKRVEPK SCDKTHTCP CPAPELLGGP SVFLFPPKPK 250
 DTLMISRTPE VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREQYNS 300
 TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPV 350
 YTLPPSREEM TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTFPVL 400
 DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

EIVLTQSPDF QSVTPKEKVT ITCRASQSIG TNIHWYQKPK DQSPKLLIKY 50
 ASESISGIPS RFSGSGSGTD FTLTINSLEA EDAATYYCQQ NNEWPTSFQ 100
 GTKLEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
 LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-95 146-202 263-323 369-427
 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"

*At least two of the four inter-chain disulfide bridges are not present, an average of four 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, quatre cystéinyl en moyenne étant chacun conjugué via une liaison thioéther à un linker-principe actif.

*Al menos dos de los cuatro puentes disulfuro inter-catenarios no están presentes, una media de cuatro cisteinil está conjugada a conectores de principio activo.

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

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

H V H Q1: 1, 1"

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

H CH2 N84.4: 299, 299"

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

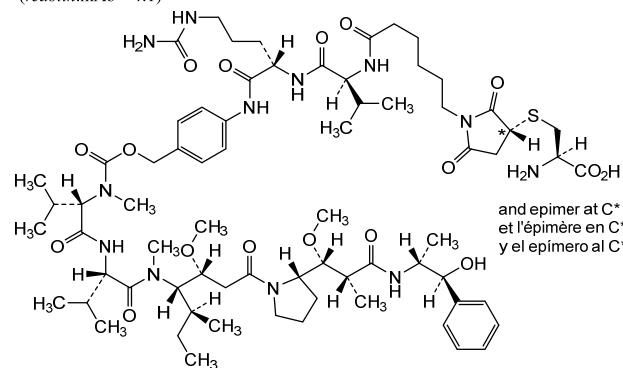
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: 449, 449"

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

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

*(vedotin:mAb ~ 4:1)



beroterkibum

beroterkib (2*R*)-2-(6-[5-chloro-2-[(oxan-4-yl)amino]pyrimidin-4-yl]-1,3-dihydro-2*H*-1-oxoisindol-2-yl)-*N*-[(1*S*)-1-(3-fluoro-5-methoxyphenyl)-2-hydroxyethyl]propanamide
extracellular signal-regulated kinases (ERK) inhibitor, antineoplastic

béroterkib

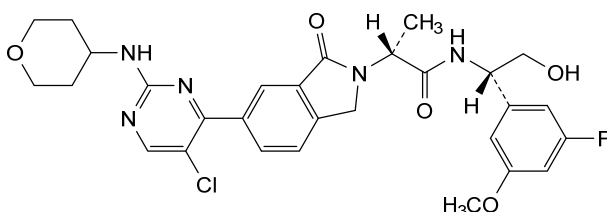
(2*R*)-2-(6-[5-chloro-2-[(oxan-4-yl)amino]pyrimidin-4-yl]-1,3-dihydro-2*H*-1-oxoisindol-2-yl)-*N*-[(1*S*)-1-(3-fluoro-5-méthoxyphényl)-2-hydroxyéthyl]propanamide
inhibiteur de kinases extracellulaires régulées par le signal (ERK), antinéoplasique

beroterkib

(2*R*)-2-(6-[5-cloro-2-[(oxan-4-il)amino]pirimidin-4-il]-1-oxo-1,3-dihidro-2*H*-isindol-2-il)-*N*-[(1*S*)-1-(3-fluoro-5-metoxifenil)-2-hidroxietyl]propanamida
inhibidor de las kinases extracelulares reguladas por señales (ERK), antineoplásico

C₂₉H₃₁ClFN₅O₅

2095719-92-7

**betinukibartum #****betinukibart**

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL17A (interleukin 17A, IL-17A)];
H-gamma1 heavy chain (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV7-4-1*02 (90.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%) L123>T (112), CDR-IMGT [8.8.10] (26-33.51-58.97-106)) (1-117) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 R120 (214) (118-215), hinge (216-230), CH2 L1.3>A (234), L1.2>A (235) (231-340), CH3 E12 (356), M14 (358) (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], (220-219')-disulfide with L-kappa light chain (1'-219') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV1-110*01 (89.0%) -IGKJ2*01 (100%)/*Homo sapiens* IGKV2-28*01 (82.0%) -IGKJ2*01 (91.7%) Q120>G (105'), CDR-IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102'') (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196'') (113'-219'')]; dimer (226-226''-229-229'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
interleukin-17A (IL-17A) inhibitor, anti-inflammatory

bétinukibart

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL17A (interleukine 17A, IL-17A)];
chaîne lourde H-gamma1 (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV7-4-1*02 (90.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%) L123>T (112), CDR-IMGT [8.8.10] (26-33.51-58.97-106)) (1-117) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 R120 (214) (118-215), charnière (216-230), CH2 L1.3>A (234), L1.2>A (235) (231-340), CH3 E12 (356), M14 (358) (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], (220-219')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa (1'-219') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV1-110*01 (89.0%) -IGKJ2*01 (100%)/*Homo sapiens* IGKV2-28*01 (82.0%) -IGKJ2*01 (91.7%) Q120>G (105'), CDR-IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102'') (1'-112') -*Homo*

sapiens IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')]; dimère (226-226":229-229")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
inhibiteur de l'interleukine-17A (IL-17A), anti-inflammatoire

betinukibart

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL17A (interleukina 17A, IL-17A)];
cadena pesada H-gamma1 (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV7-4-1*02 (90.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%) L123>T (112), CDR-IMGT [8.8.10] (26-33.51-58.97-106)) (1-117) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 R120 (214) (118-215), bisagra (216-230), CH2 L1.3>A (234), L1.2>A (235) (231-340), CH3 E12 (356), M14 (358) (341-445), CHS (446-447)) (118-447)], (220-219')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa (1'-219') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV1-110*01 (89.0%) -IGKJ2*01 (100%)/*Homo sapiens* IGKV2-28*01 (82.0%) -IGKJ2*01 (91.7%) Q120>G (105'), CDR-IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102')) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')]; dímero (226-226":229-229")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa
inhibidor de la interleuina-17A (IL-17A), antiinflamatorio

2744274-11-9

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QVQLVQSGSE LKKPGASVKV SCKASEYIFT NYGMNWNKQA PGQGFWMGW 50
IDTNTGEPTY AQGFTGRFVF SLDTSVSTAY LQISSLKAED TATYYCANYG 100
WGIFYDYWGQG TTVTVSSAST KGPSVFPLAP SSKTSVSGGTA ALGCLVKKDYF 150
PEPVTVSWNS GALTSGVHTF PAVLQSSGLY SLSSVVTVPV SSLGTQTYIC 200
NVNHKPSNTK VDKRVEPKSC DKHTCTPCPC APEAAGGPSV FLFPKPKPDT 250
LMISRTPEVT CVVVDVSHED PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYNSTY 300
RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKALPA PIEKTISKAK GQPREPQVYT 350
LPPSREEMTK NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTTTPVLDS 400
DGSFFLYSKL TVDKSRWQQG NVFSCSVME ALHNHYTQKS LSLSPGK 447

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DVVMTQTTPS LPVNPGEPA ISCRSSQSLV HSNGYTYLHW YLQKPGQSPQ 50
LLIYKVSNNH SGVPDRFSGS GSGTDFTLKI SWVEAEDGVG YFCSQSTHVP 100
YTFGGGTGLE IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVCL LNNFYPREAK 150
VQWVKVDNALQ SGNSQESVTE QDSKDSYSL SSTLTLSKAD YEKHVYACE 200
VTHQGLSSPV TKSFNREGC 219

Post-translational modifications

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

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

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

Inter-H-L (h 5-CL 126) 220-219' 220"-219"

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

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

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

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

H CH2 N84: 297, 297"

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

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

H CHS K2: 447, 447"

bezeoterminum alfa #

bezeotermin alfa human bone morphogenic protein 6 (BMP-6, VG-1-related protein (VG-1-R; VGR-1)), dimer, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-S, glycoform alfa
recombinant bone morphogenic protein 6 (BMP6)

bézéotermine alfa protéine osseuse morphogénique 6 humaine (BMP-6, protéine apparentée à VG-1 (VG-1-R; VGR-1)), dimère, produite dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-S, glycoforme alfa
protéine morphogénétique osseuse recombinante 6 (BMP6)

bezeotermina alfa proteína morfogenica ósea 6 humana (BMP-6, VG-1-proteína relacionada (VG-1-R; VGR-1)), dímero, producido en células ováricas de hámster Chino (CHO), línea celular CHO-S, glicoforma alfa
proteína 6 morfogenética ósea (BMP6) recombinante

2935496-94-7

Sequence / Séquence / Secuencia
SASSRRRQQS RNRSTQSQDV ARVSSASDYN SSELKTACRK HELYVSFQDL 50
GWQDWIIAPK GYAANYCDGE CSFPLNAHMN ATNHAIVQTL VHLMNPEYVP 100
KPCCAPTCLN AISVLYFDDN SNVILKKYRN MVRACGCH 139

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra chain: 38-104, 67-136, 71-138, 38'-104', 67'-136', 71'-138'
Inter chain: 103-103'

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
N120, N120'

birinkibartum #

birinkibart immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* CSF2RB (colony stimulating factor 2 (CSF2) receptor subunit beta, granulocyte-macrophage colony stimulating factor (GM-CSF) receptor subunit beta, beta common cytokine receptor, IL3RB, IL5RB, CD131)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;
H-gamma4 heavy chain *Homo sapiens* (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-24*01 (94.9%) -(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(CH1 (124-221), hinge 1-12 S10>P (231) (222-233), CH2 L92 (312) (234-343), CH3 (344-448), CHS (449-450)) (124-450)], (137-214')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (93.8%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'') (1'-107'') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191'')) (108'-214'')]; dimer (229-229'':232-232'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa
immunomodulator, anti-inflammatory

birinkibart immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* CSF2RB (sous-unité bêta du récepteur du facteur 2 stimulant les colonies (CSF2), sous-unité bêta du récepteur du facteur stimulant les colonies de granulocytes et macrophages (GM-CSF), bêta commun aux récepteurs de cytokines, IL3RB, IL5RB, CD131)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;
chaîne lourde H-gamma4 *Homo sapiens* (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-24*01 (94.9%) -(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(CH1 (124-221), charnière 1-12 S10>P (231) (222-233), CH2 L92 (312) (234-343), CH3 (344-448), CHS (449-450)) (124-450)], (137-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (93.8%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimère (229-229":232-232")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa *immunomodulateur, anti-inflammatoire*

birinkibart

inmunoglobulina G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* CSF2RB (subunidad beta del receptor del factor 2 estimulante de las colonias (CSF2), subunidad beta del receptor del factor estimulante de las colonias de granulocitos y macrófagos (GM-CSF), beta común con los receptores de citoquinas, IL3RB, IL5RB, CD131)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*; cadena pesada H-gamma4 *Homo sapiens* (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-24*01 (94.9%) -(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(CH1 (124-221), bisagra 1-12 S10>P (231) (222-233), CH2 L92 (312) (234-343), CH3 (344-448), CHS (449-450)) (124-450)], (137-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (93.8%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dímero (229-229":232-232")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa *immunomodulador, antiinflamatorio*

2894136-82-2

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QMQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKVSGYTLT ELSIHWVRQA PGKGLEWMGG 50
FDPEDGETIY AQKFQGRVTM TGDSTSDTAY LELSSLRSED TALYYCATGR 100
YTSLATIYGF DYWGQGTILVT VSSASTKGPS VFPLAPCSRS TSESTAALGC 150
LVKDYFFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL OSSGLYSLSS VVTVPSSSLG 200
TKTYTCNVDH KPSNTKVDKR VESKYGPPCP PCPAPEFLGG PSVFLFPPKP 250
KDTLMISRTPEVTCVVVDVS QEDPEVQFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQFN 300
STYRVVSVLT VHLQDNLNGK EYKCKVSNKG LPSSIEKTIS KAKGQPREPQ 350
VYTLPPSQEE MTKNQVSLTLC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTPEV 400
LDSGSGFFLY SRLTVDKSRW QEGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSLGK 450

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
EIVMTQSPAT LSLSPGERAT LSCRASQSVS SYLAWYQQKP GQAPRLLIYG 50
ASSRATGIPD RFGSGSGGTD FTLTISRLEP EDFAVYYCQQ YDNWPTYFGQ 100
GTKLEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-96 150-206 264-324 370-428
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-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal

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

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

H CH2 N84.4: 300, 300"

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

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

H CHS K2: 450, 450"

bosmolisibum

bosmolisib

4-[[[(1S)-1-(4,8-dichloro-1-oxo-2-phenyl-1,2-dihydroisoquinolin-3-yl)ethyl]amino]pyrido[2,3-*d*]pyrimidin-5(8*H*)-one
phosphatidylinositol 3-kinase (PI3K) inhibitor, antineoplastic

bosmolisib

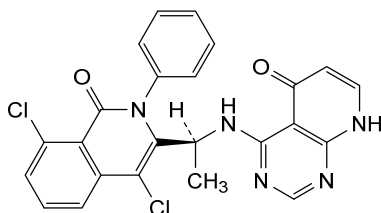
4-[[[(1S)-1-(4,8-dichloro-1-oxo-2-phényl-1,2-dihydroisoquinoléin-3-yl)éthyl]amino]pyrido[2,3-*d*]pyrimidin-5(8*H*)-one
inhibiteur de la phosphatidylinositol 3-kinase (PI3K), antinéoplasique

bosmolisib

4-[[[(1S)-1-(4,8-dicloro-2-fenil-1-oxo-1,2-dihidroisoquinolin-3-il)etil]amino]pirido[2,3-*d*]pirimidin-5(8*H*)-ona
inhibidor de la kinasa-3 del fosfatidilinositol (PI3K), antineoplásico

C₂₄H₁₇Cl₂N₅O₂

2055765-77-8

**branosotinum**

branosotine

2-[2-amino-4-(4-aminopiperidin-1-yl)-5-(3-fluoro-5-methylphenyl)pyridin-3-yl]-7-methoxy-1*H*-1,3-benzimidazole-5-carbonitrile
somatostatin receptor agonist (veterinary use)

branosotine

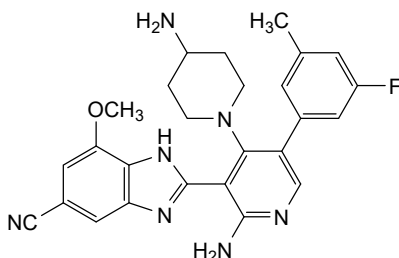
2-[2-amino-4-(4-aminopipéridin-1-yl)-5-(3-fluoro-5-méthylphényl)pyridin-3-yl]-7-méthoxy-1*H*-1,3-benzimidazole-5-carbonitrile
agoniste des récepteurs de la somatostatine (usage vétérinaire)

branosotina

2-[2-amino-4-(4-aminopiperidin-1-il)-5-(3-fluoro-5-metilfenil)piridin-3-il]-7-metoxi-1*H*-1,3-benzimidazol-5-carbonitrilo
agonista del receptor de somatostatina (uso veterinario)

C₂₆H₂₆FN₇O

2412849-26-2



brexanolonum caprilcerbas

brexanolone caprilcerbate

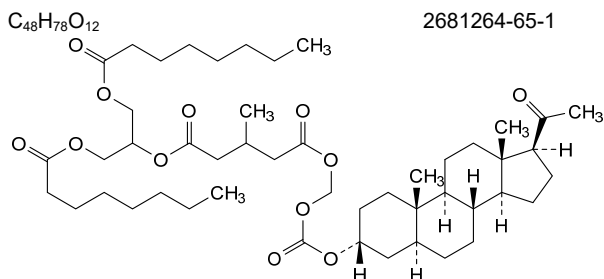
1-[1,3-bis(octanoyloxy)propan-2-yl] 5-[[[(20-oxo-5 α -pregnan-3 α -yl)oxy]carbonyl]oxy)methyl] 3-methylpentanedioate
GABA_A receptor positive allosteric modulator

caprilcerbate de brexanolone

3-méthylpentanedioate de 1-[1,3-bis(octanoyloxy)propan-2-yle] et de 5-[[[(20-oxo-5 α -prégnan-3 α -yl)oxy]carbonyl]oxy)méthyle]
modulateur allostérique des récepteurs GABA_A

caprilcerbato de brexanolona

3-metilpentanedioato de 1-[1,3-bis(octanoiloxi)propan-2-il] y de 5-[[[(20-oxo-5 α -pregnana-3 α -il)oxi]carbonil]oxi]metilo]
modulador alostérico positivo del receptor GABA_A

**brivestobartum #**

brivestobart

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* LAG3 (lymphocyte activating 3, lymphocyte-activation 3, CD223)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;
 H-gamma4 heavy chain *Homo sapiens* (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-34*01 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (92.3%), CDR-IMGT [8.7.15] (26-33.51-57.96-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG4*01, *nG4m(a)* CH2 L92, G4v5 h P10(CH1 (122-219), hinge 1-12 S10>P (229) (220-231), CH2 L92 (310) (232-341), CH3 (342-446), CHS (447-448)) (122-448)], (135-214')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*01 (95.8%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimer (227'-227'':230-230'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
immunostimulant, antineoplastic

brivestobart

immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* LAG3 (activateur 3 des lymphocytes, lymphocyte-activation 3, CD223)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;
 chaîne lourde H-gamma4 *Homo sapiens* (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-34*01 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (92.3%), CDR-IMGT [8.7.15] (26-33.51-57.96-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG4*01, *nG4m(a)* CH2 L92, G4v5 h P10,(CH1 (122-219), charnière 1-12 S10>P (229) (220-231), CH2 L92 (310) (232-341), CH3 (342-446), CHS (447-448)) (122-448)], (135-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*01 (95.8%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimère (227'-227'':230-230'')-bisdisulfure,

	produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa <i>immunostimulant, antinéoplastique</i>
brivestobart	inmunoglobulina 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 H-gamma4 <i>Homo sapiens</i> (1-448) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV4-34*01 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (92.3%), CDR- IMGT [8.7.15] (26-33.51-57.96-110)) (1-121) - <i>Homo sapiens</i> IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10,(CH1 (122-219), bisagra 1-12 S10>P (229) (220-231), CH2 L92 (310) (232-341), CH3 (342- 446), CHS (447-448)) (122-448)], (135-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa <i>Homo sapiens</i> (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV3-11*01 (95.8%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'- 32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') - <i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dímero (227-227":230-230")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa <i>inmunoestimulante, antineoplásico</i>
	2786639-04-9
	Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada QVQLQQWGAG LLKPSETLSL TCGVYGGSF S GYYWSWIRQP PGMGLEWIGE 50 INHRGNTNYN PSLKSRVTIS EDTSKNQFSL RLSSVTAADT AVYFCTRGED 100 YSDYDYDGDF WGQGTLLTVS SASTKGPSVF PLAPCSRSTS ESTAALGCLV 150 KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS SGLYSLSSVV TVPSSSLGTK 200 TYTCNVDHKP SNTKVDKRVE SKYGPPCPPC PAPEFLGGPS VFLFPPKPKD 250 TLMISRTPEV TCVVVDVSQE DPEVQFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQFNST 300 YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKGLP SSIEKTISKA KGQPREPVY 350 TLPPSQEEMT KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD 400 SDGSFFLYSR LTVDKSRWQE GNVFSCSVMH EALHNYHTQK SLSLSLGK 448
	Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera EIVLTQSPAT LSLSQGERAT LSCRASQSIS SYLAWYQQKP GQAPRLLIYA 50 ASNRRATGIPA RFGSGSGSTD FTLTISSLEP EDFAIYYCQQ RSNWPLTFGG 100 GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYEKKH YACEVTHQG 200 LSSPVTKSFN RGEK 214
	Post-translational modifications Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro Intra-H (C23-C104) 22-95 148-204 262-322 368-426 22"-95" 148"-204" 262"-322" 368"-426" Intra-L (C23-C104) 23'-88' 134'-194' 23'''-88''' 134'''-194''' Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 135-214' 135"-214" Inter-H-H (h 8, h 11) 227-227" 230-230"
	N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxopropyl) / pyroglutamyle (pE, 5-oxopropyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo) H VH Q1: 1, 1"
	N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación H CH2 N84.4: 298, 298" Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados
	C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal H CHS K2: 448, 448"

bulumtatugum #

bulumtatug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* NECTIN4 (nectin-4, nectin cell adhesion molecule 4, PVRL4, poliovirus receptor-related 4, PPR4, LNIR)];
H-gamma1 heavy chain (1-449) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV2-6-5*01 (78.4%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (91.7%) A128>S (119)/*Homo sapiens* IGHV4-4*08 (78.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.13] (26-33.51-57.96-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-220')-disulfide with L-kappa light chain (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (91.1%) -IGKJ4*01 (91.7%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')]; dimer (228-228":231-231")-bisdisulfide, produced in a cell line from Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, glycoform alfa
nectin-4 targeting agent

bulumtatug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* NECTIN4 (nectine-4, molécule d'adhésion cellulaire nectine 4, PVRL4, membre 4 apparenté au récepteur du poliovirus, PPR4, LNIR)];
chaîne lourde H-gamma1 (1-449) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV2-6-5*01 (78.4%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (91.7%) A128>S (119)/*Homo sapiens* IGHV4-4*08 (78.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.13] (26-33.51-57.96-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-220')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (91.1%) -IGKJ4*01 (91.7%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')]; dimère (228-228":231-231")-bisdisulfure, produit dans une lignée cellulaire des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
agent ciblant la nectine-4

bulumtatug

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* NECTIN4 (nectina-4, molécula de adhesión celular nectina 4, PVRL4, miembro 4 relacionado con el receptor del poliovirus, PPR4, LNIR)];
cadena pesada H-gamma1 (1-449) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV2-6-5*01 (78.4%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (91.7%) A128>S (119)/*Homo sapiens* IGHV4-4*08 (78.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.13] (26-33.51-57.96-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-220')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (91.1%) -IGKJ4*01 (91.7%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')]; dímero (228-228":231-231")-bisdisulfuro, producido en una línea celular de las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, forma glicosilada alfa
agente dirigido a la nectina-4

2862919-81-9

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
EVQLQESGPG LVKPSSETLSL TCTVSGFSLI DYGVSWIRQP PGKGLEWIGV 50
IWGGGKIYYN SVLKSRVTIS KDNSKSQVSL KLSSVTAADT AVYYCAKQGG 100
LLFYAMDYWG QGTLVTVSSA STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
YFPEPVTYVW NSGALTSGVH TFFPAVLQSSG LYSLSVTVV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHKPSN TKVDKRVEPK SCDKTHTCPP CPAPELLGGP SVFLFPPKPK 250
DTLMISRTP E VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPV 350
YTLPPSREEM TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL 400
DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSCVM HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIVMTQSPDS LAVSLGERAT INCKSSQSLL NTYSQKNYLA WYQQKPGQPP 50
KLLIYFASTR ESGVPDRFSG SGSGTDFTLT ISSLQAEDVA VYYCQHYNT 100
PFTFGGGTKV EIKRTVAAPS VFIFPPSDEQ LKSGTASVVC LLNNFYPREA 150
KVQWKVDNAL QSGNSQESVT EQDSKSDTYS LSSTLTLSKA DYEKKHYAC 200
EVTHQGLSSP VTKSFNRGEC 220

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-95 146-202 263-323 369-427
22"-95" 146"-202" 263"-323" 369"-427"
Intra-L (C23-C104) 23'-94' 140"-200"
23'''-94''' 140'''-200'''
Inter-H-L (h 5-CL 126) 222-220' 222"-220"
Inter-H-H (h 11, h 14) 228-228" 231-231"

N-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"

bulumtatugum fuvedotinum #
bulumtatug fuvedotin

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* NECTIN4 (nectin-4, nectin cell adhesion molecule 4, PVRL4, poliovirus receptor-related 4, PPR4, LNIR)], conjugated on an average of 8 cysteinyl residues to monomethylauristatin E (MMAE), with a ratio of 1 to 4, via a cleavable divalent linker;
H-gamma1 heavy chain (1-449) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV2-6-5*01 (78.4%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (91.7%) A128>S (119)/*Homo sapiens* IGHV4-4*08 (78.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.13] (26-33.51-57.96-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-220')-disulfide with L-kappa light chain (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (91.1%) -IGKJ4*01 (91.7%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')]; dimer (228-228":231-231")-bisdisulfide, produced in a cell line from Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, glycoform alfa; substituted at the sulfur atoms of eight L-cysteinyl residues on an average among 222, 228, 231, 220', 222", 228", 231" and 220''' with four divalent groups consisting of

(1Z)-3-[[[(2S,3R,6R,7R,8²S,11R,12S,15S,18S,26S,29S)-12-[(2S)-butan-2-yl]-26-[3-(carbamoylamino)propyl]-43²,43⁶-difluoro-2-hydroxy-7,11-dimethoxy-3,6,13,19-tetramethyl-5,9,14,17,20,25,28,31-octaoso-15,18,29-tri(propan-2-yl)-21,33,36,39,42-pentaoxa-4,13,16,19,24,27,30-heptaaza-8(2,1)-pyrrolidina-1,43(1),23(1,4)-tribenzenatritetracontaphan-43⁴-yl]amino]-1-carboxy-3-oxoprop-1-ene-1,2-diyl (*fuvédotine*) *nectin-4 targeted microtubule polymerization inhibitor, antineoplastic*

bulumtatug fuvédotine

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* NECTIN4 (nectine-4, molécule d'adhésion cellulaire nectine 4, PVRL4, apparenté 4 du récepteur du poliovirus, PPR4, LNIR)], conjugué, par 8 résidus cystéinyle en moyenne, au monométhylauristatine E (MMAE), via un linker clivable divalent avec un rapport de 1 pour 4; chaîne lourde H-gamma1 (1-449) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV2-6-5*01 (78.4%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (91.7%) A128>S (119)/*Homo sapiens* IGHV4-4*08 (78.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.13] (26-33.51-57.96-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-220')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (91.1%) -IGKJ4*01 (91.7%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')]; dimère (228-228":231-231")-bisdisulfure, produit dans une lignée cellulaire des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa; substitué sur l'atome de soufre de huit résidus L-cystéinyle en moyenne parmi 222, 228, 231, 220', 222", 228", 231" et 220"" avec quatre groupements divalents (1Z)-3-[[[(2S,3R,6R,7R,8²S,11R,12S,15S,18S,26S,29S)-12-[(2S)-butan-2-yl]-26-[3-(carbamoylamino)propyl]-43²,43⁶-difluoro-2-hydroxy-7,11-diméthoxy-3,6,13,19-tétraméthyl-5,9,14,17,20,25,28,31-octaoso-15,18,29-tri(propan-2-yl)-21,33,36,39,42-pentaoxa-4,13,16,19,24,27,30-heptaaza-8(2,1)-pyrrolidina-1,43(1),23(1,4)-tribenzénatritétracontaphan-43⁴-yl]amino]-1-carboxy-3-oxoprop-1-ène-1,2-diyle (*fuvédotine*) *inhibiteur de la polymérisation des microtubules ciblés par la nectine-4, antinéoplasique*

bulumtatug fuvédotina

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* NECTIN4 (nectina-4, molécula de adhesión celular nectina 4, PVRL4, relacionada con el receptor 4 del poliovirus, PPR4, LNIR)], conjugado, sobre 8 residuos cisteinilo por término medio, con la monometilauristatina E (MMAE), a través de un enlace escindible divalente con un ratio de 1 por cada 4; cadena pesada H-gamma1 (1-449) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV2-6-5*01 (78.4%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (91.7%) A128>S (119)/*Homo sapiens* IGHV4-4*08 (78.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.13] (26-33.51-57.96-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-220')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (91.1%) -IGKJ4*01 (91.7%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')]; dímero (228-228":231-231")-bisdisulfuro, producido en una línea celular de las

células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, forma glicosilada alfa; sustituido en el átomo de azufre de ocho residuos L-cisteinilo en una media entre 222, 228, 231, 220', 228'', 231'' y 220''' con cuatro grupos divalentes (1Z)-3-[[[(2S,3R,6R,7R,8²S,11R,12S,15S,18S,26S,29S)-12-[(2S)-butan-2-il]-26-[3-(carbamoilamino)propil]-43²,43⁶-difluoro-2-hidroxi-3,6,13,19-tetrametil-7,11-dimetoxi-5,9,14,17,20,25,28,31-octaoxo-15,18,29-tri(propan-2-il)-21,33,36,39,42-pentaoxa-4,13,16,19,24,27,30-heptaaza-8(2,1)-pirrolidina-1,43(1),23(1,4)-tribencenatritetracontafan-43⁴-il]amino]-1-carboxi-3-oxoprop-1-ene-1,2-diilo (*fuvedotina*)
inhibidor de la polimerización de microtúbulos dirigida a la nectina-4, antineoplásico

2862919-82-0

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

```
EVQLQESGPG LVKPSSETLSL TCTVSGFSLI DYGVSWIRQP PGKGLEWIGV 50
IWGGKIYYN SVLKSRTVIS KDNSKQVSL KLSSVTAADT AVYYCAKQGG 100
LLFYAMYDWG QGTLLVTSSA STKGPSVFPL APSKSTSGG TAALGCLVKD 150
YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFPAPVLQSSG LYSLSVVTV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHKPSN TKVDKRVKPEK SCDKTHTCPP CPAPELLGGP SVFLFPPKPK 250
DTLMISRTPE VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
YTLPPSREEM TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL 400
DSGDSFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 449
```

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

```
DIYMTQSPDS LAVSLGERAT INCKSSQSL NTYSQKNYLA WYQQKPGQPP 50
KLLIYFASTR ESGVPDRFSG SGSGTDFTLT ISSLQAEDVA VYYCQHYNT 100
PFTFGGGTKV EIKRTVAAPS VFIFPPSDEQ LKSGTASVVC LLNNFYPREA 150
KVQWKVDNAL QSGNSQESVT EQDSKDYSTYS LSSTLTLSKA DYKHKVYAC 200
EVTHQGLSSP VTKSFNRGEC 220
```

Post-translational modifications

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

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

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

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

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

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

*Les quatre ponts disulfures inter-caténaires ne sont pas présents, quatre paires de cystéinyl en moyenne étant chacune conjuguée, via deux liaisons thioéther, à un linker-principe actif.

*Los cuatro puentes disulfuro inter-catenarios no están presentes, una media de cuatro pares de cisteinil está conjugada, a través de dos enlaces tioéther, con un principio activo.

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

H CH2 N84.4: 299, 299''

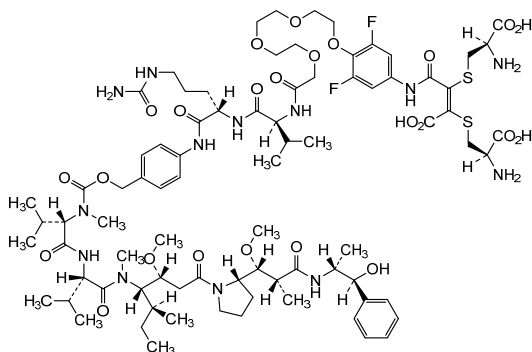
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados

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

H CHSK2: 449, 449''

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

C (222, 228, 231, 220', 228'', 231'', 220''')

*(*fuvedotin*:mAb ~ 4:1)

cadapersenum

cadapersen

all-P-ambo-2'-deoxycytidylyl-(3'→5')-2'-deoxyadenylyl-(3'→5')-5-methyl-2'-O,4'-C-methylene-P-thiocytidylyl-(3'→5')-5-methyl-2'-O,4'-C-methylene-P-thiocytidylyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenylyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenylyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-O,4'-C-methylene-P-thioadenylyl-(3'→5')-2'-O,4'-C-methylene-P-thioguanilyl-(3'→5')-2'-O,4'-C-methylene-P-thioadenylyl-(3'→5')-5-methyl-2'-O,4'-C-methylenecytidine 5'-[(17S,20S)-1-[(2-acetamido-2-deoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]-17-{2-[2-(2-{[(2-acetamido-2-deoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]ethoxy}ethoxy]ethoxy}acetamido)-20-{1-[(2-acetamido-2-deoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]-11-oxo-3,6,9-trioxa-12-azahexadecan-16-yl}-11,18,21-trioxo-3,6,9-trioxa-12,19,22-triazaoctacosan-28-yl hydrogen phosphate}] programmed death-ligand 1 (PD-L1) synthesis reducer

cadapersen

5'-[hydrogénophosphate de (17S,20S)-1-[(2-acétamido-2-désoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]-17-{2-[2-(2-{[(2-acétamido-2-désoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]éthoxy}éthoxy]éthoxy}éthoxy]acétamido)-20-{1-[(2-acétamido-2-désoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]-11-oxo-3,6,9-trioxa-12-azahexadécan-16-yl}-11,18,21-trioxo-3,6,9-trioxa-12,19,22-triazaoctacosan-28-yle] de *tout-P-ambo-2'-désoxycytidylyl-(3'→5')-2'-désoxyadénylyl-(3'→5')-5-méthyl-2'-O,4'-C-méthylène-P-thiocytidylyl-(3'→5')-5-méthyl-2'-O,4'-C-méthylène-P-thiocytidylyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioadénylyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioadénylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioadénylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioadénylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-O,4'-C-méthylène-P-thioadénylyl-(3'→5')-2'-O,4'-C-méthylène-P-thioguanilyl-(3'→5')-2'-O,4'-C-méthylène-P-thioadénylyl-(3'→5')-5-méthyl-2'-O,4'-C-méthylèncytidine réducteur de la synthèse de la protéine 1 de mort cellulaire programmée (PD-L1)*

cadapersén

5'-[hidrogenofosfato de (17S,20S)-1-[(2-acetamido-2-desoxi-β-D-galactopiranosil)oxi]-17-{2-[2-(2-{[(2-acetamido-2-desoxi-β-D-galactopiranosil)oxi]etoxi}etoxi]etoxi]acetamido)-20-{1-[(2-acetamido-2-desoxi-β-D-galactopiranosil)oxi]-11-oxo-3,6,9-trioxa-12-azahexadecan-16-il}-11,18,21-trioxo-3,6,9-trioxa-12,19,22-triazaoctacosan-28-ilo] de *todo-P-ambo-2'-desoxicitidilil-(3'→5')-2'-desoxiadenilil-(3'→5')-5-metil-2'-O,4'-C-metileno-P-tiocitidilil-(3'→5')-5-metil-2'-O,4'-C-metileno-P-tiocitidilil-(3'→5')-P-tiotimidilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioadenilil-(3'→5')-P-tiotimidilil-(3'→5')-P-tiotimidilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioadenilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tiocitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioadenilil-(3'→5')-P-tiotimidilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tiocitidilil-(3'→5')-2'-O,4'-C-metileno-P-tioadenilil-(3'→5')-2'-O,4'-C-metileno-P-tioguanilil-(3'→5')-2'-O,4'-C-metileno-P-tioadenilil-(3'→5')-5-metil-2'-O,4'-C-metilèncitidina reductor de la síntesis del ligando 1 de muerte programada (PD-L1)*

C₂₅₉H₃₅₉N₇₆Na₁₉O₁₃₅P₁₉S₁₆

2924115-64-8

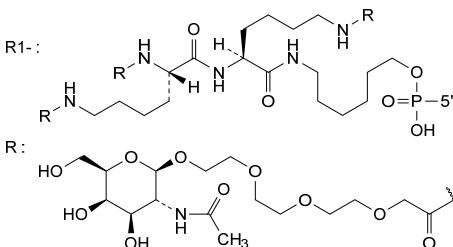
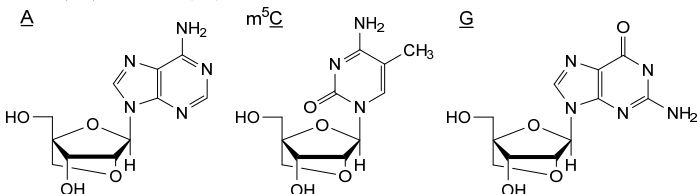
R1-dC-dA-m⁵C=m⁵C=dA=dT=dT=dT=dA=dA=dC=dA=dT=dC=A=G=A=m⁵C

N : A, C, G, T

m⁵N : 5-methyl-N / 5-méthyl-N / 5-metil-N

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

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

**cambritaxestatum**

cambritaxestat

N-[(1*S*)-1-(4-chlorophenyl)ethyl]-3-(3-[[4-(trifluoromethoxy)phenyl]methyl]-3*H*-imidazo[4,5-*b*]pyridin-2-yl)propanamide
autotaxin inhibitor, antineoplastic

cambritaxestat

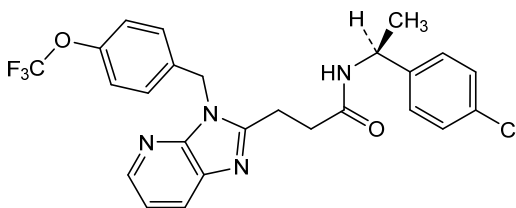
N-[(1*S*)-1-(4-chlorophényl)éthyl]-3-(3-[[4-(trifluorométhoxy)phényl]méthyl]-3*H*-imidazo[4,5-*b*]pyridin-2-yl)propanamide
inhibiteur de l'autotaxine, antinéoplasique

cambritaxestat

N-[(1*S*)-1-(4-clorofenil)etil]-3-(3-[[4-(trifluorometoxi)fenil]metil]-3*H*-imidazo[4,5-*b*]piridin-2-il)propanamida
inhibidor de la autotaxina, antineoplásico

C₂₅H₂₂ClF₃N₄O₂

1979939-16-6



canvuparatidum

canvuparatide

human parathyroid hormone (PTH) peptide fragment (1-32), N^{32} -amide substituted at $N^{2,1}$ with N^6 -[N-(17-[[N-(17-carboxyheptadecanoyl)-L-γ-glutamyl]amino]-10-oxo-3,6,12,15-tetraoxa-9-azaheptadecan-1-oyl)-L-γ-glutamyl]-D-lysyl-N-methylglycyl and at $N^{1,32}$ with [(1S)-5-[[N-(17-[[N-(17-carboxyheptadecanoyl)-L-γ-glutamyl]amino]-10-oxo-3,6,12,15-tetraoxa-9-azaheptadecan-1-oyl)-L-γ-glutamyl]amino]-1-carboxypentyl groups; N^6 -[N-(17-[[N-(17-carboxyheptadecanoyl)-L-γ-glutamyl]amino]-10-oxo-3,6,12,15-tetraoxa-9-azaheptadecan-1-oyl)-L-γ-glutamyl]-D-lysyl-N-methylglycyl-L-seryl-L-valyl-L-seryl-L-α-glutamyl-L-isoleucyl-L-glutamyl-L-leucyl-L-methionyl-L-histidyl-L-asparaginyll-L-leucylglycyl-L-lysyl-L-histidyl-L-leucyl-L-asparaginyll-L-seryl-L-methionyl-L-α-glutamyl-L-arginyl-L-valyl-L-α-glutamyl-L-tryptophyl-L-leucyl-L-arginyl-L-lysyl-L-lysyl-L-leucyl-L-glutamyl-L-α-aspartyl-L-valyl-L-histidyl- N^6 -[N-(17-[[N-(17-carboxyheptadecanoyl)-L-γ-glutamyl]amino]-10-oxo-3,6,12,15-tetraoxa-9-azaheptadecan-1-oyl)-L-γ-glutamyl]-L-lysine
parathyroid hormone analogue

canvuparatide

fragment (1-32) de l'hormone parathyroïdienne humaine synthétique, substitué en N^{32} par un amide sur $N^{2,1}$ avec un groupe N^6 -[N-(17-[[N-(17-carboxyheptadécanoyl)-L-γ-glutamyl]amino]-10-oxo-3,6,12,15-tétraoxa-9-azaheptadécan-1-oyl)-L-γ-glutamyl]-D-lysyl-N-méthylglycyl et en $N^{1,32}$ avec un groupe [(1S)-5-[[N-(17-[[N-(17-carboxyheptadécanoyl)-L-γ-glutamyl]amino]-10-oxo-3,6,12,15-tétraoxa-9-azaheptadécan-1-oyl)-L-γ-glutamyl]amino]-1-carboxypentyle; N^6 -[N-(17-[[N-(17-carboxyheptadécanoyl)-L-γ-glutamyl]amino]-10-oxo-3,6,12,15-tétraoxa-9-azaheptadécan-1-oyl)-L-γ-glutamyl]-D-lysyl-N-méthylglycyl-L-séryl-L-valyl-L-séryl-L-α-glutamyl-L-isoleucyl-L-glutamyl-L-leucyl-L-méthionyl-L-histidyl-L-asparaginyll-L-leucylglycyl-L-lysyl-L-histidyl-L-leucyl-L-asparaginyll-L-séryl-L-méthionyl-L-α-glutamyl-L-arginyl-L-valyl-L-α-glutamyl-L-tryptophyl-L-leucyl-L-arginyl-L-lysyl-L-lysyl-L-leucyl-L-glutamyl-L-α-aspartyl-L-valyl-L-histidyl- N^6 -[N-(17-[[N-(17-carboxyheptadécanoyl)-L-γ-glutamyl]amino]-10-oxo-3,6,12,15-tétraoxa-9-azaheptadécan-1-oyl)-L-γ-glutamyl]-L-lysine
analogue de l'hormone parathyroïdienne

canvuparatida

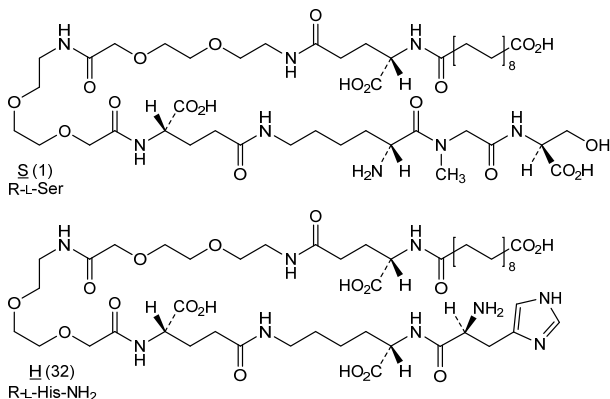
fragmento (1-32) de la hormona paratiroidea humana sintética, sustituido en N^{32} por una amida en $N^{2,1}$ con un grupo N^6 -[N-(17-[[N-(17-carboxiheptadecanoyl)-L-γ-glutamyl]amino]-10-oxo-3,6,12,15-tétraoxa-9-azaheptadécan-1-oyl)-L-γ-glutamyl]-D-lisil-N-metilglicil y en $N^{1,32}$ con un grupo [(1S)-5-[[N-(17-[[N-(17-carboxiheptadecanoil)-L-γ-glutamyl]amino]-10-oxo-3,6,12,15-tetraoxa-9-azaheptadecan-1-oyl)-L-γ-glutamyl]amino]-1-carboxipentilo; N^6 -[N-(17-[[N-(17-carboxiheptadecanoil)-L-γ-glutamyl]amino]-10-oxo-3,6,12,15-tetraoxa-9-azaheptadecan-1-oyl)-L-γ-glutamyl]-D-lisil-N-metilglicil-L-seril-L-valil-L-seril-L-α-glutamyl-L-isoleucil-L-glutaminiil-L-leucil-L-metionil-L-histidil-L-asparaginil-L-leucilglicil-L-lisil-L-histidil-L-leucil-L-asparaginil-L-seril-L-metionil-L-α-glutamyl-L-arginil-L-valil-L-α-glutamyl-L-triptofil-L-leucil-L-arginil-L-lisil-L-lisil-L-leucil-L-glutaminil-L-α-aspartil-L-valil-L-histidil- N^6 -[N-(17-[[N-(17-carboxiheptadecanoil)-L-γ-glutamyl]amino]-10-oxo-3,6,12,15-tetraoxa-9-azaheptadecan-1-oyl)-L-γ-glutamyl]-L-lisina
análogo de la hormona paratiroidea

$C_{263}H_{441}N_{65}O_{81}S_2$

2925554-87-4

SVSEIQLMHN LGKHLNSMER VEWLRKKLQD VH 32

Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados

**casdatifanum**

casdatifan

(5*R*,6*S*,8*R*)-3,5,6-trifluoro-8-[(1*S*,2*R*)-2-fluoro-1-hydroxy-7-(methanesulfonyl)-2,3-dihydro-1*H*-inden-4-yl]-5,6,7,8-tetrahydronaphthalene-1-carbonitrile
hypoxia-inducible factor (HIF) inhibitor, antineoplastic

casdatifan

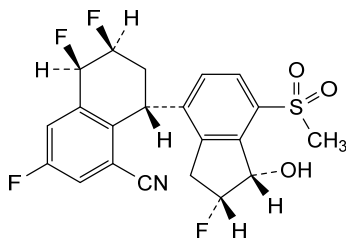
(5*R*,6*S*,8*R*)-3,5,6-trifluoro-8-[(1*S*,2*R*)-2-fluoro-1-hydroxy-7-(méthanesulfonyl)-2,3-dihydro-1*H*-indén-4-yl]-5,6,7,8-tétrahydronaphtalène-1-carbonitrile
inhibiteur du facteur inducible par l'hypoxie (HIF), antinéoplasique

casdatifán

(5*R*,6*S*,8*R*)-3,5,6-trifluoro-8-[(1*S*,2*R*)-2-fluoro-1-hidroxi-7-(metanosulfonyl)-2,3-dihidro-1*H*-inden-4-il]-5,6,7,8-tetrahidronaftaleno-1-carbonitrilo
inhibidor del factor inducible por hipoxia (HIF), antineoplásico

 $C_{21}H_{17}F_4NO_3S$

2709069-30-5



caxmotabartum #

caxmotabart 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, with the L-kappa light chains fused at their C-terminal end to a 11-mer sequence containing a CaaX motif (isoprenylation recognition sequence) with a site specific cysteine;
H-gamma1 heavy chain humanized (1-450) [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 (449-450)) (121-450)], (223-214')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-225') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-39*01 (86.3%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214') -11-mer containing 7 G and a CaaX motif (222'-225') with a site specific cysteine (222') (215'-225')]; dimer (229-229":232-232")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
anti-HER2, antineoplastic

caxmotabart immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ERBB2 (récepteur tyrosineprotéine kinase erbB-2, récepteur 2 du facteur de croissance épidermique, EGFR2, HER2, HER-2, p185c-erbB2, NEU, CD340)], anticorps monoclonal humanisé, avec les chaînes légères L-kappa fusionnées à leur extrémité C-terminale à une séquence 11-mer contenant un motif CaaX (séquence de reconnaissance d'isoprénnylation avec une cystéine spécifique de site); chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-450) [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 (449-450)) (121-450)], (223-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-225') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-39*01 (86.3%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214') -11-mer contenant 7 G et un motif CaaX (222'-225') avec la cystéine spécifique de site (222') (215'-225')]; dimère (229-229":232-232")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
anti-HER2, antinéoplasique

caxmotabart 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, con las cadenas ligeras L-kappa fusionadas a su extremidad C-terminal con una secuencia 11-mer que contiene un motivo CaaX (secuencia de reconocimiento de isoprenilación con una cisteína específica de lugar); cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-450) [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 (449-450)) (121-450)], (223-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-225') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-39*01 (86.3%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214') -11-mer que contiene 7 G y un motivo CaaX (222'-225') con la cisteína específica de lugar (222') (215'-225')]; dímero (229-229":232-232")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa
anti-HER2, antineoplásico

2930815-95-3

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada		
EVQLVESGGG	LVQPGGSLRL	SCAASGFNIK DTYIHWVRQA PGKGLEWVAR 50
IYPTNGYTRY	ADSVKGRFTI	SADTSKNTAY LQMNSLRAED TAVYYCSRWG 100
GDGFYAMDYW	GQGTLVTVSS	ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK 150
DYFPEPVTVS	WNSGALTSGV	HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT 200
YICNVNHKPS	NTKVDKKVEP	KSCDKTHTCP PCPAPELLGG PSVFLFPPKP 250
KDTLMISRTP	EVTCTVVDVS	HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN 300
SYTRVVSRLT	VLHQDWLNGK	EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ 350
VYTLPPSREE	MTKNQVSLTC	LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV 400
LDSDGSGFFLY	SKLTVDKSRW	QQGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPGK 450
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera		
DIQMTQSPSS	LSASVGDRVLT	ITCRASQDVN TAVAWYQQKP GKAPKLLIYS 50
ASFLYSGVPS	RFGSGRSRGT	FTLTISSLQP EDFATYYCQQ HYTTPTPTFGQ 100
GTKVEIKRTV	AAPSVFIFPP	SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD	STYLSLSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN	RGECGGGGGG	GCVIM 225

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 147-203 264-324 370-428
22"-96" 147"-203" 264"-324" 370"-428"
Intra-L (C23-C104) 23'-88' 134'-194'
23'''-88''' 134'''-194'''
Inter-H-L (h 5-CL 126) 223-214' 223"-214"
Inter-H-H (h 11, h 14) 229-229" 232-232"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 300, 300"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados

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

Site specific cysteine / Cystéine spécifique de site / Cisteína específica de sitio
L 11-mer CaaX motif: 222', 222'''

caxmotabartum entudotinum #
caxmotabart entudotin

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ERBB2 (receptor tyrosine-protein kinase erbB-2, epidermal growth factor receptor 2, EGFR2, HER2, HER-2, p185c-erbB2, NEU, CD340)], humanized monoclonal antibody, conjugated on an average of two cysteinyl residues to *entudotin*;
H-gamma1 heavy chain humanized (1-450) [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 (449-450)) (121-450)], (223-214')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-225') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (86.3%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214') -8-mer GGGGGGGC (215'-222')]; dimer (229-229"-232-232")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa; substituted at the sulfur atoms of two L-cysteinyl residues 222 and 222" with (12E,16E,20E)-1-[5-[(5S,8S,12R)-11-[(2S)-butan-2-yl]-12-(2-[(2S)-2-[(1R,2R)-1-methoxy-2-methyl-3-oxo-3-[(2R)-1-phenylpropan-2-yl]amino)propyl]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]-2-(β-D-glucopyranuronosyloxy)phenyl]-13,16,20-trimethyl-1-oxo-5,8,11-trioxa-2,12-diazadocosa-12,16,20-trien-22-yl (*entudotin*) groups *anti-HER2, antineoplastic*

caxmotabart entudotine	immunoglobuline G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> ERBB2 (récepteur tyrosine-protéine kinase erbB-2, récepteur 2 du facteur de croissance épidermique, EGFR2, HER2, HER-2, p185c-erbB2, NEU, CD340)], anticorps monoclonal humanisé, conjuguée par deux résidus cystéinyles en moyenne à l'<i>entudotine</i>; chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-450) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-66*01 (81.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -<i>Homo sapiens</i> 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 (449-450)) (121-450)], (223-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-225') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 (86.3%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214') -8-mer GGGGGGGC (215'-222')]; dimère (229-229'':232-232'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa; substituée, sur l'atome de soufre de deux résidus L-cystéinyle 222 et 222'', par deux groupes (12E,16E,20E)-1-{5-[(5S,8S,11S,12R)-11-[(2S)-butan-2-yl]-12-(2-{(2S)-2-[(1R,2R)-1-méthoxy-2-méthyl-3-oxo-3-[(2R)-1-phénylpropan-2-yl]amino]propyl]pyrrolidin-1-yl}-2-oxoéthyl)-4,10-diméthyl-3,6,9-trioxo-5,8-di(propan-2-yl)-2,13-dioxa-4,7,10-triazatétradécan-1-yl]-2-(β-D-glucopyranuronosyloxy)phényl]-13,16,20-triméthyl-1-oxo-5,8,11-trioxa-2,12-diazadocosa-12,16,20-trien-22-yles (<i>entudotine</i>) anti-HER2, antinéoplasique
caxmotabart entudotina	immunoglobulina G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> ERBB2 (receptor tirosina-proteína kinasa erbB-2, receptor 2 del factor de crecimiento epidérmico, EGFR2, HER2, HER-2, p185c-erbB2, NEU, CD340)], anticuerpo monoclonal humanizado, conjugado, por dos residuos de cisteinilo por término medio, a <i>entudotina</i>; cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-450) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-66*01 (81.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -<i>Homo sapiens</i> 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 (449-450)) (121-450)], (223-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-225') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 (86.3%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214') -8-mer GGGGGGGC (215'-222')]; dímero (229-229'':232-232'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa; sustituido, en el átomo de azufre de dos residuos L-cisteinilo 222 y 222'', por dos grupos (12E,16E,20E)-1-{5-[(5S,8S,11S,12R)-11-[(2S)-butan-2-yl]-12-(2-{(2S)-2-[(1R,2R)-1-metoxi-2-metil-3-oxo-3-[(2R)-1-fenilpropano-2-il]amino]propil]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]-2-(β-D-glucopirranuronosiloxi)fenil]-13,16,20-trimetil-1-oxo-5,8,11-trioxa-2,12-diazadocosa-12,16,20-trien-22-ilos (<i>entudotina</i>) anti-HER2, antineoplásico

2930814-97-2

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFNIK DTYIHWVRQA PGKGLEWVAR 50
IYPTNGYTRY ADSVKGRFTI SADTSKNTAY LQMNSLRAED TAVYYCSRWG 100
GDGFYAMDYV GGGTLVTVSS ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK 150
DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFFAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT 200
YICNVNHKPS NTKVDKKVEP KSCDKTHTCP PCPAPELLGG PSVFLFPPKP 250
KDTLMISRTP EVTCVVVDVS HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN 300
STYRVVSVLT VLNQDNLNGK EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ 350
VYTLPPSREE MTKNQVSLTC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV 400
LDSGDSFFLY SKLTVDKSRW QQGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPGK 450

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIQMTQSPSS LSASVGDRVT ITCRASQDVN TAVAWYQQKP GKAPKLLIYS 50
ASFLYSGVPS RFSGSRSGTD FTLTISSLQP EDFATYYCQQ HYTTPPTFGQ 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
LSPVTKSFN RGECSGGGGG GC 222

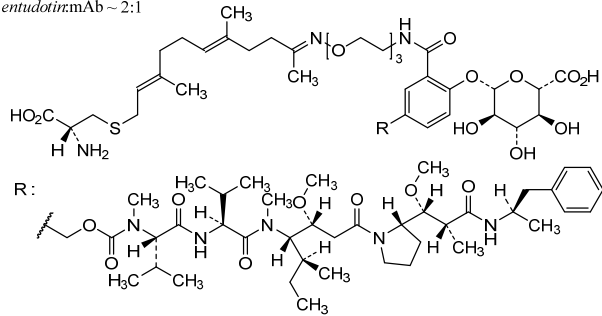
Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22"-96" 147"-203" 264"-324" 370"-428"
22"-96" 147"-203" 264"-324" 370"-428"
Intra-L (C23-C104) 23'-88" 134'-194"
23'-88" 134'-194"
Inter-H-L (h 5-CL 126) 223"-214" 223"-214"
Inter-H-H (h 11, h 14) 229"-229" 232"-232"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 300, 300"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires
complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarijos complejos fucosilados

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

Site specific cysteine / Cystéine spécifique de site / Cisteína específica de sitio
L 8-mer: 222', 222"

Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados
C (222', 222")
entudotin:mAb ~ 2:1



cenacitinibum
cenacitinib

N-[5-[(7-fluoro-2,3-dihydro-1,4-benzodioxin-5-yl)amino]-7-(methylamino)pyrazolo[1,5-a]pyrimidin-3-yl]-N'-[(1R,2S)-2-fluorocyclopropyl]urea
Janus kinase inhibitor, anti-inflammatory

cénacitinib

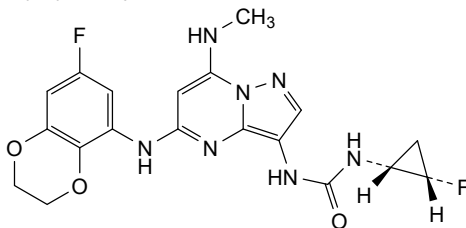
N-[5-[(7-fluoro-2,3-dihydro-1,4-benzodioxin-5-yl)amino]-7-(méthylamino)pyrazolo[1,5-a]pyrimidin-3-yl]-N'-[(1R,2S)-2-fluorocyclopropyl]urée
inhibiteur de la kinase Janus, anti-inflammatoire

cenacitinib

N-[(1*R*,2*S*)-2-fluorocyclopropyl]-*N'*-[5-[(7-fluoro-2,3-dihydro-1,4-benzodioxin-5-yl)amino]-7-(métilamino)pirazolo[1,5-*a*]pirimidin-3-yl]urea
inhibidor de la kinasa Janus, antiinflamatorio

C₁₉H₁₉F₂N₇O₃

2641636-52-2



cetuximabum beta #
cetuximab beta

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* EGFR (epidermal growth factor receptor, receptor tyrosine-protein kinase erbB-1, ERBB1, HER1, HER-1, ERBB)], chimeric monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain chimeric (1-449) [VH (*Mus musculus* IGHV2-2*03 (93.8%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (100%)), CDR-IMGT [8.7.13] (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 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-214')-disulfide with L-kappa light chain chimeric (1'-214') [V-KAPPA (*Mus musculus* 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, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214'')]; dimer (228-228":231-231")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform beta
epidermal growth factor receptor (EGFR) antagonist,
antineoplastic

cétuximab bêta

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* EGFR (récepteur du facteur de croissance épidermique, récepteur tyrosine-protéine kinase erbB-1, ERBB1, HER1, HER-1, ERBB)], anticorps monoclonal chimérique;
chaîne lourde H-gamma1 chimérique (1-449) [VH (*Mus musculus* IGHV2-2*03 (93.8%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (100%)), CDR-IMGT [8.7.13] (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 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa chimérique (1'-214') [V-KAPPA (*Mus musculus* 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, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214'')]; dimère (228-228":231-231")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme bêta
antagoniste du récepteur du facteur de croissance épidermique (EGFR), antinéoplasique

cetuximab beta

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* EGFR (receptor del factor de crecimiento epidérmico, receptor tirosina-proteína kinasa erbB-1, ERBB1, HER1, HER-1, ERBB)], anticuerpo monoclonal quimérico;
cadena pesada H-gamma1 quimérica (1-449) [VH (*Mus musculus* IGHV2-2*03 (93.8%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (100%)), CDR-IMGT [8.7.13] (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 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa quimérica (1'-214') [V-KAPPA (*Mus musculus* 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, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dímero (228-228":231-231")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada beta
antagonista del receptor del factor de crecimiento epidérmico (EGFR), antineoplásico

205923-56-4

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QVQLKQSGPG LVQPSQSLSI TCTVSGFSLT NYGVHWVRQS PGKGLEWLGV 50
IWSGGNDYD TPFTSRLSIN KDNSKSQVFF KMNSLQSDNT AIYYCARALT 100
YYDYEFAYWG QGTLTVTSAA STKGPSVFPL APSKSTSGG TAALGCLVKD 150
YFPEFVTVSW NSGALTSGVH TFPVQLQSSG LYSLSVTVV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHNKPSN TKVDKRVEPK SCDKTHTCPP CPAPELLGGP SVFLFPPKPK 250
DTLMISRTP E VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
YTLPPSREEM TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL 400
DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DILLTQSPVI LSVSPGERVS FSCRASQSIG TNIHWYQORT NGSPRLLIKY 50
ASESISGIPS RFSGSGSGTD FTLINSVES EDIADYICQQ NNNWPTTPGA 100
GTKLELKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWVK 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSSTLT LSKADYEHKK 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-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 VH N97: 88, 88"
G2F-N-acetylneuraminic acid (NANA), G2F-2NANA and G2F glycans / glycanes
G2F-N-acide acétylneuraminique (NANA), G2F-2NANA et G2F / glicanos ácido
G2F-N-acetilneuramínico (NANA), G2F-2NANA y G2F
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"

ciletatugum #

ciletatug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudin 18, claudin-18, surfactant associated protein J, SFTPJ) isoform 2], humanized monoclonal antibody; H-gamma1 heavy chain humanized (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03v (100%) G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-220')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-28*01 (85.1%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')]; dimer (228-228":231-231")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa *anti-claudin, antineoplastic*

cilétatug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudine 18, claudine-18, protéine J associée au surfactant, SFTPJ) isoforme 2]; anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03v (100%) G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-220')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-28*01 (85.1%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')]; dimère (228-228":231-231")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa *anti-claudine, antinéoplasique*

ciletatug

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudina 18, claudina-18, proteína J asociada con el surfactante, SFTPJ) isoforma 2]; anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03v (100%) G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-220')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-28*01 (85.1%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')]; dímero (228-228":231-231")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa *anticlaudina, antineoplásico*

2897622-41-0

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYAFT NYLIEWVRQA PGQGLEWMGL 50
INPGSGGTNY NEKFKGRVTM TRDTSTSTVY MELSSLSRSED TAVYYCARGG 100
YYGNSFAYWG QGTLVTVSSA STKGPSVFPL APSKSTSGG TAALGCLVKD 150
YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFPVAVLQSSG LYSLSVSVTV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHNKPSN TKVDKKVEPK SCDKTHTCPP CPAPELLGGP SVFLFPPKPK 250
DTLMTISRTPE VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
YTLPPSREEM TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL 400
DSGGSFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSCSVN HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIVMTQSPPLS LPVTGPGEPA ISCKSSQSLL NSGNQKNYLT WYLQKPGQSP 50
QLLIYWASTR ESGVPDRFSG SGSGTDFTLK ISRVEAEDVG VYYCQNAYYY 100
PYTFGGGTKV EIKRTVAAPS VFIFPPSDEQ LKSGTASVVC LLNNFYPREA 150
KVQWKVDNAL QSGNSQESVT EQDSKDSYST LSSTLTLSKA DYKHKHYVAC 200
EVTHQGLSSP VTKSFNRGEC 220

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22'-96" 146"-202" 263"-323" 369'-427"
22"-96" 146"-202" 263"-323" 369"-427"
Intra-L (C23-C104) 23'-94" 140"-200"
23"-94" 140"-200"
Inter-H-L (h 5-CL 126) 222'-220" 222"-220"
Inter-H-H (h 11, h 14) 228'-228" 231'-231"

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

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

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

ciletatugum vedotinum #
ciletatug vedotin

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudin 18, claudin-18, surfactant associated protein J, SFTPJ) isoform 2], humanized monoclonal antibody, conjugated on an average of four cysteinyl residues to *vedotin*, comprising a cleavable linker and monomethylauristatin E (MMAE);
H-gamma1 heavy chain humanized (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03v (100%) G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-220')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-28*01 (85.1%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')]; dimer (228-228":231-231")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa; substituted at the sulfur atoms of four L-cysteinyl residues on an average among 222, 228, 231, 220', 222", 228", 231" and 220"" with a group consisting of (3RS)-1-(6-(((2S)-1-(((2S)-5-(carbamoylamino)-1-{4-[[[(2S)-1-(((2S)-1-(((3R,4S,5S)-1-((2S)-2-[[1R,2R)-3-[[[(1S,2R)-1-hydroxy-1-phenylpropan-2-yl]amino]-1-methoxy-2-methyl-3-oxopropyl]pyrrolidin-1-yl)-3-methoxy-5-methyl-1-oxoheptan-4-yl](methyl)amino)-3-methyl-1-oxobutan-2-yl]amino)-3-methyl-1-oxobutan-2-yl](methyl)carbamoyl]oxy)methyl]anilino)-1-oxopentan-2-yl]amino)-3-methyl-1-oxobutan-2-yl]amino)-6-oxohexyl)-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (*vedotin*)
tubulin disruptor, antineoplastic

ciletatug védotine

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudine 18, claudine-18, protéine J associée au surfactant, SFTPJ) isoforme 2], anticorps monoclonal humanisé, conjugué, par quatre résidus cystéinyle en moyenne à la *védotine*, comprenant un linker clivable et monométhylauristatine E (MMAE); chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-449) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-46*01 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens*IGHG1*03v (100%) G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-220')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV2-28*01 (85.1%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')]; dimère (228-228":231-231")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa; substitué sur l'atome de soufre de quatre résidus L-cystéinyle en moyenne parmi 222, 228, 231, 220', 222", 228", 231" et 220"" avec un groupe (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*)
perturbateur de tubuline, antinéoplasique

ciletatug vedotina

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudina 18, claudina-18, proteína J asociada con el surfactante, SFTPJ) isoforma 2], anticuerpo monoclonal humanizado, conjugado, en una media de cuatro residuos cisteinilo a la vedotina, que comprende un enlace escindible y monometilauristatina E (MMAE); cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-449) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-46*01 (86.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens*IGHG1*03v (100%) G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-220')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV2-28*01 (85.1%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')]; dímero (228-228":231-231")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa; sustituido en el átomo de azufre de cuatro residuos L-cisteinilo en una media entre 222, 228, 231, 220', 222", 228", 231" y 220"" con un grupo (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-hidroxi-1-fenilpropan-2-il]amino]-1-metoxi-2-metil-3-oxopropil]pirrolidin-1-il]-3-metoxi-5-metil-1-oxoheptan-4-il](metil)amino]-3-metil-1-oxobutan-2-il]amino]-3-metil-1-oxobutan-2-il](metil)carbamoyl]oxi)metil]anilino]-1-oxopentan-2-il]amino]-3-metil-1-oxobutan-2-il]amino]-6-oxohexil)-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo (*vedotina*)
disruptor de la tubulina, antineoplásico

2897624-59-6

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QQVLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYAFT NYLIEWVRQA PGQGLEWMGL 50
 INPGSGGNTY NEKFKGRVTM TRDTSTSTVY MELSSLRSED TAVYYCARGG 100
 YYGNSFAYWG QGTILVTVSSA STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
 YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFAVLQSSG LYSLSVVTV PSSSLGTQTY 200
 ICNVNKKPSN TKVDKKVEPK SCDKTHTCP CPAPELLGGP SVFLFPPKPK 250
 DTLMISRTPE VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
 TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
 YTLPPSREEM TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL 400
 DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

DIVMTQSPLS LPVTPGEPAS ISCKSSQSLN NSGNQKNYLT WYLQKPGQSP 50
 QLLIYWASTR ESGVPDRFSG SGSGTDFTLK ISRVEAEDVG VYVCQNAYYY 100
 PYTFGGGTVK EIKRTVAAPS VFIFPPSDEQ LKSGTASVVC LLNNFYPREA 150
 KVQWKVDNAL QSGNSQESVT EQDSKSTYS LSSTLTLSKA DYEKKHYVAC 200
 EVTHQGLSSP VTKSFNRGEC 220

Post-translational modification

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

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

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

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

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

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

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

*At least two of the four inter-chain disulfide bridges are not present, an average of four 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, quatre cystéinyl en moyenne étant chacun conjugué via une liaison thioéther à un linker-principe actif.

*Al menos dos de los cuatro puentes disulfuro inter-catenarios no están presentes, una media de cuatro cisteinil está conjugada a conectores de principio activo.

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

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

H VH Q1: 1, 1"

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

H CH2 N84.4: 299, 299"

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

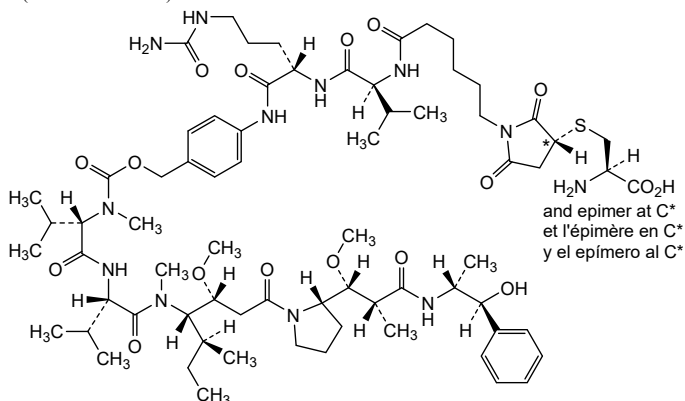
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: 449, 449"

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

C (222, 228, 231, 220', 222", 228", 231", 220''')

*(vedotin:mAb ~ 4:1)



cizutamigum #

cizutamig

immunoglobulin [L-kappa-H-gamma1_VH-G1(CH1-h)]_L-kappa] dimer, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF17 (tumor necrosis factor (TNF) receptor superfamily member 17, B cell maturation antigen, BCMA, TNFRSF13A, CD269)] and anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], humanized monoclonal antibody, bispecific; fused L-kappa-H-gamma1 heavy chain anti-TNFRSF17 and anti-CD3E humanized (1-663) [[L-kappa anti-TNFRSF17 humanized (1-214) [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (82.1%) -IGKJ2*02 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1-107) -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153), V101 (191)) (108-214)] - H-gamma1 heavy chain anti-CD3E humanized (215-663) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*02 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%) L123>T (328), CDR-IMGT [8.8.12] (240-247.265-272.311-322)) (215-333) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14, IGHG1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 R120>K (430) (334-431), hinge 1-15 (432-446), CH2 L1.3>A (450), L1.2>A (451) (447-556), CH3 E12 (572), M14 (574) (557-661), CHS (662-663)) (334-663)]]; (214-224')-disulfide with VH-G1(CH1-h) light chain anti-TNFRSF17 humanized (1'-224') [VH (*Homo sapiens* IGHV1-3*03 (84.7%) -IGHD -IGHJ4*01 (92.3%) L123>T (116'), CDR-IMGT [8.8.14] (26'-33'.51'-58'.97'-110')) (1'-121') - *Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120 (CH1 R120>K (218') (122'-219'), hinge 1-5 (220'-224')) (122'-224')]]; (436-219'')-disulfide with L-kappa light chain anti-CD3E humanized (1'''-219'') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (91.8%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.8] (27'''-38'''-56'''-58'''-95'''-102''')) (1'''-112''') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'''), V101 (196''')) (113'''-219'')]]; dimer (442-442'':445-445'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
immunostimulant, antineoplastic

cizutamig

immunoglobuline dimère [L-kappa-H-gamma1_VH-G1(CH1-h)]_L-kappa], anti-[*Homo sapiens* TNFRSF17 (membre 17 de la superfamille des récepteurs du facteur de nécrose tumorale (TNF), antigène de maturation de cellule B, BCMA, TNFRSF13A, CD269)] et anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], anticorps monoclonal humanisé, bispécifique; chaîne lourde fusionnée [L-kappa-H-gamma1 anti-TNFRSF17 et anti-CD3E humanisée (1-663) [[L-kappa anti-TNFRSF17 humanisée (1-214) [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (82.1%) -IGKJ2*02 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1-107) -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153), V101 (191)) (108-214)] - chaîne lourde H-gamma1 anti-CD3E humanisée (215-663) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*02 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%) L123>T (328), CDR-IMGT [8.8.12] (240-247.265-272.311-322)) (215-333) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14, IGHG1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 R120>K (430) (334-431), charnière 1-15 (432-446), CH2 L1.3>A (450), L1.2>A (451) (447-556), CH3 E12 (572), M14 (574) (557-661), CHS (662-663)) (334-663)]]; (214-224')-disulfure avec la chaîne légère

cizutamig

VH-G1(CH1-h) anti-TNFRSF17 humanisée (1'-224') [VH (*Homo sapiens* IGHV1-3*03 (84.7%) -IGHD -IGHJ4*01 (92.3%) L123>T (116'), CDR-IMGT [8.8.14] (26'-33'.51'-58'.97'-110')) (1'-121') -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120 (CH1 R120>K (218') (122'-219'), charnière 1-5 (220'-224')) (122'-224'))]; (436-219''')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa anti-CD3E humanisée (1'''-219''') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (91.8%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.8] (27'''-38'''-56'''-58'''-95'''-102''')) (1'''-112''') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'''), V101 (196''')) (113'''-219''')]; dimère (442-442'':445-445'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
immunostimulant, antinéoplastique

inmunoglobulina dímero [L-kappa-H-gamma1_VH-G1(CH1-h)]_L-kappa], anti-[*Homo sapiens* TNFRSF17 (miembro 17 de la superfamilia de los receptores del factor de necrosis tumoral (TNF), antígeno de maduración de células B, BCMA, TNFRSF13A, CD269)] y anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 épsilon, Leu-4)], anticuerpo monoclonal humanizado, biespecífico;
cadena pesada fusionada [L-kappa-H-gamma1 anti-TNFRSF17 y anti-CD3E humanizada (1-663)] [[L-kappa anti-TNFRSF17 humanizada (1-214) [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (82.1%) -IGKJ2*02 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27-32.50-52.89-97)) (1-107) -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153), V101 (191)) (108-214)] -cadena pesada H-gamma1 anti-CD3E humanizada (215-663) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*02 (82.7%) -IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%) L123>T (328), CDR-IMGT [8.8.12] (240-247.265-272.311-322)) (215-333) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14, IGHG1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 R120>K (430) (334-431), bisagra 1-15 (432-446), CH2 L1.3>A (450), L1.2>A (451) (447-556), CH3 E12 (572), M14 (574) (557-661), CHS (662-663)) (334-663)]]; (214-224')-disulfuro con la cadena ligera VH-G1(CH1-h) anti-TNFRSF17 humanizada (1'-224') [VH (*Homo sapiens* IGHV1-3*03 (84.7%) -IGHD -IGHJ4*01 (92.3%) L123>T (116'), CDR-IMGT [8.8.14] (26'-33'.51'-58'.97'-110')) (1'-121') -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120 (CH1 R120>K (218') (122'-219'), bisagra 1-5 (220'-224')) (122'-224'))]; (436-219''')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa anti-CD3E humanizada (1'''-219''') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (91.8%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.8] (27'''-38'''-56'''-58'''-95'''-102''')) (1'''-112''') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'''), V101 (196''')) (113'''-219''')]; dímero (442-442'':445-445'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa
inmunoestimulante, antineoplásico

2919209-65-5

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: fused L-kappa (anti-TNFRSF17)-H-gamma1 (anti-CD3E) (H, H¹)

DIQMTQSPSS LSASVGDRTV ITCGASENIY GALNWWYQKP GKAPKLLIYG 50
ATNLATGIPS RFGSGSGGRD FTLTISSLQP EDFATYYCQS VLTTPWTFQG 100
GTKLEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSSILT LSKADYEKHK VIACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGECEVQLVQ SGAEVKKPGA SVKVSCKASG FSFTNYVHVH 250
MRQAPQGGL E WIGWISPGSD NTKYNEKFKG RVTLTADTSI STAYMELSRL 300
RSDDTAVYYC ARDDYGNYYF DWYQGQTTVT VSSASTKGPS VFPLAPSSKS 350
TSGGTAALGC LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFFPAVL QSSGLYSLSS 400
VVTVPSSSLG TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSCDKTH TCPPCPAPEA 450
AGGFSVFLFP PKPKDTLMIS RTEPTVCVVV DVSHEDPEVK FNWYVDGVEV 500
HNAKTKPRE QYNSTYRVVS VLTVLHQDWL NGKEYCKKVS NKALPAPIEK 550
TISKAKQPR EPQVYTLPPS REEMTKNQS LTCLVKGFYP SDIAVEVESN 600
GQPENNYKTT PPVLDSDGSF FLYSKLTVDK SRWQQGNVFS CSMVHEALHN 650
HYTQKSLSL PGK 663

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: VH-G1(CH1-h) anti-TNFRSF17 (L¹, L¹⁰⁰)

EVQLVQSGAE VKKPGASVKV SKKASGYTFT NFWMHWRQA PGQRLWMGA 50
FYFGNDTTY NQKFKGRVTI TADTSASTAY MELSLRSED MAVYYCARG 100
YIGSSDAMDY WQGTITVTS SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGLV 150
KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS SGLYSLSSV TVPSSSLGTQ 200
TYICNVNHKP SNTKVDKKE PKSC 224

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: L-kappa anti-CD3E (L¹⁰⁰, L¹⁰⁰)

DIVMTQSPDS LAVSLGERAT INCKSSQSL NARTRKNYLA WYQKPGQPP 50
KLLIYWASTR ESGVPDRFSG SGSGTDFTLT ISSLQAEDVA VYCKQSYIL 100
RTFGGKTKVE IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVCL LNNFYPREK 150
VQWKVDNALQ SGNSQESVTE QDSKDSSTYSL SSTLTLSKAD YEKHKVYACE 200
VTHQGLSSFP TKSFNRGEC 219

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 23-88 134-194 236-310 360-416 477-537 583-641
23"-88" 134"-194" 236"-310" 360"-416" 477"-537" 583"-641"

Intra-L (C23-C104) 22"-96" 148"-204"
22""-96"" 148""-204""
23""-94"" 139""-199""
23""-94"" 139""-199""

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

Inter-H-L (h 5-CL 126) 436-219" 436"-219""

Inter-H-H (h 11, h 14) 442-442" 445-445"

*CL 126 from the H and H¹ fused L-kappa chain, h 5 from the L¹ and L¹⁰⁰ VH-G1(CH-h) hinge

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

H CH2 N84.4: 513, 513"

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: 663, 663"

clesitamigum #
clesitamig

immunoglobulin [(V-kappa-G4CH1-G1h-H-gamma1_L-kappa)_L-kappa]_[(H-gamma1_L-kappa), anti-*[Homo sapiens* DLL3 (delta-like ligand 3, delta like canonical Notch ligand 3)], anti-*[Homo sapiens* CD3/TNFRSF9 (TNF receptor superfamily member 9, 4-1BB, T cell antigen ILA, CD137) dual non simultaneous], humanized monoclonal antibody, trispecific, trivalent;
fused heavy chain V-kappa-G4CH1-G1h anti-DLL3-H-gamma1 anti-CD3/TNFRSF9 (1-676) [V-kappa-G4CH1-G1h anti-DLL3 humanized (1-215) [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (76.3%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.3.10] (27-34.52-54.91-100))] (1-110) -2-mer diseryl (111-112)- *Homo sapiens*IGHG4*01 G4v97 S10 (CH1 C10>S (126) (113-210) -IGHG1*01 hinge 1-5 (211-215))] (113-215)] -5-mer (tetraglycyl-seryl) linker (216-220) -H-gamma1 heavy chain humanized, anti-CD3/TNFRSF9 (221-676) [VH (*Homo sapiens*

IGHV3-72*01 (78.6%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (86.7%), CDR-IMGT [8.10.19] (246-253.271-280.319-337)) (221-348) - *Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v57 CH1 E26, E119, G1v94 CH1 C94, G1v14 CH2 A1.3, A1.2, G1v29 CH2 A84.4, G1v74 CH3 C10, G1v32 CH3 W22 (knob), G1v78 CH3 L107, A114, G1v89 CH3 R118, E120 (CH1 K26>E (378), S94>C (422), K119>E (444), K120 (445) (349-446), hinge 1-15 (447-461), CH2 L1.3>A (465), L1.2>A (466), N84.4>A (528) (462-571), CH3 S10>C (585), D12 (587), L14 (589), T22>W (597), M107>L (659), N114>A (665), Q118>R (669), S120>E (671) (572-676)) (349-676)]; (215-226')-disulfide with the VH-C-kappa light chain anti-DLL3 humanized (1'-226') [VH (*Homo sapiens* IGHV4-61*02 (72.0%) -IGHD -IGHJ4*01 (86.7%), CDR-IMGT [9.8.11] (26'-34'.52'-59'.98'-108')) (1'-119') -*Homo sapiens* IGKC*01 (99.1%) Km3 A45.1, V101, KCv96 A1.4, S1.3 (C-KAPPA R1.4>A (120'), T1.3>S (121'), A45.1 (165'), V101 (203')) (120'-226')]; (451-219''')-disulfide with common L-kappa light chain humanized, anti-CD3/TNFRSF9 (1'''-219''') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-30*02 (80.0%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27'''-37'''-55'''-57'''-94'''-102''')) (1'''-112''') -*Homo sapiens* IGKC*01 (98.1%) Km3 A45.1, V101, KCv57 R12, K13 (C-KAPPA E12>R (128'''), Q13>K (129'''), A45.1 (158'''), V101 (196''')) (113'''-219''')]; H-gamma1 heavy chain anti-CD3/TNFRSF9 humanized (1''-456'') [VH (*Homo sapiens* IGHV3-72*01 (78.6%) - (IGHD) -IGHJ6*01 (86.7%), CDR-IMGT [8.10.19] (26'-33'.51''-60''.99''-117'')) (1''-128'') -*Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v57 CH1 E26, E119, G1v94 CH1 C94, G1v14 CH2 A1.3, A1.2, G1v29 CH2 A84.4, G1v75 CH3 C5, G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole), G1v78 CH3 L107, A114, G1v89 R118, E120 (CH1 K26>E (158''), S94>C (202''), K119>E (224''), K120 (225'') (129''-226''), hinge 1-15 (227''-241''), CH2 L1.3>A (245''), L1.2>A (246''), N84.4>A (308'') (242''-351''), CH3 Y5>C (360''), D12 (367''), L14 (369''), T22>S (377''), L24>A (379''), Y86>V (418''), M107>L (439''), N114>A (445''), Q118>R (449''), S120>E (451'') (352''-456'')) (129''-456'')], (231''-219''')-disulfide with common L-kappa light chain humanized, anti-CD3/TNFRSF9 (1'''-219''') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-30*02 (80.0%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27'''-37'''-55'''-57'''-94'''-102''')) (1'''-112''') -*Homo sapiens* IGKC*01 (98.1%) Km3 A45.1, V101, KCv57 R12, K13 (C-KAPPA E12>R (128'''), Q13>K (129'''), A45.1 (158'''), V101 (196''')) (113'''-219''')]; heterodimer (422-202'':457-237'':460-240'':585-360'')-tetrakisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DXB11, non-glycosylated *antineoplastic*

clésitamig

immunoglobuline [(V-kappa-G4CH1-G1h-H-gamma1_L-kappa)_L-kappa]_(H-gamma1_L-kappa), anti-[*Homo sapiens* DLL3 (delta-like ligand 3, delta like canonical Notch ligand 3)], anti-[*Homo sapiens* CD3/TNFRSF9 (membre 9 de la superfamille des récepteurs du TNF, 4-1BB, antigène ILA des cellules T, CD137) double non simultané], anticorps monoclonal humanisé, trispécifique, trivalent;

chaîne lourde fusionnée V-kappa-G4CH1-G1h anti-DLL3-H-gamma1 anti-CD3/TNFRSF9 (1-676) [V-kappa-G4CH1-G1h anti-DLL3 humanisé (1-215) [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (76.3%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.3.10] (27-34.52-54.91-100)) (1-110) -dimer diséryl (111-112) -*Homo sapiens* IGHG4*01 G4v97 S10 (C10>S (126) (113-210) -IGHG1*01 charnière 1-5 (211-215)) (113-215)] -5-mer (tétraglycyl-séryl) linker (216-220) -chaîne lourde H-gamma1 humanisée, anti-CD3/TNFRSF9 (221-676) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-72*01 (78.6%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (86.7%), CDR-IMGT [8.10.19] (246-253.271-280.319-337)) (221-348) -*Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v57 CH1 E26, E119, G1v94 CH1 C94, G1v14 CH2 A1.3, A1.2, G1v29 CH2 A84.4, G1v74 CH3 C10, G1v32 CH3 W22 (knob), G1v78 CH3 L107, A114, G1v89 CH3 R118, E120 (CH1 K26>E (378), S94>C (422), K119>E (444), K120 (445) (349-446), charnière 1-15 (447-461), CH2 L1.3>A (465), L1.2>A (466), N84.4>A (528) (462-571), CH3 S10>C (585), D12 (587), L14 (589), T22>W (597), M107>L (659), N114>A (665), Q118>R (669), S120>E (671) (572-676)) (349-676)]]; (215-226')-disulfure avec la chaîne légère VH-C-kappa anti-DLL3 humanisée (1'-226') [VH (*Homo sapiens* IGHV4-61*02 (72.0%) -IGHD -IGHJ4*01 (86.7%), CDR-IMGT [9.8.11] (26'-34'.52'-59'.98'-108')) (1'-119') -*Homo sapiens* IGKC*01 (99.1%) Km3 A45.1, V101, KCv96 A1.4, S1.3 (C-KAPPA R1.4>A (120'), T1.3>S (121'), A45.1 (165'), V101 (203')) (120'-226')]]; (451-219'')-disulfure avec la chaîne légère commune L-kappa humanisée, anti-CD3/TNFRSF9 (1'''-219''') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-30*02 (80.0%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27'''-37''' .55'''-57''' .94'''-102''')) (1'''-112''') -*Homo sapiens* IGKC*01 (98.1%) Km3 A45.1, V101, KCv57 R12, K13 (C-KAPPA E12>R (128'''), Q13>K (129'''), A45.1 (158'''), V101 (196''')) (113'''-219''')]]; chaîne lourde H-gamma1 anti-CD3/TNFRSF9 humanisée (1"-456'') [VH (*Homo sapiens* IGHV3-72*01 (78.6%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (86.7%), CDR-IMGT [8.10.19] (26"-33".51"-60".99"-117'')) (1"-128'') -*Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v57 CH1 E26, E119, G1v94 CH1 C94, G1v14 CH2 A1.3, A1.2, G1v29 CH2 A84.4, G1v75 CH3 C5, G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole), G1v78 CH3 L107, A114G1v89 R118, E120 (CH1 K26>E (158''), S94>C (202''), K119>E (224''), K120 (225'') (129"-226''), charnière 1-15 (227"-241''), CH2 L1.3>A (245''), L1.2>A (246''), N84.4>A (308'') (242"-351''), CH3 Y5>C (360''), D12 (367''), L14 (369''), T22>S (377''), L24>A (379''), Y86>V (418''), M107>L (439''), N114>A (445''), Q118>R (449''), S120>E (451'') (352"-456'') (129"-456'')], (231"-219''')- disulfure avec la chaîne légère commune L-kappa humanisée, anti-CD3/TNFRSF9 (1''''-219''') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-30*02 (80.0%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27''''-37'''' .55''''-57'''' .94''''-102''')) (1''''-112''') -*Homo sapiens* IGKC*01 (98.1%) Km3 A45.1, V101, KCv57 R12, K13 (C-KAPPA E12>R (128'''), Q13>K (129'''), Km3 A45.1 (158'''), V101 (196''')) (113''''-219''')]]; heterodimère (422-202":457-237":460-240":585-360'')-tetrakisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DXB11, non-glycosylé
antinéoplasique

clesitamid

inmunoglobulina [(V-kappa-G4CH1-G1h-H-gamma1_L-kappa)_L-kappa]_[(H-gamma1_L-kappa), anti-*[Homo sapiens* DLL3 (delta-like ligando 3, delta like canonical Notch ligando 3)], anti-*[Homo sapiens* CD3/TNFRSF9 (miembro 9 de la superfamilia de los receptores del TNF, 4-1BB, antígeno ILA de las células T, CD137) doble no simultánea], anticuerpo monoclonal humanizado, trispecífico, trivalente;

cadena pesada fusionada V-kappa-G4CH1-G1h anti-DLL3-H-gamma1 anti-CD3/TNFRSF9 (1-676) [V-kappa-G4CH1-G1h anti-DLL3 humanizada (1-215) [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (76.3%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.3.10] (27-34.52-54.91-100)) (1-110) -dímero diseril (111-112) -*Homo sapiens* IGHG4*01 G4v97 S10 (C10>S (126) (113-210) -IGHG1*01 bisagra 1-5 (211-215)) (113-215)] -5-mer (tetraglicil-seril) linker (216-220) -cadena pesada H-gamma1 humanizada, anti-CD3/TNFRSF9 (221-676) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-72*01 (78.6%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (86.7%), CDR-IMGT [8.10.19] (246-253.271-280.319-337)) (221-348) -*Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v57 CH1 E26, E119, G1v94 CH1 C94, G1v14 CH2 A1.3, A1.2, G1v29 CH2 A84.4, G1v74 CH3 C10, G1v32 CH3 W22 (knob), G1v78 CH3 L107, A114, G1v89 CH3 R118, E120 (CH1 K26>E (378), S94>C (422), K119>E (444), K120 (445) (349-446), bisagra 1-15 (447-461), CH2 L1.3>A (465), L1.2>A (466), N84.4>A (528) (462-571), CH3 S10>C (585), D12 (587), L14 (589), T22>W (597), M107>L (659), N114>A (665), Q118>R (669), S120>E (671) (572-676)) (349-676)]]; (215-226')-disulfuro con la cadena ligera VH-C-kappa anti-DLL3 humanizada (1'-226') [VH (*Homo sapiens* IGHV4-61*02 (72.0%) -IGHD -IGHJ4*01 (86.7%), CDR-IMGT [9.8.11] (26'-34'.52'-59'.98'-108')) (1'-119') -*Homo sapiens* IGKC*01 (99.1%) Km3 A45.1, V101, KCv96 A1.4, S1.3 (C-KAPPA R1.4>A (120'), T1.3>S (121'), A45.1 (165'), V101 (203')) (120'-226')]]; (451'-219''')-disulfuro con la cadena ligera común L-kappa humanizada, anti-CD3/TNFRSF9 (1'''-219''') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-30*02 (80.0%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27'''-37'''-55'''-57'''-94'''-102''')) (1'''-112''') -*Homo sapiens* IGKC*01 (98.1%) Km3 A45.1, V101, KCv57 R12, K13 (C-KAPPA E12>R (128'''), Q13>K (129'''), A45.1 (158'''), V101 (196''')) (113'''-219''')]]; cadena pesada H-gamma1 anti-CD3/TNFRSF9 humanizada (1''-456'') [VH (*Homo sapiens* IGHV3-72*01 (78.6%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (86.7%), CDR-IMGT [8.10.19] (26''-33''.51''-60''.99''-117'')) (1''-128'') -*Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v57 CH1 E26, E119, G1v94 CH1 C94, G1v14 CH2 A1.3, A1.2, G1v29 CH2 A84.4, G1v75 CH3 C5, G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole), G1v78 CH3 L107, A114G1v89 R118, E120(CH1 K26>E (158''), S94>C (202''), K119>E (224''), K120 (225'') (129''-226''), bisagra 1-15 (227''-241''), CH2 L1.3>A (245''), L1.2>A (246''), N84.4>A (308'') (242''-351''), CH3 Y5>C (360''), D12 (367''), L14 (369''), T22>S (377''), L24>A (379''), Y86>V (418''), M107>L (439''), N114>A (445''), Q118>R (449''), S120>E (451'') (352''-456'')) (129''-456'')]]; (231''-219''')-disulfuro con la cadena ligera común L-kappa humanizada, anti-CD3/TNFRSF9 (1'''-219''') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-30*02 (80.0%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27'''-37'''-55'''-57'''-94'''-102''')) (1'''-112''') -*Homo sapiens* IGKC*01 (98.1%) Km3 A45.1, V101, KCv57 R12, K13 (C-KAPPA E12>R (128'''), Q13>K (129'''), Km3 A45.1 (158'''), V101 (196''')) (113'''-219''')]]; heterodímero (422-202'':457-237'':460-240'':585-360'')-tetrakisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DXB11, no glicosilado

antineoplásico

2930861-48-4

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: fused V-kappa-G4CH1-G1h anti-DLL3-H-gamma1 anti-CD3/TNFRSF9 (H)

DIQLTQSPSF LSASVGDVRT ITCQSTESVY GSDWLSWYQQ KPGQPPKKLLI 50
 YQASNLEIGV PSRFSGSGSG TDFTLTINSL EAEDAATYYC QGYYSGYIYA 100
 FGGGTKEVEIK SSASTKGPSV FFLAPSSRST SESTAALGCL VKDYFPEPVT 150
 VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ SSGLYSLSSV VTPVSSSLGT KTYTCNVNDHK 200
 PSNTKVDKRV EPKSCGGGGS QVQLVESGGG LVQPGRSLRL SCAASGFKFS 250
 NVWFHWRVQA PGKGLEWVAQ IKDYINAYAA YYAPSVKGRF TISRDDSKNS 300
 IYLMNSLKT EDTAVYYCHY VHYASASTLL PAEGVDWAGQ GTTVTVSSAS 350
 TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVEDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT 400
 FPAVLQSSGL YSLSSVVTVP SCSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDEKVEPKS 450
 CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE 500
 DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYAST YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY 550
 KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY TLPPCRDEL TKNQVSLWCLV 600
 KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ 650
 GNVFSCSVLH EALHAHYTRK ELSLSP 676

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

QVTLRESGPA LVKPTQTILT TCTFSGFSLSSSYDMGWVRQ APQGQLEWMG 50
 TIYTGDYSTD YASWAKGRVT ISVDRSNQF SLKLSSTVTA DTAVYYCARH 100
 TGYGYFGLWG QGTLVTVSSA SVAAPSVFIF PPSDEQLKSG TASVVCLLNN 150
 FYPREAKVQW KVDNALQSGN SQESVTEQDS KDSTYLSST LTLKADYEEK 200
 HKVYACEVTH QGLSSPVTKS FNRGEC 226

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: anti-CD3/TNFRSF9 common (L",L''')

DIVMTQSPFLS LPVTPGEPAS ISCQPSQEVV HMNRNTYLHW YQQKPGQAPR 50
 LLIYKVSNRV PGVPDRFSGS GSGTDFTLKI SRVEAEDVGV YYCAQGTSHP 100
 FTFGGGTKLE IKRTVAAPSV FIFPPSDRKL KSGTASVCL LNNFYFREAK 150
 VQWKVDNALQ SGNSSQESVTE QDSKDYSTYSL SSTLTLSKAD YEKHKVYACE 200
 VTHQGLSSPV TKSFNRGEC 219

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: H-gamma1 anti-CD3/TNFRSF9 (H'')

QVQLVESGGG LVQPGRSLRL SCAASGFKFS NVWFHWRVQA PGKGLEWVAQ 50
 IKDYINAYAA YYAPSVKGRF TISRDDSKNS IYLMNSLKT EDTAVYYCHY 100
 VHYASASTLL PAEGVDWAGQ GTTVTVSSAS TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT 150
 AALGCLVEDY FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL YSLSSVVTVP 200
 SCSLGTQTYI CNVNHKPSNT KVDEKVEPKS CDKTHTCPPC PAPEAAGGPS 250
 VFLFPPKPKD TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT 300
 KPREEQYAST YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA 350
 KGQPREPQVC TLPPSRDEL TKNQVSLSCAV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN 400
 NYKTTTPVLD SDGSFFLVSK LTVDKSRWQQ GNVFSCSVLH EALHAHYTRK 450
 ELSLSP 456

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

Intra-H (C23-C104) 23-90 139-195 242-318 375-431 492-552 598-656
 22"-98" 155"-211" 272"-332" 378"-436"
 Intra-L (C23-C104) 22'-97' 146'-206'
 23'''-93''' 139'''-199'''
 23'''-93''' 139'''-199'''

Inter-H-L (h 5-CL 126) 215-226' 451-219''' 231"-219'''

Inter-H-H (h 11, h 14) 457-237" 460-240"

Inter-H-H CH1 (C94-C94)* 422-202"

Inter-H-H CH3 (C10-C5)** 585-360"

*variant G1v94 (CH1 C94) of H and H'' creating an additional inter-H-H disulfide bond

**variants G1v74 (CH3 C10) and G1v75 (CH3 C5) creating an additional inter-H-H disulfide bond

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

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

H VH Q1: 1"

L VH V-KAPPA Q1: 1'

No N-glycosylation sites / pas de sites de N-glycosylation / ningun posición de N-glicosilación
 H CH2 N84,4>A (G1v29): 528, 308"

comsaleucelum

comsaleucel

human culture expanded activated autologous tumour-infiltrating lymphocytes (TIL) isolated from cervical cancer tissue. The cells are mechanically and enzymatically isolated from resected tumour biopsy of patients and cultured in serum-free media containing recombinant interleukin 2 (IL-2). The cells are activated in serum-free media using anti-CD3 antibody, IL-2 and then further expanded in the presence of irradiated allogeneic peripheral-blood mononuclear cells (PBMCs) derived from healthy donors. The T lymphocytes (>90% CD45+CD3+) are a heterogeneous mixture of CD4+ and CD8+ TILs predominantly with effector memory, central memory and effector cell subsets, and a low level of CD45+CD3-CD56+ natural killer (NK) cells (0-10%). The T-lymphocytes demonstrate cytolytic activity and secrete cytokines in a co-culture-based assay
cell therapy (antineoplastic)

comsaleucel

lymphocytes humains autologues infiltrant les tumeurs (TIL), isolés de tissus d'un cancer du col de l'utérus. Les cellules ont été mises en expansion et activées. Les cellules sont isolées mécaniquement et enzymatiquement à partir d'une biopsie tumorale de patientes et cultivées dans un milieu sans sérum, contenant de l'interleukine-2 (IL-2) recombinante. Les cellules sont activées dans un milieu exempt de sérum à l'aide d'un anticorps anti-CD3 et d'IL-2, puis mises en expansion en présence de cellules mononucléées allogéniques du sang périphérique (CMSP) irradiées, provenant de donneurs sains. Les lymphocytes T (>90% de CD45+CD3+) sont un mélange hétérogène de TIL CD4+ et CD8+ avec, principalement, des sous-ensembles des cellules avec effecteurs à mémoire, à mémoire centrale, et effectrices, et un faible taux de cellules tueuses naturelles (NK) CD45+CD3-CD56+ (0-10%). Les lymphocytes T démontrent une activité cytolytique et sécrètent des cytokines, dans un essai basé sur une co-culture
thérapie cellulaire (antineoplasique)

comsaleucel

linfocitos T infiltrantes de tumor (TIL) humanos autólogos, activados, expandidos en cultivo, aislados de tejido de cáncer cervical. Las células se aíslan mecánica y enzimáticamente a partir de biopsia de tumor resecionado de pacientes y cultivados en medio sin suero que contiene interleuquina 2 (IL-2) recombinante. Las células se activan en medio sin suero usando anticuerpo anti-CD3, IL-2 y después se expanden en presencia de células mononucleares de sangre periférica (PBMCs) alogénicas irradiadas derivadas de donantes sanos. Los linfocitos T (>90% CD45+CD3+) son una mezcla heterogénea de TILs CD4+ y CD8+ predominantemente con subtipos de memoria efectora, memoria central y células efectoras y un nivel bajo (0-10%) de células natural killer (NK) CD45+CD3-CD56+. Los linfocitos T demuestran actividad citolítica y secretan citoquinas en un ensayo basado en co-cultivo
terapia celular (antineoplásico)

dalnacogenum ponparvovecum #

dalnacogene ponparvovec

recombinant, self-complementary, non-replicating adeno-associated virus, synthetic liver-tropic serotype 843 (rAAV843) vector, encoding a codon-optimised (CpG reduced) gain of function variant (Padua variant; R338L) of human coagulation factor IX (FIX), under control of a synthetic liver-specific Lxp2.1 promoter and a synthetic polyadenylation (polyA) sequence derived from the rabbit beta-globin gene polyA signal. The expression cassette also contains a human DNA-dependent RNA polymerase II gene intron, a Kozak sequence, a human immunoglobulin heavy chain variable region gene intron inserted into the middle of the FIX coding region, and an enhancer derived from the promoter region of human alpha-1-antitrypsin. The transgene is flanked by adeno-associated virus 2 (AAV2) inverted terminal repeats (ITRs)

gene therapy (hemophilia B)

dalnacogène ponparvovec

vecteur recombinant, auto-complémentaire, non réplcatif, du virus adéno-associé de sérotype hépatotropique synthétique 843 (rAAV843) codant pour un variant du facteur IX (FIX) de coagulation humain avec gain de fonction (variant de Padoue; R338L), optimisé par codon (CpG réduit), sous contrôle d'un promoteur synthétique hépatospécifique Lxp2.1 et d'une séquence de polyadénylation (polyA) dérivée du signal polyA du gène de la bêta-globine de lapin. La cassette d'expression comprend également un intron du gène de l'ARN polymérase II dépendant de l'ADN humain, une séquence de Kozak, un intron du gène de la région variable de la chaîne lourde de l'immunoglobuline humaine qui est inséré au milieu de la région codante de FIX, et un activateur dérivé de la région promotrice de l'alpha-1-antitrypsine humaine. Le transgène est flanqué de répétitions terminales inversées (ITR) du virus adéno-associé de sérotype 2 (AAV2)

thérapie génique (hémophilie B)

dalnacogén ponparvovec

vector de virus adenoasociado del serotipo sintético 843, recombinante (rAAV843), con tropismo hepático, no replicativo, auto complementario que codifica para una variante con ganancia de función (variante Padua; R338L) con codones optimizados (CpG reducidos) del factor de coagulación IX (FIX) humano, bajo el control de un promotor sintético Lxp2.1 específico de hígado y una secuencia de poliadenilación (poliA) sintética derivada de la señal poliA del gen de la beta-globina de conejo. El casete de expresión también contiene un intrón del gen de la ARN polimerasa II dependiente de ADN humana, una secuencia Kozak, un intrón del gen de la región variable de la cadena pesada de inmunoglobulina humana insertado en el medio de la región codificadora de FIX, y un potenciador derivado de la región promotora de la alfa-1-antitripsina humana. El transgén está flanqueado por las repeticiones terminales invertidas (ITRs) del virus adenoasociado 2 (AAV2)

terapia génica (hemofilia B)

2770683-67-3

delpacibartum braxlosiranum #

delpacibart braxlosiran

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TFRC (transferrin receptor, Tfr1, TFR1, CD71)], humanized monoclonal antibody, conjugated on an average of one cysteinyl residue via a 4-(maleimidomethyl)cyclohexanecarboxamide linker with a double-stranded small interfering RNA (siRNA) (*braxlosiran*);

H-gamma1 heavy chain humanized (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*06 (87.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116) -*Homo sapiens* IGHG1*03.G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v14 CH2 A1.3, A1.2, G1v48 CH2 R113 (CH1 R120 (213) (117-214), hinge 1-15 (215-229), CH2 L1.3>A (233), L1.2>A (234), L113>R (327) (230-339), CH3 E12 (355), M14 (357) (340-444), CHS K2>del (445)) (117-445)], (219-214)-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-NL1*01 (84.2%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimer (225-225'': 228-228'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa; substituted on average at one sulfur atom of cysteine residue 219, 214', 219'' or 214''' with a group consisting of *all-P-ambo*-2'-O-methyl-*P*-thiouridylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoro-*P*-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorocytidylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroguanilyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyl-*P*-thioguanilyl-(3'→5')-2'-O-methyl-*P*-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridine duplex with *all-P-ambo*-(3*RS*)-1-({*cis*- and/or *trans*-4-[(6-{[2'-O-methyl-*P*-thioadenylyl-(5'→3')-2'-O-methyl-*P*-thioguanilyl-(5'→3')-2'-O-methylguanylyl-(5'→3')-2'-O-methyluridylyl-(5'→3')-2'-O-methyluridylyl-(5'→3')-2'-O-methyluridylyl-(5'→3')-2'-O-methylguanylyl-(5'→3')-2'-O-methylcytidylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroguanilyl-(5'→3')-2'-O-methylguanylyl-(5'→3')-2'-O-methylcytidylyl-(5'→3')-2'-O-methyl-*P*-thioadenylyl-(5'→3')-2'-O-methyl-*P*-thioguanilyl-(5'→3')-2'-O-methyl-5'-cytidylyl]oxy}hexyl)carbamoylethyl)cyclohexyl)methyl)-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (*braxlosiran*)

double homeobox protein 4 (DUX4) protein expression inhibitor

delpacibart braxlosiran

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TFRC (récepteur de la transferrine, Tfr1, TFR1, CD71)], anticorps monoclonal humanisé, conjugué par un résidu cystéinyle en moyenne via un linker 4-(maléimidométhyl)cyclohexanecarboxamide avec un petit ARN interférent (siARN) double brin (*braxlosiran*);

[illegible]

delpacibart braxlosirán

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TFRC (receptor de la transferrina, TFR1, TFR1, CD71)], anticuerpo monoclonal humanizado, conjugado en uno residuo cisteinilo por término medio a través de un enlace 4-(maleimidometil)ciclohexanocarboxamida con un ARN pequeño interferente (siARN) doble brin (*braxlosirán*);

cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-445 [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*06 (87.8%) -(IGHD) - IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v14 CH2 A1.3, A1.2, G1v48 CH2R113 (CH1 R120 (213) (117-214), bisagra 1-15 (215-229), CH2 L1.3>A (233), L1.2>A (234), L113>R (230-339), CH3 E12 (355), M14 (357) (340-444), CHS K2>del (445)) (117-445)], (219-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-NL1*01 (84.2%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dímero (225-225": 228-228")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa; sustituido de media en un átomo de azufre de un residuo de cisteína 219, 214', 219" o 214'" por un grupo *todo-P-ambo*-2'-O-metil-*P*-tiouridilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoro-*P*-tiocitidilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroadenilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorocitidilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroguanilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metil-*P*-tioguanilil-(3'→5')-2'-O-metil-*P*-tiouridilil-(3'→5')-2'-O-metiluridina dúplex con *todo-P-ambo*-(3RS)-1-[(*cis*- y/o *trans*-4-[(6-[(2'-O-metil-*P*-tioadenilil-(5'→3')-2'-O-metil-*P*-tioguanilil-(5'→3')-2'-O-metilguanilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-2'-O-metilguanilil-(5'→3')-2'-O-metilcitidilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-2'-O-metilcitidilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluoroadenilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluoroguanilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluoroadenilil-(5'→3')-2'-O-metilguanilil-(5'→3')-2'-O-metilguanilil-(5'→3')-2'-O-metilcitidilil-(5'→3')-2'-O-metil-*P*-tioadenilil-(5'→3')-2'-O-metil-*P*-tioguanilil-(5'→3')-2'-O-metil-5'-citidilil[oxi]hexil)carbamoil[ciclohexil]metil)-2,5-dioxopirrolidin-3-ili (*braxlosirán*) inhibidor de la expresión proteica de la proteína doble homeobox DUX4

2929261-85-6

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada			
QVQLVQSGAE	VKKPGASVKV	SKKASGYTFT	NYWMHWVRQA
INPINGSNY	AEKFGQGRVTL	TVDTSSSTAY	MELSLRLSDD
RAMHYWGQT	LVTVSSASTK	GPSVFPLAPS	SKSTSGGTAA
EPVTVSWNSG	ALTSQVHTFP	AVLQSSGLYS	LSSVTVTPSS
VNHKPSNTKV	DKRVEPKSCD	KTHTCPPCPA	PEAAGGPSVF
MISRTPEVTC	VVVDVSHEDP	EVKFNWYVDG	VEVHNAKTKP
VVSVLTVLHQ	DWLNGKEYKC	KVSNKARPAP	IEKTISKAKG
PPSREEMTKN	QVSLTCLVKG	FYPSDIAVEW	ESNGQPENNY
GSFFLYSKLT	VDKSRWQQGN	VFSCSVMHEA	LHNHYTQKSL
			SLSPG

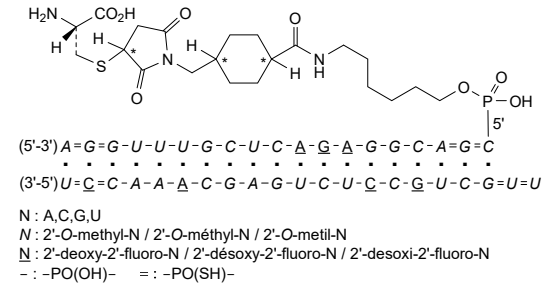
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera			
DIQMTQSPSS	LSASVGDRVT	ITCRTSENIY	NNLAWYQQKP
ATNLADGVPS	RFGSGSGCTD	YTLTISSLQP	EDFATYYCQH
GTKVEIKRTV	AAPSVFIFPP	SDEQLKSGTA	SVVCLLNNFY
DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD	STYLSLSTLT	LSKADYEKHK
LSSPVTKSFN	RGEC		

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"
*One of the three more accessible inter-chain disulfide bridges (2 H-L, h11) is not present, an average of one cysteinyl being conjugated via a thioether bond to a linker-oligonucleotide.
*Un des trois ponts disulfure inter-chaînes les plus accessibles (2 H-L, h11) n'est pas présent, un cystéinyl en moyenne étant conjugué via une liaison thioéther à un linker-oligonucléotide.
*Uno de los tres puentes disulfuro entre cadenas más accesible (2 H-L, h11) no está presente, uno cisteinilo en promedio se conjuga a través de un enlace tioéter a un linker-oligonucleótido.

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

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

Potential modified residues / résidus modifiés potentiels / restos modificados potenciales*
C (219, 214', 219", 214""")
*(*braxlosiran*:mAb ~ 1:1)



delpacibartum zotadirsenum #
delpacibart zotadirsen

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TFRC (transferrin receptor, Tfr1, TFR1, CD71)], humanized monoclonal antibody, conjugated on an average of four cysteinyl residues via a 4-(maleimidomethyl)cyclohexanecarboxamide linker to a single-stranded oligonucleotide (*zotadirsen*);

delpacibart zotadirsen

H-gamma1 heavy chain humanized (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*06 (87.8%) -(IGHD) - IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v14 CH2 A1.3, A1.2, G1v48 CH2R113 (CH1 R120 (213) (117-214), hinge 1-15 (215-229), CH2 L1.3>A (233), L1.2>A (234), L113>R (327) (230-339), CH3 E12 (355), M14 (357) (340-444), CHS K2>del (445)) (117-445)], (219-214)-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-NL1*01 (84.2%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimer (225-225": 228-228")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alpha; substituted at the sulfur atom of an average of four cysteine residues among 219, 225, 288, 214', 219", 225", 228" and 214"" with a group consisting of *all-P-ambo*-(3RS)-1-({*cis*- and/or *trans*-4-[(3-[[2',3'-azanediyl-*P*,2',3'-trideoxy-*P*-(dimethylamino)-2',3'-seco](2'-N→5')(C-G-C-C-G-C-C-A-m⁵U-m⁵U-m⁵U-C-m⁵U-C-A-A-C-A-G-A-m⁵U-C-m⁵U-G-m⁵U-C)-N^{2,26}-yl]-3-oxopropyl)carbamoyl]cyclohexyl)methyl)-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (*zotadirsen*) promotion of functional dystrophin synthesis

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TFRC (récepteur de la transferrine, Tfr1, TFR1, CD71)], anticorps monoclonal humanisé, conjugué par quatre résidus cystéinyle en moyenne via un linker 4-(maléimidométhyl)cyclohexanecarboxamide avec un oligonucléotide simple brin (*zotadirsen*); chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-445 [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*06 (87.8%) -(IGHD) - IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v14 CH2 A1.3, A1.2, G1v48 CH2R113 (CH1 R120 (213) (117-214), charnière 1-15 (215-229), CH2 L1.3>A (233), L1.2>A (234), L113>R (230-339), CH3 E12 (355), M14 (357) (340-444), CHS K2>del (445)) (117-445)], (219-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-NL1*01 (84.2%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT[6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimère (225-225": 228-228")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO),

delpacibart zotadirsén

glycoforme alfa; substitué sur l'atome de soufre de quatre résidus de cystéine en moyenne parmi 219, 225, 228, 214', 219'', 225', 228'' et 214''' avec un groupe *tout-P-ambo*-(3RS)-1-({*cis*- et/ou *trans*-4-[(3-{[2',3'-azanediyl-*P*,2',3'-tridesoxy-*P*-(diméthylamino)-2',3'-séco](2'-*N*→5'))(C-G-C-C-G-C-C-A-m⁵U-m⁵U-m⁵U-C-m⁵U-C-A-A-C-A-G-A-m⁵U-C-m⁵U-G-m⁵U-C)-N^{2',26}-yl)-3-oxopropyl)carbamoil)cyclohexyl)méthyl)-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (*zotadirsén*)
promotion de la synthèse de la dystrophine fonctionnelle

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TFRC (receptor de la transferrina, Tfr1, TFR1, CD71)], anticuerpo monoclonal humanizado, conjugado en cuatro residuos cisteinilo por término medio a través de un enlace
 4-(maleimidometil)ciclohexanocarboxamida con un oligonucleótido simple brin (*zotadirsén*); cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-445 [VH (*Homo sapiens*IGHV1-2*06 (87.8%) - (IGHD) - IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116) -*Homo sapiens*IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v14 CH2 A1.3, A1.2, G1v48 CH2R113 (CH1 R120 (213) (117-214), bisagra 1-15 (215-229), CH2 L1.3>A (233), L1.2>A (234), L113>R (230-339), CH3 E12 (355), M14 (357) (340-444), CHS K2>del (445)) (117-445)], (219-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-NL1*01 (84.2%) - IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT[6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'') (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191'')) (108'-214'')]; dímero (225-225'': 228-228'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa; sustituido en el átomo de azufre de una media de cuatro residuos de cisteína de 219, 225, 228, 214', 219'', 225', 228'' y 214''' con un grupo *todo-P-ambo*-(3RS)-1-({*cis*- y/o *trans*-4-[(3-{[2',3'-azanediil-*P*,2',3'-tridesoxi-*P*-(dimetilamino)-2',3'-seco](2'-*N*→5'))(C-G-C-C-G-C-C-A-m⁵U-m⁵U-m⁵U-C-m⁵U-C-A-A-C-A-G-A-m⁵U-C-m⁵U-G-m⁵U-C)-N^{2',26}-il)-3-oxopropil)carbamoil)ciclohexil)métill)-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo (*zotadirsén*)
promotor de la síntesis de distrofina funcional

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QVQLVQSGAE	VKKPGASVKV	SCKASGYTFT	NYWMHWVRQA	PGQGLEWIGE	50
INPINGRSNY	AEKFQGRVTL	TVDTSSTAY	MELSLRLSDD	TAVYYCARGT	100
RAMHYWGQGT	LTVSSASTK	GPSVFPLAPS	SKSTSGGTAA	LGCLVKDYFP	150
EPVTVSWNSG	ALTSGVHTFP	AVLQSSGLYS	LSSVTVTPSS	SLGTQTYICN	200
VNHKPSNTKV	DKRVEPKSCD	KHTCPCPCA	PEAAGGPSVF	LFPPKPKDTL	250
MISRTPEVTC	VVVDVSHEDP	EVKFNWYVDG	VEVHNAKTKP	REEQYNSTYR	300
VSVLTITLHQ	DWLNKEYKC	KVSNKARPAP	IEKTISKAKG	QPREPQVYTL	350
PPSREEMTKN	QVSLTCLVKG	FYPSDIAVEW	ESNGQPENNY	KTTTPVLDS	400
GSFFLYSKLT	VDKSRWQQGN	VFSCSVMHEA	LHNHYTQKSL	SLSPG	445

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

DIQMTQSPSS	LSASVGDRTV	ITCRTSENIY	NNLAWYQQKP	GKSPKLLIYA	50
ATNLADGVPS	RFSGSGSGTD	YTLTISLQP	EDFATYYCQH	FWGTPITLFGG	100
GTKVEIKRTV	AAPSVFIIPP	SDEQLKSGTA	SVVCLLNNFY	PREAKVQWKV	150
DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD	STYLSLSTLT	LSKADYEKHK	VYACEVTHQG	200
LSSPVTKSFN	RGEC				214

Post-translational modifications

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

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

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

Inter-H-L (h 5-CL 126) * 219-214' 219"-214'''

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

*At least two of the four inter-chain disulfide bridges are not present, an average of four 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, quatre cystéinyl en moyenne étant chacun conjugué via une liaison thioéther à un linker-principe actif.

*Al menos dos de los cuatro puentes disulfuro inter-catenarios no estan presentes, una media de cuatro cisteinil está conjugada a conectores de principio activo.

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

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

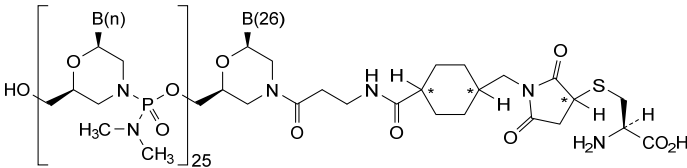
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 296, 296"

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

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

C (219, 225, 288, 214', 219", 225", 228", 214''')

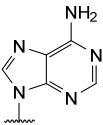
*(cotadirsen:mAb ~ 3.8:1)



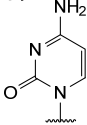
Nucleobase sequence / Séquence nucléobases / Secuencia nucleobases

B(1-26): C-G-C-C-G-C-C-A-m⁵U-m⁵U-m⁵U-C-m⁵U-C-A-A-C-A-G-A-m⁵U-C-m⁵U-G-m⁵U-C

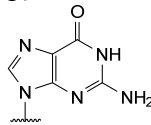
A:



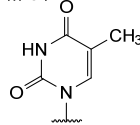
C:



G:



m⁵U:



denrakibartum #

denrakibart

immunoglobulin G2-kappa, anti-[*Homo sapiens* CCL17 (C-C motif chemokine ligand 17, chemokine (C-C motif) ligand 17, small inducible cytokine subfamily A (Cys-Cys) member 17, SCYA17, thymus and activation-regulated chemokine, TARC)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;
H-gamma2 heavy chain *Homo sapiens* (1-447) [VH (*Homo sapiens*IGHV5-51*01 (98.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens*IGHG2*01 G2m.. CH2 V45.1, G2v3 CH2 A1.2, A1, S2, A30, L92, S115, S116 (CH1 P92>T (193) (122-219), hinge 1-12 (220-231), CH2 V1.2>A (235), G1>A (237), P2>S (238), H30>A (268), V45.1 (282), V92>L (309), A115>S (330), P116>S(331) (232-340), CH3 (341-445), CHS (446-447)) (341-447)], (135-220')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV4-1*01 (92.1%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')]; dimer (223-223":224-224":227-227":230-230")-tetrakisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1SV, glycoform alfa
anti-inflammatory

denrakibart

immunoglobuline G2-kappa, anti-[*Homo sapiens* CCL17 (chimiokine (C-C motif) ligand 17, ligand 17 de chimiokine à motif C-C, membre 17 de la sous-famille A (Cys-Cys) des petites cytokines inductrices, SCYA17, chimiokine du thymus à activation régulée, TARC)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;
chaîne lourde H-gamma2 *Homo sapiens* (1-447) [VH (*Homo sapiens*IGHV5-51*01 (98.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens*IGHG2*01 G2m.. CH2 V45.1, G2v3 CH2 A1.2, A1, S2, A30, L92, S115, S116 (CH1 P92>T (193) (122-219), charnière 1-12 (220-231), CH2 V1.2>A (235), G1>A (237), P2>S (238), H30>A (268), V45.1 (282), V92>L (309), A115>S (330), P116>S(331) (232-340), CH3 (341-445), CHS (446-447)) (341-447)], (135-220')-disulfure avec la chaîne légère kappa *Homo sapiens* (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV4-1*01 (92.1%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')]; dimère (223-223":224-224":227-227":230-230")-tétrakisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1SV, glycoforme alfa
anti-inflammatoire

denrakibart

inmunoglobulina G2-kappa, anti-[*Homo sapiens* CCL17 (quimiocina (C-C motif) ligando 17, ligando 17 de quimiocina con motif C-C, miembro 17 de la subfamilia A (Cys-Cys) de las citocinas pequeñas inducida, SCYA17, quimiocina del timo con activación regulada, TARC)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*;
cadena pesada H-gamma2 *Homo sapiens* (1-447) [VH (*Homo sapiens*IGHV5-51*01 (98.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens*IGHG2*01 G2m.. CH2 V45.1, G2v3 CH2 A1.2, A1, S2, A30, L92, S115, S116 (CH1 P92>T (193) (122-219), bisagra 1-12 (220-231), CH2 V1.2>A (235), G1>A (237), P2>S (238), H30>A (268), V45.1 (282), V92>L (309), A115>S (330), P116>S(331) (232-340), CH3 (341-445), CHS (446-447)) (341-447)], (135-220')-disulfuro con la cadena ligera kappa *Homo sapiens* (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV4-1*01 (92.1%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')]; dímero (223-223":224-224":227-227":230-230")-tetraakisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1SV, forma glicosilada alfa
antiinflamatorio

2922866-66-6

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
EVQLVQSGAE VKKPGESLKI SCKGSGYSFT SYWIGWVRQM PGKGLEWMGI 50
IDPSDDSDTRY SPSFQGGVTI SADKSIISTAY LQWSSLKASD TAMYCARVG 100
PADVWDAFDY WQGGTLTVTS SASTKGPSVF PLAPCSRSTS ESTAALGCLV 150
KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS SGLYSLSVV TVTSSNFGTQ 200
TYTCNVDHKP SNTKVDKVE RKCCVECPPE PAPPAAASSV FLFPFKPKDT 250
LMISRTPEVT CVVVDVSAED PEVQFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQFNSTF 300
RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKGLPS SIEKTIISKT GQPREPQVYT 350
LPPSREEMTK NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTTTPMLDS 400
DGSFFFLYSKL TVDKSRWQQG NVFSCSVME ALHNHYTQKS LSLSPGK 447

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIVMTQSPDS LAVSLGERAT INCKSSQSVL LSFNDINKLA WYQQKPGQPP 50
KLLIYDASTR ESGVPDRFSG SSGSTDFTLT ISSLQAEDVA VYQCQFYSV 100
PSTFGQGTKV EIKRTVAAPS VTIFFPSDEQ LKSGTASVVC LLNNFYPREA 150
KVQWKVDNAL QSGNSQESVT EQDSKSTYS LSSTLTLSKA DYKHKVYAC 200
EVTHQGLSSP VTKSFNRGEC 220

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 148-204 261-321 367-425
22"-96" 148"-204" 261"-321" 367"-425"
Intra-L (C23-C104) 23'-94' 140'-200'
23'''-94''' 140'''-200'''
Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 135'-220' 135"-220"
Inter-H-H (h 4, h 5, h 8, h 11) 223-223" 224-224" 227-227" 230-230"
*A/B: h4- CH10 / h4- CL 126 223-135" 223"-220" 227-227" 230-230"
**B: h5- CH10 / h5- CL 126 224-135 224"-220' 227-227" 230-230"

*In addition to the isoform A, isoform A/B in which the inter-H-H (h 4 - h 4) 223-223" and one of the inter-H-L (CH1 10-CL 126) 135"-220" are replaced by an inter-H-H (h 4 - CH1 10) 223-135" and an inter-H-L (h 4- CL 126) 223"-220" / en plus de l'isoforme A, isoforme A/B dans laquelle l'inter-H-H (h 4 - h 4) 223-223" et l'un des inter-H-L (CH1 10-CL 126) 135"-220" sont remplacés par un inter-H-H (h 4 - CH1 10) 223-135" et un inter-H-L (h 4- CL 126) 223"-220" / además de la isoforma A, isoforma A/B en la que el inter-H-H (h 4 - h 4) 223-223" y uno de los inter-H-L (CH1 10-CL 126) 135"-220" se reemplazan por un inter-H-H (h4 - CH1 10) 223-135" y un inter-H-L (h 4- CL 126) 223"-220"

**[Isoform B in which the inter-H-H (h 5 - h 5) 224-224" and the second inter-H-L (CH1 10-CL 126) 135'-220' are also replaced by an inter-H-H (h 5 - CH1 10) 224-135 and an inter-H-L (h 5- CL 126) 224"-220' / isoforme B dans laquelle l'inter-H-H (h 5 - h 5) 224-224" et le second inter-H-L (CH1 10-CL 126) 135'-220' sont aussi remplacés par un inter-H-H (h 5 - CH1 10) 224-135 et un inter-H-L (h 5- CL 126) 224"-220' / isoforma B en la que el inter-H-H (h 5 - h 5) 224-224" y el segundo inter-H-L (CH1 10-CL 126) 135'-220' también se reemplazan por un inter-H-H (h 5 - CH1 10) 224-135 y un inter-H-L (h 5- CL 126) 224"-220'.

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
HCH2 N84.4: 297, 297"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenaríos complejos fucosilados
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
HCHS K2: 447, 447"

deramioceleum
deramiocel

allogeneic cardiosphere-derived cells obtained from cultured human donor myocardial tissue. The tissue is grown in culture until explant derived cells emerge. These cells are then frozen into a Master cell bank until seeded in ultra-low attachment flasks in the presence of bovine serum where they spontaneously form spherical three-dimensional cell clusters termed cardiospheres. The cardiospheres are then disrupted to form adherent single cells, which are further expanded onto fibronectin-coated flasks in the presence of bovine serum with the cells undergoing a range of 5-10 population doubling (PDLs) to be cryopreserved until use.

The cardiosphere-derived cells (CDC) are CD105 high (>90%) and CD45 low (<10%). They retain antifibrotic activity as measured by assessing collagen 1A and 3A messenger RNA (mRNA) levels in fibroblasts cultured with conditioned media collected from CDCs and are evaluated by bioinformatics analyses where the desired mRNA expression profile is correlated with known clinically potent samples lots *cell therapy (Duchenne muscular dystrophy)*

déramiocel

cellules allogéniques dérivées de cardiosphères obtenues, par culture, à partir de tissus myocardiques de donneurs humains. Le tissu est cultivé jusqu'à ce que les cellules dérivées de l'explant émergent. Ces cellules sont ensuite congelées dans une banque de cellules primaires, jusqu'à ce qu'elles soient ensemencées dans des flacons à très faible attachement, en présence de sérum bovin où elles forment spontanément des amas de cellules tridimensionnels sphériques, appelés cardiosphères. Les cardiosphères sont ensuite désorganisées pour former des cellules individuelles adhérentes, qui sont ensuite mises en expansion dans des flacons recouverts de fibronectine en présence de sérum bovin. Les cellules subissent environ 5 à 10 doublements de population avant d'être cryopréservées jusqu'à leur utilisation. Les cellules dérivées des cardiosphères (CDC) présentent un taux élevé de CD105 (≥90%) et un faible taux de CD45 (≤10%). Elles conservent leur activité antifibrotique mesurée en estimant les niveaux d'ARN messager (ARNm) des collagènes 1A et 3A dans les fibroblastes cultivés en milieux conditionnés, collectés à partir des CDC, et sont évaluées par des analyses bioinformatiques où le profil d'expression de l'ARNm souhaité est corrélé avec des lots d'échantillons dont l'efficacité clinique est connue *thérapie cellulaire (dystrophie musculaire de Duchenne)*

deramiocel

células alogénicas derivadas de cardiosferas obtenidas a partir de tejido cultivado de miocardio humano de donante. El tejido se crece en cultivo hasta que emergen células derivadas del explante. Las células se congelan después en un banco de células maestro hasta que se siembran en frascos de adhesión ultra baja en presencia de suero bovino, donde espontáneamente forman agrupaciones tridimensionales esféricas de células llamadas cardioesferas. Las cardioesferas se rompen a continuación para formar células aisladas adherentes, que se expanden en frascos forrados de fibronectina en presencia de suero bovino con las células experimentando un rango de 5-10 duplicaciones poblacionales (PDLs) para ser criopreservadas hasta su uso. Las células derivadas de cardioesferas (CDC) son CD105 alto (>90%) y CD45 bajo (<10%). Las células retienen la actividad antifibrótica medida mediante análisis de los niveles de ARN mensajero (ARNm) de colágeno 1A y 3A en fibroblastos cultivados con medio condicionado recogido de CDCs y se evalúan mediante análisis bioinformáticos donde el perfil de expresión del ARNm deseado se correlaciona con muestras de lotes con potencia clínica conocida *terapia celular (distrofia muscular de Duchenne)*

deulorlatinibum

deulorlatinib

(10*R*)-7-amino-12-fluoro-2-(²H₃)methyl-10,16-dimethyl-15-oxo-10,15,16,17-tetrahydro-2*H*-8,4-(metheno)pyrazolo[4,3-*h*][2,5,11]benzoxadiazacyclotetradecine-3-carbonitrile
tyrosine kinase inhibitor, antineoplastic

deulorlatinib

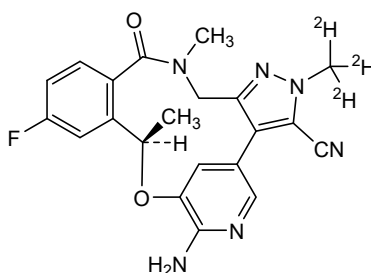
(10*R*)-7-amino-12-fluoro-2-(²H₃)méthyl-10,16-diméthyl-15-oxo-10,15,16,17-tétrahydro-2*H*-8,4-(méthéno)pyrazolo[4,3-*h*][2,5,11]benzoxadiazacyclotétradécine-3-carbonitrile
inhibiteur de tyrosine kinases, antinéoplasique

deulorlatinib

(10*R*)-7-amino-12-fluoro-2-(²H₃)metil-10,16-dimetil-15-oxo-10,15,16,17-tetrahydro-2*H*-8,4-(meteno)pirazolo[4,3-*h*][2,5,11]benzoxadiazacicotetradecina-3-carbonitrilo
inhibidor de la tirosina kinasa, antineoplásico

C₂₁H₁₆²H₃FN₆O₂

2131126-33-3

**dezecapavirum**

dezecapavir

N-[(1*S*)-1-[(3*P*)-3-[4-chloro-3-(methanesulfonamido)-1-methyl-1*H*-indazol-7-yl]-4-oxo-7-(3,3,3-trifluoropropoxy)-3,4-dihydropyrido[2,3-*d*]pyrimidin-2-yl]-2-(3,5-difluorophenyl)ethyl]-2-[(3*bS*,4*aR*)-3-(difluoromethyl)-5,5-difluoro-3*b*,4,4*a*,5-tetrahydro-1*H*-cyclopropa[3,4]cyclopenta[1,2-*c*]pyrazol-1-yl]acetamide
inhibitor of viral replication, antiviral

dézécapavir

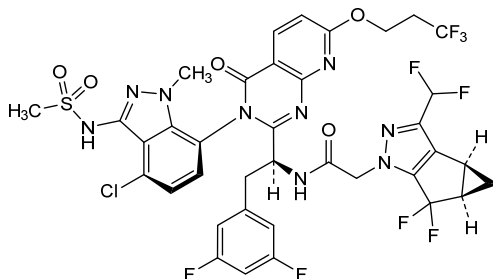
N-[(1*S*)-1-[(3*P*)-3-[4-chloro-3-(méthanesulfonamido)-1-méthyl-1*H*-indazol-7-yl]-4-oxo-7-(3,3,3-trifluoropropoxy)-3,4-dihydropyrido[2,3-*d*]pyrimidin-2-yl]-2-(3,5-difluorophényl)éthyl]-2-[(3*bS*,4*aR*)-3-(difluorométhyl)-5,5-difluoro-3*b*,4,4*a*,5-tétrahydro-1*H*-cyclopropa[3,4]cyclopenta[1,2-*c*]pyrazol-1-yl]acétamide
inhibiteur de la réplication virale, antiviral

dezecapavir

N-[(1*S*)-1-[(3*P*)-3-[4-cloro-3-(metanosulfonamido)-1-metil-1*H*-indazol-7-il]-4-oxo-7-(3,3,3-trifluoropropoxi)-3,4-dihidropirido[2,3-*d*]pirimidin-2-il]-2-(3,5-difluorofenil)etil]-2-[(3*bS*,4*aR*)-3-(difluorometil)-5,5-difluoro-3*b*,4,4*a*,5-tetrahidro-1*H*-ciclopropa[3,4]ciclopenta[1,2-*c*]pirazol-1-il]acetamida
inhibidor de la replicación vírica, antiviral

C₃₇H₂₉ClF₉N₉O₅S

2570323-59-8

**direclidinum**

direclidine

ethyl (2*r*,4*s*)-2-[4-(1-methyl-1*H*-pyrazol-5-yl)piperidin-1-yl]-6-azaspiro[3.4]octane-6-carboxylate
muscarinic M4 receptor positive allosteric modulator

diréclidine

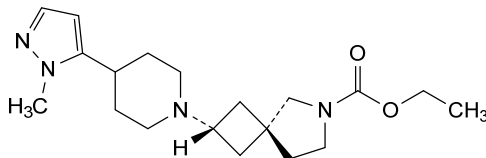
(2*r*,4*s*)-2-[4-(1-méthyl-1*H*-pyrazol-5-yl)pipéridin-1-yl]-6-azaspiro[3.4]octane-6-carboxylate d'éthyle
modulateur allostérique positif du récepteur muscarinique M4

direclidina

(2*r*,4*s*)-2-[4-(1-metil-1*H*-pirazol-5-il)piperidin-1-il]-6-azaespiro[3.4]octano-6-carboxilato de etilo
modulador alostérico positivo del receptor muscarínico M4

C₁₉H₃₀N₄O₂

1803346-98-6

**drotokibartum #**

drotokibart

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL4R (interleukin 4 receptor, IL4RA, IL-4RA, interleukin 13 receptor, CD124)], humanized monoclonal antibody;
H-gamma4 heavy chain humanized (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-48*01 (88.8%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG4*01, *nG4m(a)* CH2 L92, G4v5 h P10 (CH1 (119-216), hinge 1-12 S10>P (226) (217-228), CH2 L92 (307) (229-338), CH3 (339-443), CHS (444-445)) (119-445)], (132-215')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3D-11*02 (88.9%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.11] (27'-31'.49'-51'.88'-98'') (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (154'), V101 (192'') (109'-215'')); dimer (224-224'':227-227'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1SV lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, glycoform alfa
interleukin-4 receptor alpha (IL-4Ra) blocker, anti-inflammatory

drotokibart immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL-4R (récepteur de l'interleukine 4, IL4RA, IL-4RA, récepteur de l'interleukine 13, CD124)], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde H-gamma4 humanisée (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-48*01 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG4*01, *nG4m(a)* CH2 L92, G4v5 h P10 (CH1 (119-216), charnière 1-12 S10>P (226) (217-228), CH2 L92 (307) (229-338), CH3 (339-443), CHS (444-445)) (119-445)], (132-215')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3D-11*02 (88.9%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.11] (27'-31'.49'-51'.88'-98'') (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (154'), V101 (192')) (109'-215'')]; dimère (224-224'':227-227'')-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 bloqueur du récepteur alpha de l'interleukine-4 (IL-4Ra), anti-inflammatoire

drotokibart inmunoglobulina G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL-4R (receptor de la interleukina 4, IL4RA, IL-4RA, receptor de la interleukina 13, CD124)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada H-gamma4 humanizada (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-48*01 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG4*01, *nG4m(a)* CH2 L92, G4v5 h P10 (CH1 (119-216), bisagra 1-12 S10>P (226) (217-228), CH2 L92 (307) (229-338), CH3 (339-443), CHS (444-445)) (119-445)], (132-215')-disulfuro com la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3D-11*02 (88.9%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.11] (27'-31'.49'-51'.88'-98'') (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (154'), V101 (192')) (109'-215'')]; dímero (224-224'':227-227'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hamster chino (CHO), línea celular CHO-K1SV en ausencia del gen de la glutamina sintetasa (GS-KO), forma glicosilada alfa bloqueador del receptor alfa de la interleuquina-4 (IL-4Ra), antiinflamatorio

2925270-26-2

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGTFPS DYGHHVWRQA PGKGLEWVAF 50
ISSGSSIIYY ADIVKGRSTI SRDIAKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCTRGN 100
KRGFFDYWGQ GTLVTSSAS TKGPSVFPLA PCSRSTSEST AALGCLVKDY 150
FPEPTVTSWN SGALTSVHT FPAVLQSSGL YSLSSVTVTP SSSLGTRKTYT 200
CNVDHKSNT KVDKRVESKY GPCCPPCPAP EFLGGPSVFL FPPKPKDTLM 250
ISRTPEVTCV VVDVSQEDPE VQFNWYVDGV EVHNAKTKPR EEQFNSTYRV 300
VSVLTVLHQD WLNGKEYKCK VSNKGLPSSI EKTISKAKGQ PREPQVYTL 350
PSQEEMTKNQ VSLTCLVKGF YPSDIAVEWE SNGQPENNYK TTPPVLDSDG 400
SFPLYSRITV DKSRWQEGNV FSCSVMEAL HNHYTQKSL SLSLGK 445

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
EIVLTQSPAT LSLSPGERAT LSCRASSVPM YMYWYQKQPG QAPRLLIYLT 50
SNLASGIPAR FSGSGSGTDF TLTISSELEPE DPAVYQCQW RAYPPMLTFG 100
GGTKVEIKRT VAAPSVFIFP PSDEQLKSGT ASVVCLLNNF YPREAKVQWK 150
VDNALQSGNS QESVTEQDSK DSTYLSSTL TSLKADYEKH KVAACEVTHQ 200
GLSSPVTKSF NRGEK 215

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 145-201 259-319 365-423
22"-96" 145"-201" 259"-319" 365"-423"
Intra-L (C23-C104) 23'-87" 135'-195"
23'''-87''' 135'''-195'''
Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 132-215' 132"-215"
Inter-H-H (h 8, h 11) 224-224" 227-227"

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

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

eclutatugum #

eclutatug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens sapiens* CLDN1 (claudin-1) conformational epitope of the first extracellular loop (EL1)], humanized monoclonal antibody; H-gamma1 heavy chain humanized (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-21*01 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS K2>del (448)) (120-448)], (222-214')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (84.2%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimer (228-228":231-231")-bisdisulfide, produced in a cell line from Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, glycoform alfa *anti-claudin, antineoplastic*

éclutatug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CLDN1 (claudine 1) épitope conformationnel de la première boucle extracellulaire (EL1)], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-21*01 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS K2>del (448)) (120-448)], (222-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (84.2%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimère (228-228":231-231")-bisdisulfure, produit dans une lignée cellulaire des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa *anti-claudine, antineoplasique*

eclutatug

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CLDN1 (claudina 1) epítipo conformacional del primer bucle extracelular (EL1)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-21*01 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS K2>del (448)) (120-448)], (222-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (84.2%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dímero (228-228":231-231")-bisdisulfuro, producido en una línea celular de las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, forma glicosilada alfa *anticlaudina, antineoplásico*

2922054-25-7

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada			
EVQLVESGGG	LVPKGGSLRL	SCAASGFSPS	SYGMNWVRQA PGKGLEWVSS 50
ISPGSGSYFY	ADSVKGRFTI	SRDNAKNSLY	LQMNSLRAED TAVYYCARLP 100
GFNPPFDHWG	QGTTLVTSSA	STKGPSVFPL	APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
YFPEPVTVSW	NSGALTSGVH	TTPAVLQSSG	LYSLSSVTVV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHKPSN	TKVDKRVPEK	SCDKTHTCPP	CPAPELLGGP SVFLFPPKPK 250
DTLMISRTPE	VTCVVVDVSH	EDPEVKFNWY	VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLTV	LHQDNLNGKE	YKCKVSNKAL	PAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
YTLPPSREEM	TKNQVSLTCL	VKGFYPSDIA	VEWESNGQPE NNYKTTTPPV 400
DSDSGFFLYS	KLTVDKSRWQ	QGNVFSCSVM	HEALHNHYTQ KSLSLSPG 448
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera			
DIQMTQSPAT	LSVSPGERAT	LSCKASQNVG	GNVDWYQWKP GQAPRLLIYG 50
ASNRYTGIPA	RFRGSGSGTE	FTLTISLSQS	EDFAVYYCLQ YKNNPWTFGQ 100
GTKVEIKRTV	AAPSVFIFPP	SDEQLKSGTA	SVVCLLNIFY PREAKVQWVK 150
DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD	STYSLSSSTLT	LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN	RGEC		214

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 146-202 263-323 369-427
22"-96" 146"-202" 263"-323" 369"-427"
Intra-L (C23-C104) 23'-88' 134'-194'
23'''-88''' 134'''-194'''
Inter-H-L (h 5-CL 126) 222-214' 222"-214"
Inter-H-H (h 11, h 14) 228-228" 231-231"

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

efarindodekinum alfa #
efarindodekin alfa

Fc fragment of human immunoglobulin G1 (1-227)
[*Homo sapiens* IGHG1*01, hinge (1-10), CH2 N⁷⁷>A (11-120), CH3 S¹³⁴>C, T¹⁴⁶>W (121-225), CHS K²²⁷>G (226-227)] fused via peptide linker
228^{GGGGSGGSISSGLLSGRSSGP}248 to human interleukin-12 subunit beta [IL-12B, cytotoxic lymphocyte maturation factor p40 (CLMF p40), IL-12 subunit p40, NK cell stimulatory factor 2 (NKSF2)] (1-306, 249-552 in the current sequence), variant (C²⁵²>S⁵⁰⁰, S²⁵⁹SKR²⁶¹>⁵⁰⁷DNT⁵⁰⁹, K²⁶⁴>del, D²⁶⁵>G⁵¹¹) fused via peptide linker
553^{GGGGSGGGGSGGGGS}567 to human interleukin-12 subunit alpha [IL-12A, cytotoxic lymphocyte maturation factor p35 (CLMF p35), IL-12 subunit p35, NK cell stimulatory factor 1 (NKSF1)] (1-197, 568-764 in the current sequence); (6-6', 9-9', 134-129')-trisdisulfide bridged to Fc fragment of human immunoglobulin G1 (1'-227') [*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>G (226'-227')] fused via peptide linker
228^{GGGGSGGSG}234 to human interleukin 12 receptor subunit beta 2 (IL12RB2) fragment (1-296, 235'-530' in the current sequence), variant (C²¹⁹>S⁴⁵³), heterodimer, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
interleukin-12 (IL-12) analogue, antineoplastic

éfarindodékine alfa

fragment Fc de l'immunoglobuline humaine G1 (1-227) [*Homo sapiens* IGHG1*01, charnière (1-10), CH2 N⁷⁷>A (11-120), CH3 S¹³⁴>C, T¹⁴⁶>W (121-225), CHS K²²⁷>G (226-227)], fusionné à l'aide d'un coupleur peptidique ²²⁸GSGGSGGSISSGLLSGRSSGP²⁴⁸ à la sous-unité bêta de l'interleukine-12 humaine [IL-12B, facteur de maturation des lymphocytes cytotoxiques lymphocyte p40 (CLMF p40), IL-12 sous-unité p40, facteur 2 de stimulation des cellules NK (NKSF2)] (1-306, 249-552 dans la séquence en cours), variant (C²⁵²>S⁵⁰⁰, ²⁵⁹SKR²⁶¹, ⁵⁰⁷DNT⁵⁰⁹, ²⁶³KK²⁶⁴>del, D²⁶⁵>G⁵¹¹), fusionné à l'aide du coupleur peptidique ⁵⁵³GSGGSGGGGSGGGGS⁵⁶⁷ à la sous-unité alpha de l'interleukine-12 humaine [IL-12A, facteur de maturation des lymphocytes cytotoxiques p35 (CLMF p35), IL-12 sous-unité p35, facteur 1 de stimulation des cellules NK (NKSF1)] (1-197, 568-764 dans la séquence en cours); (6-6', 9-9', 134-129')-trisdissulfure ponté avec un fragment Fc de l'immunoglobuline G1 humaine (1'-227') [*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>G (226'-227')], fusionné à l'aide du coupleur peptidique ²²⁸GSGGSGSG²³⁴ au fragment de la sous-unité bêta-2 du récepteur de l'interleukine-12 humaine (IL12RB2) (1-296, 235'-530' dans la séquence en cours), variant (C²¹⁹>S⁴⁵³), hétérodimère, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
analogue de l'interleukine-12 (IL-12), antinéoplasique

efarindodekina alfa

fragmento Fc de inmunoglobulina humana G1 (1-227) [*Homo sapiens* IGHG1*01, bisagra (1-10), CH2 N⁷⁷>A (11-120), CH3 S¹³⁴>C, T¹⁴⁶>W (121-225), CHS K²²⁷>G (226-227)] fusionado a través de enlace peptídico ²²⁸GSGGSGGSISSGLLSGRSSGP²⁴⁸ a la subunidad beta de la interleukina-12 humana [IL-12B, factor de maduración de linfocitos citotóxicos subunidad 40 kDa (CLMF p40), IL-12 subunidad p40, factor estimulador de células NK cadena 2 (NKSF2)] (1-306, 249-552 en la secuencia actual), variante (C²⁵²>S⁵⁰⁰, ²⁵⁹SKR²⁶¹, ⁵⁰⁷DNT⁵⁰⁹, ²⁶³KK²⁶⁴>del, D²⁶⁵>G⁵¹¹) fusionado a través de enlace peptídico ⁵⁵³GSGGSGGGGSGGGGS⁵⁶⁷ a la subunidad alfa de la interleukina-12 humana [IL-12A, factor de maduración de linfocitos citotóxicos subunidad 35 kDa (CLMF p35), IL-12 subunidad p35, factor estimulador de células NK cadena 1 (NKSF1)] (1-197, 568-764 en la secuencia actual); (6-6', 9-9', 134-129')-trisdissulfuro unido al fragmento Fc de la inmunoglobulina humana G1 (1'-227') [*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>G (226'-227')], fusionado a través de un enlace peptídico ²²⁸GSGGSGSG²³⁴ a la subunidad beta 2 del receptor humano de la interleukina 12 (IL12RB2) fragmento (1-296, 235'-530' en la secuencia actual), variante (C²¹⁹>S⁴⁵³), heterodímero, producido en células ováricas de hámster Chino (CHO), línea celular CHO-K1, glicofoma alfa
análogo de la interleukina-12 (IL-12), antineoplásico

2922072-00-0

Sequence / Séquence / Secuencia	
Fc-IL12B-IL12A	
DKTHTCPPCP APELLGGPSV FLFPPKPKDT LMISRTPEVT CVVVDVSHED	50
PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYASTY RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK	100
CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPCDELTKNQVSLVCLVK	150
GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQG	200
NVFSCSVHMEALHNHYTQKSLSLSPGGSGSGSGSGSISSGLLSGRSSSGFTW	250
ELKKDYVYVELDWYDPADGE MVVLTCDTPE EDGITWTLDQ SSEVLGSGKT	300
LTIQVKEFGDAGQYTCHEGGEVLSSHLLLLHKKEDGIWSTDILKDKQKEPK	350
NKTFRLCEAKNYSGRFTCWVLTITSTDLTFSVKSSRSGSDPQGVTCGAAT	400
LSAERVGRDNGKEYEYSEVCEGDSACPAEEE SLPIEVMVDAVHKLKYLENYT	450
SSFFIRDIKPDPPKKNLQKPLKNSRQVEVSWEYPTWTSPHSYFSLTFS	500
VQVQGRDNTGGRVFTDKTSA TVICRKNASISVRAQDRYSSSWSEWASVP	550
CSGGGSGSGSGSGGGGSRNLPVATPDPGMFCPLHHSQNLLRAVSNMLQKA	600
RQTELEFPCTSEEIDHEDITKDKTSTVEACLPLELTKNESCLNSRETSFI	650
TNGSCLASRKTSMFMALCLSIYEDLKMYQVEFKTMNAKLMDPKRQIFL	700
DQNMLAVIDELMQALNFNSE TVPQKSSLEE PDFYKTKIKLCILLHAFRIR	750
AVTIDRVMSYLNAS	764

Fc-IL12RB2 (*)	
DKTHTCPPCP APELLGGPSV FLFPPKPKDT LMISRTPEVT CVVVDVSHED	50
PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQYASTY RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK	100
CKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVCTLPSPRDELTKNQVSLSAVK	150
GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQG	200
NVFSCSVHMEALHNHYTQKSLSLSPGGSGSGSGSGKIDACKRGDVTVPKPSH	250
VILLGSTVNI TCSLKPRQGC FHYSRNKLILYKFDRIINFHHGSHLSNQV	300
TGLPLGTTLFVCKLACINSD EIQICGAEIFVGVAPEQFQNLSCIQKGEGQ	350
TVACTWERGRDTHLYTEYTLQLSGPKNLTWQKQCKDIYCDYLDGFINLTP	400
ESPSNFTAKVTAVNSLGSSSLPSTFTFFLDIVRPLPPWDIRIKFQKASV	450
SRSTLYWRDELGLVLLNRLRYRPSNSRLWNMVNVTAKGRHDLDDLKPFTF	500
YEFQISSKLHLYKGSWSDWESLRAQTPEE	530

Mutations / Mutations / Mutaciones	
Fc-IL12B-IL12A: N ⁷⁷ >A, S ¹³⁴ >C, T ¹⁴⁶ >W, K ²²⁷ >G, C ²⁵² >S ⁵⁰⁰ , S ²⁵⁹ SKR ²⁶¹ > ⁵⁰⁷ DNI ⁵⁰⁹ , 263KK ²⁶⁴ >del, D ²⁶⁵ >G ⁵¹¹	
Fc-IL12RB2: N ⁷⁷ >A, Y ¹²⁹ >C, T ¹⁴⁶ >S, L ¹⁴⁸ >A, Y ¹⁸⁷ >Y, K ²²⁷ >G, C ²¹⁹ >S ⁴³⁷	
Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión	
Fc-IL12B-IL12A: ²²⁸ GSGGGSGSGSISSGLLSGRSSSGP ²⁴⁸ , ⁵⁵³ GGGGSGGGSGGGGS ⁵⁶⁷	
Fc-IL12RB2: ²²⁸ GSGGGSG ²³⁴	

Post-translational modifications	
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro	
Intra Fc-IL12B-IL12A: 41-101, 147-205, 276-316, 357-368, 369-419, 425-641, 524-551, 582-655, 609-741, 630-668	
Intra Fc-IL12RB2: 41'-101', 147'-205'	
Inter Fc-IL12B-IL12A- Fc-IL12RB2: 6-6', 9-9', 134-129'	

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación	
IgG1 Fc-IL12B-IL12A: N351, N361, N448, N527, N638, N652, N762 (predicted)	
IgG1 Fc-IL12RB2: N259', N340', N377', N406', N482' (predicted)	

efdelikofuspum alfa #
efdelikofusp alfa

human T-lymphocyte activation antigen CD80 (activation B7-1 antigen, CTLA-4 counter-receptor B7.1, CD80) extracellular domain containing fragment (1-208 in the current sequence) fused via peptide linker ²⁰⁹GSGGGSGSGGGSGGGGS²²⁵ to an Fc fragment of human immunoglobulin G4 (226-454) [*Homo sapiens* IGHG4*01, hinge ins²²⁶>A, S²³⁶>P (226-238), CH2 F²⁴²>A, L²⁴³>A, T²⁵⁸>Q (239-348), CH3 M⁴³⁶>L (349-453), CHS K⁴⁵⁵>del (454)] fused via peptide linker ⁴⁵⁵GGGGSG⁴⁵⁹ to human interleukin-2 (IL-2, T-cell growth factor (TCGF)) (1-133, 460-592 in the current sequence), variant (R³⁸>A⁴⁹⁷, F⁴²>A⁵⁰¹), dimer (234-234', 237-237')-bisdissulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa immunostimulant, antineoplastic

efdélíkofusp alfa

fragment de l'antigène CD80 d'activation des lymphocytes T humains (antigène d'activation B7-1, contre récepteur B7.1 de CTLA-4, CD80) contenant le domaine extracellulaire (1-208 dans la séquence en cours), fusionné à l'aide d'un coupleur peptidique ²⁰⁹GSGGGGSGGGGSGGGGS²²⁵ à un fragment Fc de l'immunoglobuline G4 humaine (226-454) [*Homo sapiens* IGHG4*01, charnière ins²²⁶>A, S²³⁶>P (226-238), CH2 F²⁴²>A, L²⁴³>A, T²⁵⁸>Q (239-348), CH3 M⁴³⁶>L (349-453), CHS K⁴⁵⁵>dél (454)], fusionné à l'aide d'un coupleur peptidique ⁴⁵⁵GGGGS⁴⁵⁹ à l'interleukine-2 humaine (IL-2, facteur de croissance des lymphocytes T (TCGF)) (1-133, 460-592 de la séquence en cours), variant (R³⁸>A⁴⁹⁷, F⁴²>A⁵⁰¹), dimère (234-234', 237-237')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois, glycoforme alfa
immunostimulant, antinéoplastique

efdelikofusp alfa

fragmento del antígeno de activación de linfocitos T humanos CD80 (activación B7-1 antígeno, CTLA-4 contrarreceptor B7.1, CD80) que contiene el dominio extracelular (1-208 en la secuencia actual) fusionado a través de enlace peptídico ²⁰⁹GSGGGGSGGGGSGGGGS²²⁵ a un fragmento Fc de inmunoglobulina humana G4 (226-454) [*Homo sapiens* IGHG4*01, bisagra ins²²⁶>A, S²³⁶>P (226-238), CH2 F²⁴²>A, L²⁴³>A, T²⁵⁸>Q (239-348), CH3 M⁴³⁶>L (349-453), CHS K⁴⁵⁵>del (454)] fusionado a través de enlace peptídico ⁴⁵⁵GGGGS⁴⁵⁹ a una interleukina-2 humana (IL-2, factor de crecimiento de linfocitos T (TCGF)) (1-133, 460-592 en la secuencia actual), variante (R³⁸>A⁴⁹⁷, F⁴²>A⁵⁰¹), dímero (234-234', 237-237')-bisdisulfuro, producido en células ováricas de hámster Chino (CHO), glicofoma alfa
inmunoestimulante, antineoplásico

2922216-49-5

Sequence / Séquence / Secuencia	
VIHVTKEVKE VATLSGCHNV SVEELAQTRI YWQKEKKMVL TMSGDMNIW	50
PEYKNRTIFD ITNNLSIVIL ALRPSDEGTY ECVVLKYEKD AFKREHIAEV	100
TLSVKADEPT PSISDFEIPT SNIRRIICST SGGFPEPHLS WLENGEELNA	150
INTTVSQDPE TELYAVSSKL DFNMTTNHSF MCLIKYGHRL VNQTFNWNWT	200
KQEHFPDNGS <u>GGGGSGGGGS</u> <u>GGGGSAESKY</u> <u>GPFCPPCPAP</u> <u>EAAGGSPVFL</u>	250
<u>FPKPKDQLM</u> <u>ISRTPEVTCV</u> <u>VVDVSQEDPE</u> <u>VQFNWYVDGV</u> <u>EVHNAKTKPR</u>	300
<u>EEQFNSTYRV</u> <u>VSFLTVLHQD</u> <u>WLNKEYKCK</u> <u>VSNKGLPSSI</u> <u>EKTISKAKGQ</u>	350
<u>PREPQVYTLF</u> <u>PSQEEMTKNQ</u> <u>VSLTCLVKGF</u> <u>YPSDIAVEWE</u> <u>SNGQPENNYK</u>	400
<u>TTPPVLSDSG</u> <u>SFFLYSRLTV</u> <u>DKSRWQEGNV</u> <u>FSCSVLHEAL</u> <u>HNHYTQKSLS</u>	450
<u>LSLGGGGGSA</u> <u>PTSSSTKKTQ</u> <u>LQLEHLLLDL</u> <u>QMILNGINNY</u> <u>KNPKLTAMLT</u>	500
<u>AKFYMPKKAT</u> <u>ELKHLQCLEE</u> <u>ELKPLEEVLN</u> <u>LAQSKNFHLR</u> <u>PRDLISNINV</u>	550
IVLELKGSET TFMCEYADET ATIVEFLNRW ITFCQSIIST LT	592

Mutations / Mutations / Mutaciones
ins²²⁶>A, S²³⁶>P, F²⁴²>A, L²⁴³>A, T²⁵⁸>Q, M⁴³⁶>L, K⁴⁵⁵>del, R³⁸>A⁴⁹⁷, F⁴²>A⁵⁰¹

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión
²⁰⁹GSGGGGSGGGGSGGGGS²²⁵, ⁴⁵⁵GGGGS⁴⁵⁹

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra chain: 16-82', 128'-182', 269'-329', 375'-433', 517'-564',
16'-82', 128'-182', 269'-329', 375'-433', 517'-564'
Inter chain: 234-234', 237-237'

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
N19, N55, N64, N152, N173, N177, N192, N198, N305,
N19', N55', N64', N152', N173', N177', N192', N198', N305'

O-glycosylation sites / Sites de O-glycosylation / Posiciones de O-glicosilación
S220, T462, S220', T462'

efdoralprinum alfa #
efdoralprin alfa

human alpha-1-antitrypsin (alpha-1 protease inhibitor, serpin A1, AAT) (1-394), variant (M³⁵¹>E, M³⁵⁸>L) fused via peptide linker ³⁹⁵GS³⁹⁶ to an Fc fragment of human immunoglobulin G4 (397-625) [*Homo sapiens*IGHG4*01, hinge S⁴⁰⁶>P (397-408), CH2 L⁴¹³>E, M⁴³⁰>Y (409-518), CH3 M⁶⁰⁶>L (519-623), CHS (624-625)]; dimer (404-407', 407-404')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO DG44, glycoform alfa
alpha-1 antitrypsin homologue

efdoralprine alfa

alpha-1-antitrypsine humaine (inhibiteur de la protéase alpha-1, serpène A1, AAT), (1-394), variant (M³⁵¹>E, M³⁵⁸>L), fusionnée par le coupleur dipeptidique ³⁹⁵GS³⁹⁶ à un fragment Fc de l'immunoglobuline G4 humaine (397-625) [*Homo sapiens*IGHG4*01, charnière S⁴⁰⁶>P (397-408), CH2 L⁴¹³>E, M⁴³⁰>Y (409-518), CH3 M⁶⁰⁶>L (519-623), CHS (624-625)]; dimère (404-407', 407-404')-bisdisulfure, produite dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO DG44, glycoforme alfa
homologue de l'alpha-1 antitrypsine

efdoralprina alfa

alfa-1 antitripsina humana (inhibidor de la protease alfa-1, serpina A1) (1-394), variante (M³⁵¹>E, M³⁵⁸>L) fusionada a través de un enlace peptídico ³⁹⁵GS³⁹⁶ a un fragmento Fc de inmunoglobulina humana G4 (397-625) [*Homo sapiens*IGHG4*01, bisagra S⁴⁰⁶>P (397-408), CH2 L⁴¹³>E, M⁴³⁰>Y (409-518), CH3 M⁶⁰⁶>L (519-623), CHS (624-625)]; dímero (404-407', 407-404')-bisdisulfuro, producido en células ováricas de hamster Chino (CHO), línea celular CHO DG44, glicoforma alfa
homólogo de la antitripsina alfa-1

2539844-42-1

Sequence / Séquence / Secuencia	
alpha-1-antitrypsin-IgG4 Fc	
EDPQGDAAQK TDTSHHDQDH PTFNKITPNL AEFASFSLYRQ LAHQSNSTNI	50
FTSPVSIATA FAMLSLGTKA DTHDEILEGL NFNLTEIPEA QIHEGFQELL	100
RTINQFDSQL QLTTGNGLFL SEGLKLVDFK LEDVKKLYHS EAFTVNFGDT	150
EEAKQKINDY VEKGTQGKIV DLVKELDRDT VFALVNIYFF KGKWERPFV	200
KDTEEDFHV DQVTTVKVPM MKRLGMFNIQ HCKKLSSWVL LMKYLGNATA	250
IFFLPDEGKL QHLENELTHD IITKFLNED RRSASLHLPK LSITGTYDLK	300
SVLGQLGITK VFSNGADLSG VTEEAPLKLS KAVHKAVLTI DEKGTEAAGA	350
EFLEAIPLSI PPEVKFNKPF VFLMIEQNTK SPLFMGKVVN PTQKGSES	400
GPPCPECPAP EFGGGPSVFL FPPKPKDTLY ISRTPEVTCV VVDVSQEDPE	450
VQFNWYVDGV EVHNAKTKPR EEQFNSTYRV VSVLTVLHQD WLNKKEYKCK	500
VSNKGLPSSI EKTISKAKGQ PREPQVYTLF PSQEEMTKNQ VSLTCLVKGF	550
YPSDIAVEWE SNGQPENNYK TTPPVLDSDG SFFLYSRLTV DKSRWQEGNV	600
FSCSVLHEAL HNHYTQKSL SLSLKG	625

Mutations / Mutations / Mutaciones
M³⁵¹>E, M³⁵⁸>L, S⁴⁰⁶>P, L⁴¹³>E, M⁴³⁰>Y, M⁶⁰⁶>L

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión
³⁹⁵GS³⁹⁶

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra chain: 439-499, 545-603, 439'-499', 545'-603'
Inter chain: 404-407', 407-404'

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
alpha-1-antitrypsin: N46, N83, N247, N46', N83', N247'
IgG4 Fc: N475, N475'

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
625, 625'

efgitasialasum alfa #
efgitasialase alfa

human sialidase-2 (*N*-acetyl- α -neuraminidase 2, α -sialidase, cytosolic sialidase, EC:3.2.1.18) (1-380), variant (M¹>D, V⁶>Y, P⁶²>G, A⁹³>E, I¹⁸⁷>K, C³³²>A) fused to an Fc fragment of human immunoglobulin G1 (381-612 in the current sequence) [*Homo sapiens* IGHG1*03, hinge (381-395), CH2 (396-505), CH3 (506-610), CHS (611-612)], dimer (391-391', 394-394')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, glycoform alfa
antineoplastique

efgitasialase alfa

sialidase-2 humaine (*N*-acétyl- α -neuraminidase de type 2, α -sialidase, sialidase cytosolique, EC:3.2.1.18) (1-380), variant (M¹>D, V⁶>Y, P⁶²>G, A⁹³>E, I¹⁸⁷>K, C³³²>A), fusionnée à un fragment Fc de l'immunoglobine G1 humaine (381-612 dans la séquence en cours) [*Homo sapiens* JGHG1*03, charnière (381-395), CH2 (396-505), CH3 (506-610), CHS (611-612), dimère (391-391', 394-394')-bisdisulfure, produite dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
antineoplasique

efgitasialasa alfa

sialidasa-2 humana (*N*-acetil- α -neuraminidasa 2, α -alfa-sialidasa, sialidasa citosólica, EC:3.2.1.18) (1-380), variante (M¹>D, V⁶>Y, P⁶²>G, A⁹³>E, I¹⁸⁷>K, C³³²>A) fusionada a un fragmento Fc de la inmunoglobulina G1 (381-612 en la secuencia actual) [*Homo sapiens* IGHG1*03, bisagra (381-395), CH2 (396-505), CH3 (506-610), CHS (611-612)], dímero (391-391', 394-394')-bisdisulfuro, producido en células ováricas de hámster Chino (CHO) K1-A4, glicoforma alfa
antineoplásico

2891502-37-5

Sequence / Séquence / Secuencia		
DASLE Y LQKE	SVFQGAHAY	RIPALLYLPG QQSLLAFAEQ RASKKDEHAE 50
LIVLRRGDYD	A G THQVQWQA	QEVVAQARLD GHRSMNPCPL YD E QTGTLFL 100
FFIAIPGQVT	EQQQLQTRAN	VTRLCCQVTS DHGRTWSSPR DLTDAAGIPA 150
YREWSTFAVG	PGHCLQLHDR	ARSLVVPAYA YRKLH F KQRP IPSAFCFLSH 200
DHGRTWARGH	FVAQDTLECG	VAEVETGEQR VVTLNARSHL RARVQAQSTN 250
DGLDFQESQL	VKKLVEPPPO	GCQGSVISFP SPRSGPGSPA QWLLYTHPTH 300
SWQRADLGAY	LNP RP PPAPEA	WSEPVLLAKG SA A AYS DLQSM GTGPDGSP LF 350
GCLYEANDYE	EIVFLMFTLK	QAFPAEYLPQ EPKSSDKTHT CPPCPAPELL 400
GGPSVFLFPP	KPKDTLMISR	TPEVTCVVVD VSHEDPEVKF NWYVDGVEVH 450
NAKTKPREEQ	YNSTYRVVSV	LTVLHQDWLN GKEYKCKVSN KALPAPIEKT 500
ISKAKGQPRE	PQVYTLPPSR	EEMTKNQVSL TCLVKGFYPS DIAVEWESNG 550
QPENNYKTTT	PVLDSGGSFF	LYSKLTVDKS RWQQGNVFSC SVMHEALHNNH 600
YTQKSLSLSP	GK	612

Mutations / Mutations / Mutaciones
M¹>D, V⁶>Y, P⁶²>G, A⁹³>E, I¹⁸⁷>K, C³³²>A

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra chain: 88-164, 196-219, 426-486, 532-590,
88'-164', 196'-219', 426'-486', 532'-590'
Inter chain: 391-391', 394-394'

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
N120, N462, N120', N462'
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
612, 612'

efmedaglutidum alfa #
efmedaglutide alfa

human glucagon-like peptide-1 (GLP-1) (7-37, 1-31 in the current sequence), variant (A⁸>G²), fused to a hybrid Fc fragment of human immunoglobulin delta/gamma 4 (32-286) [*Homo sapiens* IGHD*01 (hinge (32-68), CH2 (69-78)), *Homo sapiens* IGHG4*01 (CH2 (79-179), CH3 (180-284), CHS (285-286))], dimer (70-70')-disulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO DG44, glycoform alfa
glucagon-like peptide 1 (GLP-1) receptor agonist

efmédaglutide alfa

peptide-1 de type glucagon (GLP-1) humain (7-37, 1-31 dans la séquence en cours), variant (A⁸>G²), fusionné à un fragment Fc hybride de l'immunoglobuline delta/gamma 4 humaine (32-286) [*Homo sapiens* IGHD*01 (charnière (32-68), CH2 (69-78)), *Homo sapiens* IGHG4*01, CH2 (79-179), CH3 (180-284), CHS (285-286))], dimère (70-70')-disulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO DG44, glycoforme alfa
agoniste du récepteur du peptide 1 de type glucagon (GLP-1)

efmedaglutida alfa

péptido-1 similar al glucagón (GLP-1) humano (7-37, 1-31 en la secuencia actual), variante (A⁸>G²), fusionado al fragmento Fc híbrido de la inmunoglobulina humana delta/gamma 4 (32-286) [*Homo sapiens* IGHD*01 (bisagra (32-68), CH2 (69-78)), *Homo sapiens* IGHG4*01 (CH2 (79-179), CH3 (180-284), CHS (285-286))], dímero (70-70')-disulfuro, producido en células ováricas de hamster Chino (CHO), lignée cellulaire CHO DG44, glicoforma alfa
agonista del receptor del péptido 1 similar al glucagón (GLP-1)

2919801-97-9

Sequence / Séquence / Secuencia
HGE~~G~~TFTSDV SSYLEGQAAK E~~F~~IAWLVKGR GAKATTAPAT TRNTGRGGEE 50
KKKEKEKEEQ EERETKTEPEC PSHTQPLGVF LFPPKPKDTL MISRTPEVTC 100
VVVDVSQEDP EVQFNWYVDG VEVHNAKTKP REEQFNSTYR VVSVLTVLHQ 150
DWLNGKEYKC KVSNGKLPSS IEKTISKAKG QPREPQVYTL PPSQEEMTKN 200
QVSLTCLVKG FYPSDIAVEW ESNQGPENNY KTTFPVLDSG GSFFLYSRLT 250
VDKSRWQEGN VFSCSVMHEA LHNHYTQKSL SLSLGG 286

Mutation / Mutation / Mutación
A⁸>G²

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra chain: 100-160, 206-264, 100'-160', 206'-264'
Inter chain: 70-70'

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
N136, N136'

O-glycosylation sites / Sites de O-glycosylation / Posiciones de O-glicosilación
T5, T35, T36, T40, T41, T5', T35', T36', T40', T41'

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
286, 286'

efsubaglutidum alfa #

efsubaglutide alfa glucagon-like peptide-1-immunoglobulin G2 fusion protein; {[2-glycine,16-L-glutamic acid,30-glycine][human glucagon-like peptide 1-(7-37)-peptide] {(8-A>G,22-G>E,36-R>G)-GLP-1(7-37)} (1-31)}-[SSGAPPPSGGGGS linker (32-44)]-[human immunoglobulin G2 Fc fragment (h-CH2-CH3-CHS domains [*Homo sapiens*IGHG2*01 (hinge C⁴⁸>S (45-56), CH2 A¹⁵⁵>S, P¹⁵⁶>S (57-165),CH3 (166-270), CHS K²⁷²>del (271))] (45-271)] fusion protein, dimer (49-49':52-52':55-55':86-146:86'-146':192-250:192'-250')-heptakisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary cells (CHO), glycoform alfa *glucagon-like peptide 1 (GLP-1) receptor agonist*

efsubaglutide alfa protéine de fusion entre le peptide 1 semblable au glucagon et l'immunoglobuline G2; {[2-glycine,16-L-acid glutamique,30-glycine][peptide 1 semblable au glucagon humain-(7-37)] {(8-A>G,22-G>E,36-R>G)-GLP-1(7-37)} (1-31)}-[SSGAPPPSGGGGS coupleur (32-44)]-[fragment Fc de l'immunoglobuline G2 humaine (domaines h-CH2-CH3-CHS [*Homo sapiens*IGHG2*01 (charnière C⁴⁸>S (45-56), CH2 A¹⁵⁵>S, P¹⁵⁶>S (57-165),CH3 (166-270), CHS K²⁷²>del (271))] (45-271)] protéine de fusion, dimère (49-49':52-52':55-55':86-146:86'-146':192-250:192'-250')-heptakisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa *agoniste du récepteur du peptide 1 de type glucagon (GLP-1)*

efsubaglutida alfa proteína de fusión entre el peptido 1 semblable au glucagon et l'immunoglobulina G2; {[2-glicina,16-L-ácido glutámico,30-glicina][péptido 1 similar al glucagón humano-(7-37)] {(8-A>G,22-G>E,36-R>G)-GLP-1(7-37)} (1-31)}-[SSGAPPPSGGGGS enlace (32-44)]-[fragmento Fc de la inmunoglobulina G2 humana (dominios h-CH2-CH3-CHS [*Homo sapiens*IGHG2*01 (bisagra C⁴⁸>S (45-56), CH2 A¹⁵⁵>S, P¹⁵⁶>S (57-165),CH3 (166-270), CHS K²⁷²>del (271))] (45-271)] proteína de fusión, dímero (49-49':52-52':55-55':86-146:86'-146':192-250:192'-250')-heptakisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), glicoforma alfa *agonista del receptor del péptido 1 similar al glucagón (GLP-1)*

2803875-75-2

Monomer / Monomère / Monomero

HGE~~G~~TFTSDV SSYLE~~E~~QAAG E~~F~~IAWLVK~~G~~ GSSGAPPPSG GGGSERK~~S~~CV 50
ECPPCPAPPV AGPSVFLFPP KPKDTLMISR TPEVTCVVVD VSHEDPEVQF 100
NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ FNSTFRVSV LT~~V~~VHQD~~W~~LN GKEYKCKVSN 150
KGLP~~S~~SI~~E~~KT ISKTKGQPRE PQVYTLPPSR EEMTKNQVSL T~~C~~LVKGFYPS 200
DIAVEWESNG QPENNYKTP PMLDSG~~S~~FF LY~~S~~KLTV~~D~~KS RWQ~~Q~~GNV~~F~~SC 250
SVMHEALHNH YTKSLSLSP G 271

Mutation / Mutation / Mutación

A²>G, G¹⁶>E, R³⁰>G, C⁴⁸>S, A¹⁵⁵>S, P¹⁵⁶>S, K²⁷²>del
A²>G, G¹⁶>E, R³⁰>G, C⁴⁸>S, A¹⁵⁵>S, P¹⁵⁶>S, K²⁷²>del

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión

³²SSGAPPPSGGGGS⁴⁴

Post-translation modifications

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

Intra-chain: 86-146, 86'-146', 192-250, 192'-250'

Inter-chain: 49-49', 52-52', 55-55'

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

N¹²², N^{122'}

efsudenerminum alfa #

efsudenermin alfa Fc fragment of human immunoglobulin G1 (1-226) [*Homo sapiens* IGHG1*01, (1-9), CH2 (10-119), CH3 (120-224), CHS (225-226)] fused to human ectodysplasin-A (ectodermal dysplasia protein, EDA protein, ED1) fragment (238-391, 227-380 in the current sequence), hexamer (5'-5', 8'-8', 5''-5'', 8''-8'', 5'''-5''', 8'''-8''')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-S, glycoform alfa *protein replacement therapy (ectodermal dysplasia)*

efsudénermine alfa fragment Fc de l'immunoglobine G1 humaine (1-226) [*Homo sapiens* IGHG1*01, (1-9), CH2 (10-119), CH3 (120-224), CHS (225-226)] fusionné avec l'ectodysplasine-A humaine (protéine de la dysplasie ectodermique, protéine EDA, ED1) fragment (238-391, 227-380 dans la séquence en cours), hexamère (5'-5', 8'-8', 5''-5'', 8''-8'', 5'''-5''', 8'''-8''')-bisdisulfure, produit dans les cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignee cellulaire CHO-S, glycoforme alfa *thérapie de substitution protéique (dysplasie ectodermique)*

efsudenermina alfa fragmento Fc de inmunoglobulina humana G1 (1-226) [*Homo sapiens* IGHG1*01, (1-9), CH2 (10-119), CH3 (120-224), CHS (225-226)] fusionada a la ectodisplasina-A humana (proteína de displasia ectodérmica, proteína EDA, ED1) fragmento (238-391, 227-380 en la secuencia actual), hexámero (5'-5', 8'-8', 5''-5'', 8''-8'', 5'''-5''', 8'''-8''')-bisdisulfuro, producido en células ováricas de hámster Chino (CHO), línea celular CHO-S, glicofoma alfa *terapia de reemplazo protéico (displasia ectodérmica)*

2769701-94-0

Sequence / Séquence / Secuencia		
IgG1 Fc - EDA		
KTHTCPPCPA	PELLGGPSVF	LFPPKPKDTL MISRTPEVTC VVVDVSHEDP 50
EVKFNWYVDG	VEVHNAKTKP	REEQYNSTYR VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC 100
KVSNKALPAP	IEKTISKAKG	QPREPQVYTL PPSRDELTKN QVSLTCLVKG 150
FYPSDIAVEW	ESNGQPENNY	KTTTPVLDSD GSFFLYSKLT VDKSRWQQGN 200
VFSCSVMHEA	LHNHYTQKSL	SLSPGKADKA GTRENQPAVV HLQGGGSAIQ 250
VKNDLSGGVL	NDWSRITMNP	KVFKLHPRSG ELEVLVDGTY FIYSQVEVYY 300
INFTDFASYE	VVDEKPFLLQ	CTRSIETGKT NYNTCYTAGV CLLKARQKIA 350
VMVHADISI	NMSKHTTFFG	AIRLGEAPAS 380

Post-translational modifications		
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro		
Intra chain: 40- 100, 146- 204, 321- 335, 40'- 100', 146'- 204', 321'- 335'		
40"-100", 146"-204", 321"-335", 40'''- 100''', 146'''-204''', 321'''-335'''		
40''''-100'''', 146''''-204''', 321''''-335''', 40''''-100''', 146''''-204''', 321''''-335'''		
Inter chain: 5-5', 8-8', 5''-5'', 8''-8'', 5'''-5''', 8'''-8'''		
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación		
76, 302; 76', 302'; 76'', 302''; 76''', 302'''		

efzilonkofuspum alfa #

efzilonkofusp alfa human T-lymphocyte activation antigen CD80 (activation B7-1 antigen, CTLA-4 counter-receptor B7.1, CD80) extracellular domain containing fragment (1-208 in the current sequence) fused via peptide linker ²⁰⁹GSGGGGSGGGGSGGGGS²²⁵ to an Fc fragment of human immunoglobulin G4 (226-454) [*Homo sapiens* IGHG4*01, hinge ins²²⁶>A, S²³⁶>P (226-238), CH2 F²⁴²>A, L²⁴³>A, T²⁵⁸>Q (239-348), CH3 M⁴³⁶>L (349-453), CHS K⁴⁵⁵>del (454)] fused via peptide linker ⁴⁵⁵GGGG⁴⁵⁹ to human interleukin-2 (IL-2, T-cell growth factor (TCGF)) (1-133, 460-592 in the current sequence), variant (R³⁸>A⁴⁹⁷, F⁴²>A⁵⁰¹, E⁶¹>R⁵²⁰) dimer (234-234', 237-237')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa *immunostimulant, antineoplastic*

efzilunkofusp alfa	fragment de l'antigène CD80 d'activation des lymphocytes T humains (antigène d'activation B7-1, contre récepteur B7.1 de CTLA-4, CD80) contenant le domaine extracellulaire (1-208 dans la séquence en cours), fusionné à l'aide d'un coupleur peptidique ²⁰⁹ GSGGGGSGGGGSGGGGS ²²⁵ à un fragment Fc de l'immunoglobuline G4 humaine (226-454) [<i>Homo sapiens</i> IGHG4*01, charnière ins ^{226>} A, S ^{236>} P (226-238), CH2 F ^{242>} A, L ^{243>} A, T ^{258>} Q (239-348), CH3 M ^{436>} L (349-453), CHS K ^{455>} dél (454)], fusionné à l'aide d'un coupleur peptidique ⁴⁵⁵ GGGGS ⁴⁵⁹ à l'interleukine-2 humaine (IL-2, facteur de croissance des lymphocytes T (TCGF)) (1-133, 460-592 de la séquence en cours), variant (R ^{38>} A ⁴⁹⁷ , F ^{42>} A ⁵⁰¹ , E ^{61>} R ⁵²⁰), dimère (234-234', 237-237')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois, glycoforme alfa <i>immunostimulant, antinéoplastique</i>
efzilunkofusp alfa	fragmento del antígeno de activación de linfocitos T humanos CD80 (antígeno deactivación B7-1, CTLA-4 contrarreceptor B7.1, CD80) que contiene el dominio extracelular (1-208 en la secuencia actual) fusionado a través del enlace peptídico ²⁰⁹ GSGGGGSGGGGSGGGGS ²²⁵ a un fragmento Fc de la inmunoglobulina G4 humana (226-454) [<i>Homo sapiens</i> IGHG4*01, bisagra ins ^{226>} A, S ^{236>} P (226-238), CH2 F ^{242>} A, L ^{243>} A, T ^{258>} Q (239-348), CH3 M ^{436>} L (349-453), CHS K ^{455>} del (454)] fusionada a través de enlace peptídico ⁴⁵⁵ GGGGS ⁴⁵⁹ a la interleukina-2 humana (IL-2, factor de crecimiento de linfocitos T (TCGF)) (1-133, 460-592 en la secuencia actual), variante (R ^{38>} A ⁴⁹⁷ , F ^{42>} A ⁵⁰¹ , E ^{61>} R ⁵²⁰) dímero (234-234', 237-237')-bisdisulfuro, producido en células ováricas de hámster Chino (CHO), glicoforma alfa <i>inmunoestimulante, antineoplásico</i>

2922216-50-8

Sequence / Séquence / Secuencia		
VIHVTKEVKE	VATLSCGHNV	SVEELAQTRI YWQKEKKMVL TMMSGDMNIW 50
PEYKNRTIFD	ITNNLSIVIL	ALRPSDEGTY ECVVLKYEKD AFKREHLAEV 100
TLSVKADFPT	PSISDFEIPT	SNIRRIICST SGGFPEPHLS WLENGEELNA 150
INTTVSQDPE	TELYAVSSKL	DFNMTTNHSF MCLIKYGHRL VNQTFNWNNT 200
KQEHFPDNGS	GGGGSGGGGS	GGGSAESKY GPPCPPCFAP EAAGGPSVFL 250
FPPKPKDQLM	ISRTPEVTCV	VVDVSQEDPE VQFNWYVDGV EVHNAKTKPR 300
EEQFNSTYRV	VSVLTVLHQD	WLNKKEYKCK VSNKGLPSSI EKTISKAKQG 350
PREPQVYTLF	PSQEEMTKNQ	VSLTCLVKGF YPSDIAVEWE SNGQEPENNYK 400
TTPPVLDSDG	SFFLYSRLTV	DKSRWQEGNV FSCSVLHEAL HNHYTQKSLS 450
LSLGGGGGSA	PTSSSTKKTQ	LQLEHLLLDL QMILNGINNY KNPKLTA MLT 500
AKFYMPKKAT	ELKHLQCLER	ELKPLEEVLN LAQSKNFHLR PRDLISNINV 550
IVLELKGSET	TFMCEYADET	ATIVEFLNRW ITFCQSIIST LT 592

Mutations / Mutations / Mutaciones
ins^{226>}A, S^{236>}P, F^{242>}A, L^{243>}A, T^{258>}Q, M^{436>}L, K^{455>}del, R^{38>}A⁴⁹⁷, F^{42>}A⁵⁰¹, E^{61>}R⁵²⁰

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión
²⁰⁹GSGGGGSGGGGSGGGGS²²⁵, ⁴⁵⁵GGGGS⁴⁵⁹

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra chain: 16-82, 128-182, 269-329, 375-433, 517-564,
16'-82', 128'-182', 269'-329', 375'-433', 517'-564'
Inter chain: 234-234', 237-237'

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
N19, N55, N64, N152, N173, N177, N192, N198, N305,
N19', N55', N64', N152', N173', N177', N192', N198', N305'

O-glycosylation sites / Sites de O-glycosylation / Posiciones de O-glicosilación
S220, T462, S220', T462'

eloralintidum
eloralintide

S², S⁷-methylene[L-γ-glutamyl-L-cysteinyl-L-asparaginyL-L-threonyl-L-alanyl-L-threonyl-L-cysteinyl-L-alanyl-L-threonylglycyl-L-ornithyl-L-leucyl-L-alanyl-L-α-glutamyl-α-methyl-L-phenylalanyl-L-leucyl-L-valyl-L-arginyl-L-seryl-L-seryl-L-asparaginyL-L-^N²-methyl-L-asparaginyL-L-phenylalanylglycyl-L-prolyl-L-^N⁶-[N-(19-carboxynonadecanoyl)-L-γ-glutamyl-L-γ-glutamyl]-L-lysyl-L-leucyl-L-prolyl-L-prolyl-L-threonyl-L-α-glutamyl-L-valylglycyl-L-seryl-L-asparaginyL-L-threonyl-L-tyrosinamide]
amylin analogue

éloralintide

S², S⁷-méthylène[L-γ-glutamyl-L-cystéinyl-L-asparaginyL-L-thréonyl-L-alanyl-L-thréonyl-L-cystéinyl-L-alanyl-L-thréonylglycyl-L-ornithyl-L-leucyl-L-alanyl-L-α-glutamyl-α-méthyl-L-phénylalanyl-L-leucyl-L-valyl-L-arginyl-L-séryl-L-séryl-L-asparaginyL-L-^N²-méthyl-L-asparaginyL-L-phénylalanylglycyl-L-prolyl-L-^N⁶-[N-(19-carboxynonadécanoil)-L-γ-glutamyl-L-γ-glutamyl]-L-lysyl-L-leucyl-L-prolyl-L-prolyl-L-thréonyl-L-α-glutamyl-L-valylglycyl-L-séryl-L-asparaginyL-L-thréonyl-L-tyrosinamide]
analogue de l'amyline

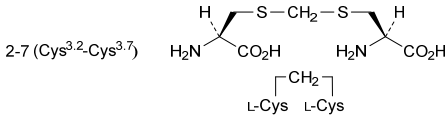
eloralintida

S², S⁷-metileno[L-γ-glutamyl-L-cisteinil-L-asparaginil-L-treonil-L-alanil-L-treonil-L-cisteinil-L-alanil-L-treonilglicil-L-ornitil-L-leucil-L-alanil-L-α-glutamil-α-metil-L-fenilalanil-L-leucil-L-valil-L-arginil-L-seril-L-seril-L-asparaginil-L-^N²-metil-L-asparaginil-L-fenilalanilglicil-L-prolil-L-^N⁶-[N-(19-carboxinonadecanoil)-L-γ-glutamyl-L-γ-glutamyl]-L-lisil-L-leucil-L-prolil-L-prolil-L-treonil-L-α-glutamil-L-valilglicil-L-seril-L-asparaginil-L-treonil-L-tirosinamida]
análogo de amilina

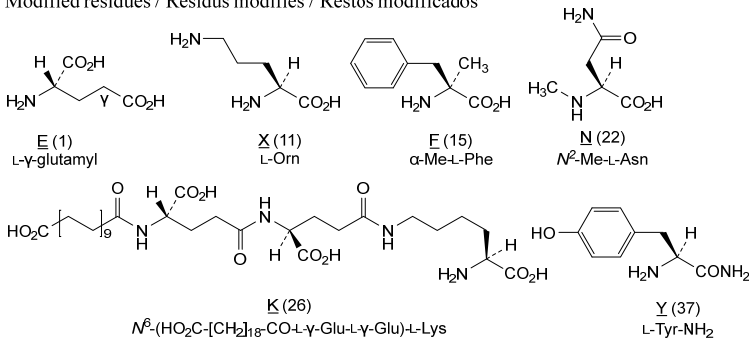
C₂₀₁H₃₁₉N₄₉O₆₅S₂ 2883634-40-8

ECNTATCATG XLAEEFVLRSS NNF~~G~~PKLPPT EVGSNTY 37

Methylene bridge location / Position du pont méthylène / Posición del puente metileno



Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados



eltivutabartum #
eltivutabart

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* ENTPD1 (ectonucleoside triphosphate diphosphohydrolase 1, CD39)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;
H-gamma4 heavy chain *Homo sapiens* (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*02 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10(CH1 (122-219), hinge 1-12 S10>P (229) (220-231), CH2 L92 (310) (232-341), CH3 (342-446), CHS (447-448)) (122-448)], (135-214')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (96.7%) -IGKJ4*01 (91.7%), CDR-IMGT [7.3.8] (27'-33'.51'-53'.90'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimer (227-227'':230-230'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DG44 lacking the enzyme dihydrofolate reductase (DHFR), glycoform alfa immunostimulant, antineoplastic

eltivutabart

immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* ENTPD1 (ectonucleoside triphosphate diphosphohydrolase 1, CD39)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;
chaîne lourde H-gamma4 *Homo sapiens* (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*02 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10(CH1 (122-219), charnière 1-12 S10>P (229) (220-231), CH2 L92 (310) (232-341), CH3 (342-446), CHS (447-448)) (122-448)], (135-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (96.7%) -IGKJ4*01 (91.7%), CDR-IMGT [7.3.8] (27'-33'.51'-53'.90'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimère (227-227'':230-230'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DG44 ne présentant pas l'enzyme dihydrofolate réductase (DHFR), glycoforme alfa immunostimulant, antinéoplasique

eltivutabart

immunoglobulina G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* ENTPD1 (ectonucleósido trifosfato difosfohidrolasa 1, CD39)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*;
cadena pesada H-gamma4 *Homo sapiens* (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*02 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10(CH1 (122-219), bisagra 1-12 S10>P (229) (220-231), CH2 L92 (310) (232-341), CH3 (342-446), CHS (447-448)) (122-448)], (135-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (96.7%) -IGKJ4*01 (91.7%), CDR-IMGT [7.3.8] (27'-33'.51'-53'.90'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dímero (227-227'':230-230'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DG44 en ausencia de la enzima dihidrofolato reductasa (DHFR), forma glicosilada alfa immunoestimulante, antineoplásico

2935496-38-9

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada			
QVQLVQSGAE	VKKPGASVKV	SKKASGYTFK	SYEMHWVRQA PGQGLEWMGR 50
INPSVGSTWY	AQKFQGRVTM	TRDTSTSTVY	MELSSLRSED TAVYYCARGK 100
REGGTEYLRL	WGQGLVTVTS	SASTKGPSVF	PLAPCSRSTS ESTAALGCLV 150
KDYFPEPTV	SWNSGALTSG	VHTFPAVLQS	SGLYSLSSVV TVPSSSLGK 200
TYTCNVNDHKP	SNTKVDRKVE	SKYGPPCPFC	PAPEFLGGPS VFLFPPKPKD 250
TLMIKRTPEV	TCVVVDVSQE	DPEVQFNWYV	DGVEVHNAKT KPREEQFNST 300
YRVVSVLTVL	HQDWLNGKEY	KCKVSNKGLP	SSIEKTISKA KGQPREPQVY 350
TLPPSQEEMT	KNQVSLTCLV	KGFYPSDIAV	EWESNGQPEN NYKTTFPVLD 400
SDGSFFLYSR	LTVDKSRWQE	GNVFSCVMH	EALHNYHTQK SLSLSLGK 448
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera			
EIVLTQSPGT	LSLSPGERAT	LSCRASQSV	SSYLAWYQQK PGQAPRLLIY 50
GASNRHTGIP	DRFSGSGSGT	DFTLTISRLE	PEDFAVYYCQ QYHNAITFGG 100
GTKVEIKRTV	AAPSVFIFPP	SDEQLKSGTA	SVVCLLNIFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD	STYLSSTLT	LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN	RGEC		214

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22'-96" 148"-204" 262"-322" 368"-426"
22"-96" 148"-204" 262"-322" 368"-426"
Intra-L (C23-C104) 23'-89" 134'-194"
23"-89" 134"-194"
Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 135'-214' 135"-214"
Inter-H-H (h 8, h 11) 227'-227" 230'-230"

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

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

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

emestedastatum
emestedastat

[(1*R*,3*r*,5*S*)-3-hydroxy-3-(pyrimidin-2-yl)-8-azabicyclo[3.2.1]octan-8-yl][5-(1*H*-pyrazol-4-yl)thiophen-3-yl]methanone
11β-hydroxysteroid dehydrogenase type 1 (11β-HSD1) inhibitor

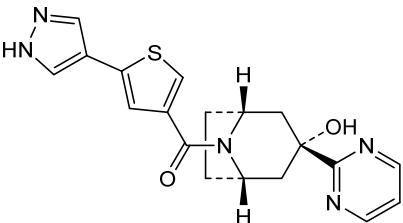
émestédastat

[(1*R*,3*r*,5*S*)-3-hydroxy-3-(pyrimidin-2-yl)-8-azabicyclo[3.2.1]octan-8-yl][5-(1*H*-pyrazol-4-yl)thiophén-3-yl]méthanone
Inhibiteur de la 11β-hydroxystéroïde déshydrogénase de type 1 (11β-HSD1)

emestedastat

[(1*R*,3*r*,5*S*)-3-hidroxi-3-(pirimidin-2-il)-8-azabicyclo[3.2.1]octan-8-il][5-(1*H*-pirazol-4-il)tiofen-3-il]metanona
inhibidor de la 11β-hidroxiesteroide deshidrogenasa de tipo 1 (11β-HSD1)

C₁₉H₁₉N₅O₂S 1346013-80-6



emugrobartum #

emugrobart immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* MSTN (myostatin, growth differentiation factor 8, GDF8, GDF-8) latent myostatin complex], humanized monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain humanized (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (69.1%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.13] (26-33.51-57.96-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH2 E12, M14, G1v86 CH2 Y1.3, D2, I26, K115, G1v87 V14, P90, G1v88 CH2 R94, CH3 R1.2, G1v89 CH3 T116, R118, G1v78-1 CH3 L107, A114, T116 (CH1 R120>K (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 L1.3>Y (236), P2>D (240), T14>V (252), V26>I (266), T90>P (309), Q94>R (313), A115>K (332) (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360), P1.2>R (345), M107>L (430), N114>A (436), Y116>T (438), Q118>R (440), S120>E (442) (343-447), CHS G1>del, K2>del) (120-447)], (222-217')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-217') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3D-7*01 (77.7%) -IGKJ2*02 (90.0%) L124>V (107'), CDR-IMGT [8.3.10] (27'-34'.52'-54'.91'-100')) (1'-110') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (156'), V101 (194')) (111'-217')]; dimer (228-228":231-231")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DXB11, glycoform alfa
myostatin inhibitor

émugrobart immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* MSTN (myostatine, facteur de croissance et de différenciation 8, GDF8, GDF-8) complexe de la myostatine latente]; anticorps monoclonal humanisé;
chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (69.1%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.13] (26-33.51-57.96-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, G1v86 CH2 Y1.3, D2, I26, K115, G1v87 V14, P90, G1v88 CH2 R94, CH3 R1.2, G1v89 CH3 T116, R118, G1v78-1 CH3 L107, A114, T116 (CH1 R120>K (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 L1.3>Y (236), P2>D (240), T14>V (252), V26>I (266), T90>P (309), Q94>R (313), A115>K (332) (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360), P1.2>R (345), M107>L (430), N114>A (436), Y116>T (438), Q118>R (440), S120>E (442) (343-447), CHS G1>del, K2>del) (120-447)], (222-217')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-217') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3D-7*01 (77.7%) -IGKJ2*02 (90.0%) L124>V (107'), CDR-IMGT [8.3.10] (27'-34'.52'-54'.91'-100')) (1'-110') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (156'), V101 (194')) (111'-217')]; dimère (228-228":231-231")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DXB11, glycoforme alfa
inhibiteur de la myostatine

emugrobart inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* MSTN (miostatina, factor de crecimiento y de diferenciación 8, GDF8, GDF-8) complejo de la miostatina latente]; anticuerpo monoclonal humanizado;
cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (69.1%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.13] (26-33.51-57.96-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, G1v86 CH2 Y1.3, D2, I26, K115, G1v87 V14, P90, G1v88 CH2 R94, CH3 R1.2, G1v89 CH3 T116, R118, G1v78-1 CH3 L107, A114, T116 (CH1 R120>K (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 L1.3>Y (236), P2>D (240), T14>V (252), V26>I (266), T90>P (309), Q94>R (313), A115>K (332) (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360), P1.2>R (345), M107>L (430), N114>A (436), Y116>T (438), Q118>R (440), S120>E (442) (343-447), CHS G1>del, K2>del) (120-447)], (222-217')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-217') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3D-7*01 (77.7%) -IGKJ2*02 (90.0%) L124>V (107'), CDR-IMGT [8.3.10] (27'-34'.52'-54'.91'-100')) (1'-110') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (156'), V101 (194')) (111'-217')]; dímero (228-228":231-231")-bisdisulfuro,

producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DXB11, forma glicosilada alfa
inhibidor de la miostatina

2922218-19-5

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAVSGIDLS HDDISWVRQA PGKGLEWVSI 50
ISYAGSTYYA SWAKGRLTIS KDTSKNQVVL TMTNMDPVDI ATYYCARGVP 100
AYSHGGDLWG QGTLVTSSA STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFPVQLQSSG LYSLSVVTV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHHKPSN TKVDKKVEPK SCDKTHTCPP CPAPEYLGGD SVFLFPPKPK 250
DVLMSRTPE VTCVVIDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLPV LHRDWLNGKE YKCKVSNKAL PKPIEKTISK AKQORREPVQ 350
YTLPPSREEM TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL 400
DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSCSVL HEALHAHTTR KELSLSP 447

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIVMTQSPAT LSLSPGERAT LSCTTSQSVY HENWLSWFQQ KPGQPCKLLI 50
YWASTLAYGV PSRFGSGSGG TDFTLTISL QPEDAATYYC AGGYGGGRYA 100
FGQGTKEIK RTVAAPSVFI FPPSDEQLKS GTASVVCLLN NFYPREAKVQ 150
WKVDNALQSG NSQESVTEQD SKDSTYSLSS TLTLKADYE HKHYVACEVT 200
HQLSSPVTK SFNRGEC 217

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'-90' 137'-197'
23'"-90'" 137'"-197'"
Inter-H-L (h 5-CL 126) 222-217' 222"-217"
Inter-H-H (h 11, h 14) 228-228" 231-231"

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

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

emunkitugum #
emunkitug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF1B (tumor necrosis factor receptor (TNFR) superfamily member 1B, TNFR2, TNFR type II, p75, CD120b)], humanized monoclonal antibody, agonist;
H-gamma1 heavy chain humanized (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*04 (83.5%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (92.3%) Q120>T (110), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (215) (119-216), hinge 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 E12 (357), M14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-213')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*01 (81.1%) -IGKJ2*01 (90.9%) Q120>S (99), CDR-IMGT [5.3.9] (27'-31'.49'-51'.88'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213')]; dimer (227-227":230-230")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DG44, glycoform alfa
antineoplastic

émunkitug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF1B (membre 1B de la superfamille des récepteurs des facteurs de nécrose tumorale (TNFR), TNFR2, TNFR type II, p75, CD120b)], anticorps monoclonal humanisé, agoniste;

chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*04 (83.5%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (92.3%) Q120>T (110), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (215) (119-216), charnière 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 E12 (357), M14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-213')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*01 (81.1%) -IGKJ2*01 (90.9%) Q120>S (99), CDR-IMGT [5.3.9] (27'-31'.49'-51'.88'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213')]; dimère (227-227'':230-230'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DG44, glycoforme alfa
antineoplasique

emunkitug

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF1B (miembro 1B de la superfamilia de los receptores de los factores de necrosis tumoral (TNFR), TNFR2, TNFR tipo II, p75, CD120b)], anticuerpo monoclonal humanizado, agonista;
cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*04 (83.5%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (92.3%) Q120>T (110), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (215) (119-216), bisagra1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 E12 (357), M14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-213')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*01 (81.1%) -IGKJ2*01 (90.9%) Q120>S (99), CDR-IMGT [5.3.9] (27'-31'.49'-51'.88'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213')]; dímero (227-227'':230-230'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DG44, forma glicosilada alfa
antineoplásico

2916519-48-5

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QVQLVQSGAE LKKPGASVKV SKASSYSFT DYNMNVVRQA PGQSLEWMMGI 50
IFPKYGTTSY AQLQGRVTL TDTSTSTAY MELRSLRSD TAVYCATDG 100
GTWYFDVWGT GTTVTVSSAS TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY 150
PEPVTVSWN SGALTSQGVHT FPAVLQSSGL YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI 200
CNVNHKPSNT KVDKRVPEKS CDKHTCPPC PAPELLGGPS VFLPPKPKD 250
TLMSRTPEV TCVVVDVSHD DPEVTKFNWYV DGVEVHNAKT KPREQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY 350
TLPPSREEMT KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQFEN NYKTTTPVLD 400
SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

DIQLTQSPSF LSASVGRVIT ITCRASSVT YMYWYQQKPG KAPKPIYLT 50
SNLASGVPSR FSGSGSGTEY TLTISLQPE DAATYYCQOW SSNPPTFGSG 100
TKLEIKRTVA APSVFIFPPS DEQLKSGTAS VVCLLNNFYP REAKVQWKVD 150
NALQSGNSQE SVTEQDSKDS TYSLSTLT TL SKADYEKKV YACEVTHQGL 200
SSPVTKFNH GEC 213

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'-87' 133'-193'

23'''-87''' 133'''-193'''

Inter-H-L (h 5-CL 126) 221-213' 221"-213"

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

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

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

H VH Q1: 1, 1"

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

H CH2 N84.4: 298, 298"

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

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

H CHS K2: 448, 448"

enrupatinibum

enrupatinib

4³-methoxy-7⁶-methyl-5-oxa-3-aza-2(2,7)-quinoxalina-1(4)-morpholina-7(3)-pyridina-4(1,4)-benzenaheptaphane-2⁸-carbonitrile
colony-stimulating factor 1 receptor (CSF1R) inhibitor, antineoplastic

enrupatinib

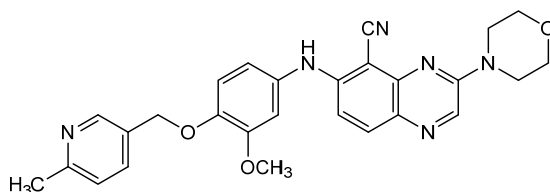
4³-méthoxy-7⁶-méthyl-5-oxa-3-aza-2(2,7)-quinoxalina-1(4)-morpholina-7(3)-pyridina-4(1,4)-benzénaheptaphane-2⁸-carbonitrile
inhibiteur du récepteur du facteur 1 stimulant les colonies (CSF1R), antinéoplasique

enrupatinib

7⁶-metil-4³-metoxi-5-oxa-3-aza-2(2,7)-quinoxalina-1(4)-morfolina-7(3)-piridina-4(1,4)-benzenaheptafano-2⁸-carbonitrilo
inhibidor del receptor del factor 1 estimulador de colonias (CSF1R), antineoplásico

C₂₇H₂₆N₆O₃

2222689-47-4

**etalanetugum #**

etalanetug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* MAPT (microtubule-associated protein tau, tau)], humanized monoclonal antibody;
 H-gamma1 heavy chain humanized (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*03 (80.6%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) T123>L (114), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 D12 (358), L14 (360) (343-447), CHS K2>del (448)) (120-448)], (222-219')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (80.0%) -IGKJ2*02 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102'')) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196'')) (113'-219'')]; dimer (228-228":231-231'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa
tau protein aggregation inhibitor, Alzheimer's disease

étalanetug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* MAPT (protéine tau associée aux microtubules, tau)]; anticorps monoclonal humanisé;

etalanetug

chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*03 (80.6%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) T123>L (114), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 D12 (358), L14 (360) (343-447), CHS K2>del (448)) (120-448)], (222-219')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (80.0%) -IGKJ2*02 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102')) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')]; dimère (228-228":231-231")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa
inhibiteur de l'agrégation des protéines tau, maladie d'Alzheimer

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* MAPT (proteína tau asociada con los microtúbulos, tau)]; anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*03 (80.6%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) T123>L (114), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 (233-342), CH3 D12 (358), L14 (360) (343-447), CHS K2>del (448)) (120-448)], (222-219')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (80.0%) -IGKJ2*02 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102')) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')]; dímero (228-228":231-231")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa
inhibidor de la agregación de la proteína tau, enfermedad de Alzheimer

2690265-18-8

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGYTFT TYWITWVRQA PGKGLEWVSD 50
IYPGSSISNY NEKFKSRFTI SVDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARED 100
GYDAWFAYWG QGTLVTVSSA STKGPSVFPPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFPAVLQSSG LYSLSVVTV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHPKPSN TKVDKKVEPK SCDKTHTCPP CPAPELLGGP SVFLFPPKPK 250
DTLMISRTP E VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQNS 300
TYRVVSVLT V LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIETISK AKGQPREPQV 350
YTLPPSRDEL TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL 400
DSGDSFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSPG 448

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIQMTQSPSS LSASVGDRVIT ITCRSSQSIL HSNNTYLEW YQQKPGKAPK 50
LLISKVSNRF SGVPSRFGSG GSGTDFTLTI SSLQPEDFAT YYCFQGSHPV 100
FTFGQGTKE IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVVCV LNNFYPREAK 150
VQWKVDNALQ 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'-93' 139'-199'
23'''-93''' 139'''-199'''
Inter-H-L (h 5-CL 126) 222-219' 222"-219"
Inter-H-H (h 11, h 14) 228-228" 231-231"

N-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 bi-antennarios complejos fucosilados

etivelcabtagenum erigedleucelum #

etivelcabtagene erigedleucel

allogeneic T lymphocytes obtained from peripheral blood mononuclear cells by leukapheresis of healthy donors, transduced with a self-inactivating, non-replicating lentiviral vector encoding two chimeric antigen receptors (CAR) in tandem, targeting CD20 and CD22, separated by a P2A peptide. The cells are also genetically modified using transcription activator-like (TAL) effector nucleases, which are transiently delivered into the cells as mRNAs to disrupt the T cell receptor alpha constant (*TRAC*) and CD52 genes. Each of the expressed CAR transgenes comprises a CD8 α signal peptide, a single chain variable fragment (scFv) derived from a human monoclonal antibody, a CD8 α hinge and transmembrane domain, and 4-1BB (CD137) and CD3 ζ (CD247) intracellular costimulatory domains. The two transgenes are separated by a P2A ribosomal skip motif and are under control of the human elongation factor-1 alpha (EF-1 α) 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 and a mutated Woodchuck hepatitis virus 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 and cultured in media containing serum and interleukin 2 (IL-2) prior to being transduced with the vector and expanded. Residual TCRab+ lymphocytes are removed by magnetic depletion. The suspension consists primarily of T lymphocytes with $\geq 30\%$ CAR+, $\geq 39\%$ CD52- and $\leq 0.0\%$ TCR $\alpha\beta$ + T lymphocytes. The cells are cytotoxic, proliferate and secrete pro-inflammatory cytokines in response to CD20 and/or CD22-expressing cells.

cell-based gene therapy (antineoplastic)

étivelcabtagène érigedleucel

lymphocytes T allogéniques obtenus par leucaphérèse, à partir de cellules mononuclées du sang périphérique (CMSP) de donneurs sains, transduits à l'aide d'un vecteur lentiviral auto-inactivant et non répliatif, codant deux récepteurs antigéniques chimériques (CAR), en tandem, ciblant CD20 et CD22, séparés par un peptide P2A. Les cellules sont également génétiquement modifiées à l'aide de nucléases effectrices de type activateur de transcription (TAL), qui sont transitoirement délivrées dans les cellules sous forme d'ARNm, afin d'effectuer une disruption génique du gène codant la chaîne constante alpha du récepteur des cellules T (*TRAC*) et des gènes CD52. Chacun des transgènes CAR exprimés comprend un peptide signal CD8 α , et un fragment variable à chaîne unique (scFv) dérivé d'un anticorps monoclonal humain, une région charnière et transmembranaire CD8 α , un domaine co-stimulant 4-1BB (CD137) et un domaine co-stimulant CD3 ζ (CD247). Les deux transgènes sont séparés par un motif P2A de saut ribosomique et sous contrôle du promoteur du facteur d'élongation -1 alpha (EF-1 α). La construction est flanquée, en 5' et 3', de répétitions terminales longues (LTR) et contient également un signal d'encapsulation ψ , une partie du gène *gag* du VIH, un élément de réponse Rev (RRE), une séquence centrale du tractus polypurine (cPPT), et un élément régulateur posttranscriptionnel 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 la leucaphorèse est activé par les agonistes CD3 et CD28, et cultivé dans un milieu contenant du sérum et de l'interleukine-2 (IL-2), avant d'être transduit par le vecteur et mis en expansion. Les lymphocytes TCRαβ+ résiduels sont éliminés par déplétion magnétique. La suspension est constituée principalement de lymphocytes T avec ≥30% de CAR+, ≥39% de CD52 et ≤3.0% de TCRαβ+. Les cellules sont cytotoxiques, prolifèrent et sécrètent des cytokines proinflammatoires en réponse aux cellules exprimant le CD20 et/ou le CD22

terapia génica basada en células (antineoplásico)

etivcabtagén erigedleucl

linfocitos T alogénicos obtenidos de células mononucleares de sangre periférica mediante leucoaféresis de donantes sanos, transducidos con un vector lentiviral no replicativo, auto inactivante, que codifica para dos receptores de antígenos quiméricos (CAR) en tándem, dirigidos a CD20 y CD22, separados por un péptido P2A. Las células también se modifican genéticamente usando nucleasas efectoras similares al activador de la transcripción (TAL) que se administran transitoriamente a la célula en forma de ARNm para la ruptura de los genes de la cadena constante alfa del receptor de linfocitos T (TRAC) y de CD52.

Cada uno de los transgenes CAR expresado contiene un péptido señal CD8α, un fragmento variable de cadena sencilla (scFv) derivado de un anticuerpo monoclonal humano, un dominio bisagra y transmembrana de CD8α y dominios coestimuladores intracelulares de 4-1BB (CD137) y de CD3ζ (CD247). Los dos transgenes están separados por un motivo de salto ribosómico P2A y están bajo el control del promotor del factor de elongación-1 alfa (EF-1α) 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) y un elemento regulador post-transcripcional del virus de la hepatitis de la marmota (WPRE) mutado. El vector está pseudotipado con la glicoproteína G del virus de la estomatitis vesicular (VSV).

El material de leucoaféresis se activa con agonistas de CD3 y CD28 y se cultiva en medio que contiene suero e interleuquina 2 (IL-2) antes de ser transducido con el vector y expandido. Los linfocitos TCRαβ+ residuales se eliminan mediante depleción magnética. La suspensión consiste principalmente en linfocitos T con ≥30% CAR+, ≥39% CD52- y ≤3.0% de linfocitos T TCRαβ+. Las células son citotóxicas, proliferan y secretan citoquinas pro-inflamatorias en respuesta a células que expresan CD20 y/o CD22

terapia génica basada en células (antineoplásico)

chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens* (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-39*01 (96.0%) -IGHD) -IGHJ5*02 (93.8%), CDR-IMGT [10.7.12] (26-35.53-59.98-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (217) (121-218), charnière 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (96.8%) -IGKJ4*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214'')]; dimère (229-229":232-232")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DG44, glycoforme alfa
antineoplasique

felmetatug immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* VTCN1 (inhibidor 1 de la activación de las células T que contienen un dominio V-like, miembro H4 de la familia B7, B7H4, B7-H4)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*; cadena pesada H-gamma1 *Homo sapiens* (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-39*01 (96.0%) -IGHD) -IGHJ5*02 (93.8%), CDR-IMGT [10.7.12] (26-35.53-59.98-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (217) (121-218), bisagra 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (96.8%) -IGKJ4*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214'')]; dímero (229-229":232-232")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DG44, forma glicosilada alfa
antineoplásico

2924808-29-5

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QLQLQESGPG LVKPSETLSL TCTVSGGSIK SGSYYWGWI R QPPGKGLEWI 50
GNIYYSGSTY YNPSLRSRVT ISVDTSKNQF SLKLSSVTAA DTAVYVCARE 100
GSYPNQFDPW GGQTLTVTSS ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK 150
DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT 200
YICNVNHHKPS NTKVDKKVEP KSCDKTHTCP PCPAPELLGG PSVFLFPPPK 250
KDTLMISRTPEVTCVVVDVS HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN 300
STYRVVSVLT VLHQDWLNGK EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ 350
VYTLPPSRDE LTKNQVSLTLC LVKGFPYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV 400
LDSGGSFPLY SKLTVDKSRW QQGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPGK 450

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
EIVMTQSPAT LSVSPGERAT LSCRASQSVS SNLAWYQQPK GQAPRLLIYG 50
ASTRATGIPA RFGSGSGSTE FTLTISSLQS EDFAVYQCQQ YHSFPFTFGG 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIIPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWVK 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEC 214

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-97 147-203 264-324 370-428
22"-97" 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) / pyroglutamide (pE, 5-oxopropyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)
H VH Q1: 1, 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 300, 300"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados

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

felmetatugum vedotinum #

felmetatug vedotin

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* VTCN1 (V-set domain containing T cell activation inhibitor 1, B7 family member H4, B7H4, B7-H4)], *Homo sapiens* monoclonal antibody, conjugated on an average of four cysteinyl residues to *vedotin*, comprising a cleavable linker and monomethylauristatin E (MMAE);
H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-39*01 (96.0%) -(IGHD) - IGHJ5*02 (93.8%), CDR-IMGT [10.7.12] (26-35.53-59.98-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (217) (121-218), hinge 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-214')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (96.8%) -IGKJ4*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimer (229-229'':232-232'')-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 an average among 223, 229, 232, 214', 223'', 229'', 232'' and 214''' with a group consisting of (3RS)-1-(6-(((2S)-1-(((2S)-5-(carbamoylamino)-1-{4-[[[(2S)-1-[[[(2S)-1-[[[(3R,4S,5S)-1-{(2S)-2-[[1R,2R)-3-[[1S,2R)-1-hydroxy-1-phenylpropan-2-yl]amino]-1-methoxy-2-methyl-3-oxopropyl]pyrrolidin-1-yl]-3-methoxy-5-methyl-1-oxoheptan-4-yl](methyl)amino]-3-methyl-1-oxobutan-2-yl]amino]-3-methyl-1-oxobutan-2-yl](methyl)carbamoyl)oxy)methyl]anilino]-1-oxopentan-2-yl]amino)-3-methyl-1-oxobutan-2-yl]amino)-6-oxohexyl)-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl) (*vedotin*) *antineoplastic*

felmétatug védotine

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* VTCN1 (inhibiteur 1 de l'activation des lymphocytes T contenant un domaine V-like, membre H4 de la famille B7, B7H4, B7-H4)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*, conjugué, par quatre résidus cystéinyle en moyenne à la *védotine*, comprenant un linker clivable et monométhylauristatine E (MMAE);
chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens* (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-39*01 (96.0%) -(IGHD) - IGHJ5*02 (93.8%), CDR-IMGT [10.7.12] (26-35.53-59.98-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (217) (121-218), charnière 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (96.8%) -IGKJ4*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimère (229-229'':232-232'')-bisdisulfure, produit dans des

felmetatug vedotina

cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DG44, glycoforme alfa; substitué sur l'atome de soufre de quatre résidus L-cystéinyle en moyenne parmi 223, 229, 232, 214', 223'', 229'', 232'' et 214''' avec un groupe (3*RS*)-1-(6-[[[(2*S*)-1-[[[(2*S*)-5-(carbamoylamino)-1-{4-[[[(2*S*)-1-[[[(2*S*)-1-[[[(3*R*,4*S*,5*S*)-1-{(2*S*)-2-[[[(1*R*,2*R*)-3-[[[(1*S*,2*R*)-1-hydroxy-1-phénylpropan-2-yl]amino]-1-méthoxy-2-méthyl-3-oxopropyl]pyrrolidin-1-yl]-3-méthoxy-5-méthyl-1-oxoheptan-4-yl](méthyl)amino]-3-méthyl-1-oxobutan-2-yl]amino]-3-méthyl-1-oxobutan-2-yl](méthyl)carbamoyl]oxy)méthyl]anilino]-1-oxopentan-2-yl]amino]-3-méthyl-1-oxobutan-2-yl]amino]-6-oxohexyl)-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (*védotine*)
antinéoplasique

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* VTCN1 (inhibidor 1 de la activación de las células T que contiene un dominio V-like, miembro H4 de la familia B7, B7H4, B7-H4)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*, conjugado, sobre cuatro residuos cisteinilo por término medio a la *vedotina*, que comprende un enlace escindible y monometilauristatina E (MMAE); cadena pesada H-gamma1 *Homo sapiens* (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-39*01 (96.0%) -(IGHD) - IGHJ5*02 (93.8%), CDR-IMGT [10.7.12] (26-35.53-59.98-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17, 1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (217) (121-218), bisagra 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 D12 (359), L14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (96.8%) -IGKJ4*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') - *Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dímero (229-229'':232-232'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DG44, forma glicosilada alfa; sustituido en el átomo de azufre de cuatro residuos L-cisteinilo en una media entre 223,229,232,214',223'',229'',232'' y 214''' con un grupo (3*RS*)-1-(6-[[[(2*S*)-1-[[[(2*S*)-5-(carbamoylamino)-1-{4-[[[(2*S*)-1-[[[(2*S*)-1-[[[(3*R*,4*S*,5*S*)-1-{(2*S*)-2-[[[(1*R*,2*R*)-3-[[[(1*S*,2*R*)-1-hidroxi-1-fenilpropan-2-il]amino]-1-metoxi-2-metil-3-oxopropil]pirrolidin-1-il]-3-metoxi-5-metil-1-oxoheptan-4-il](metil)amino]-3-metil-1-oxobutan-2-il]amino]-3-metil-1-oxobutan-2-il](metil)carbamoyl]oxi]metil]anilino]-1-oxopentan-2-il]amino]-3-metil-1-oxobutan-2-il]amino]-6-oxohexil)-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo (*vedotina*)
antineoplásico

2924808-30-8

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QLQLQESGPG LVKPSSETLSL TCTVSGGSIK SGSYYWGWR QPPGKGLEWI 50
 GNIYYSGSTY YNPSLRSRVT ISVDTSKNQF SLKLSSVTAA DTAVYYCARE 100
 GSYPNQDFPW GQGLTVTVSS ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK 150
 DYFPPEPTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT 200
 YICNVNHKPS NTKVDKKVEP KSCDKHTTCP PCPAPELLGG PSVFLFPPKP 250
 KDTLMISRTPEVTCVVVDVS HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN 300
 STYRVVSVLT VLHQDWLNGK EYCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ 350
 VYTLPPPSRDE LTKNQVSLTC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV 400
 LDSGSGFFLY SKLTVDKSRW QQGNVFCSDV MHEALHNHYT QKSLSLSPGK 450

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

EIVMTQSPAT LSVSPGERAT LSCRASQSVS SNLAWYQQKP GQAPRLLIYG 50
 ASTRATGIPA RFSGSGSGTE FTLTISLQS EDFAVYYCQ YHSFPTTFGG 100
 GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150
 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
 LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22"-97" 147"-203" 264"-324" 370"-428"
 22"-97" 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"

*At least two of the four inter-chain disulfide bridges are not present, an average of four 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, quatre cystéinyl en moyenne étant chacun conjugué via une liaison thioéther à un linker-principe actif.

*Al menos dos de los cuatro puentes disulfuro inter-catenarios no estan presentes, una media de cuatro 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: 300, 300"

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

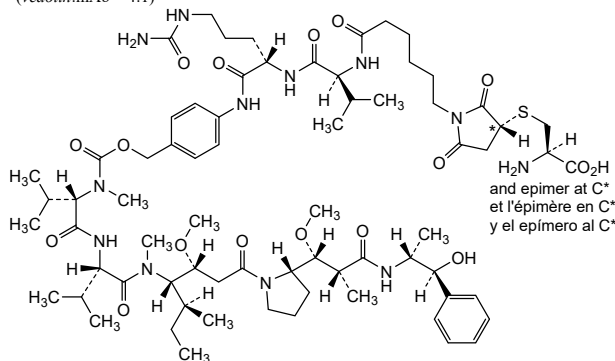
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: 450, 450"

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

C (223, 229, 232, 214', 223", 229", 232", 214"")

*(vedotin:mAb ~ 4:1)



filricianinum

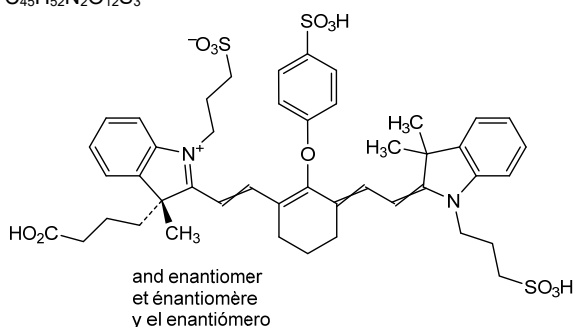
filricianine 3-[(3*RS*)-3-(3-carboxypropyl)-2-[(1*E*)-2-[(3*E*)-3-[(2*E*)-2-[3,3-dimethyl-1-(3-sulfopropyl)-1,3-dihydro-2*H*-indol-2-ylidene]ethylidene)-2-(4-sulfophenoxy)cyclohex-1-en-1-yl]ethen-1-yl]-3-methyl-3*H*-indol-1-ium-1-yl]propane-1-sulfonate
diagnostic imaging agent

filricianine 3-[(3*RS*)-3-(3-carboxypropyl)-2-[(1*E*)-2-[(3*E*)-3-[(2*E*)-2-[3,3-diméthyl-1-(3-sulfopropyl)-1,3-dihydro-2*H*-indol-2-ylidène]éthylidène)-2-(4-sulfophénoxy)cyclohex-1-én-1-yl]éthén-1-yl]-3-méthyl-3*H*-indol-1-ium-1-yl]propane-1-sulfonate
agent d'imagerie diagnostique

filricianina 3-[(3*RS*)-3-(3-carboxipropil)-2-[(1*E*)-2-[(3*E*)-3-[(2*E*)-2-[3,3-dimetil-1-(3-sulfopropil)-1,3-dihidro-2*H*-indol-2-ilideno]etilideno]-2-(4-sulfofenoxi)ciclohex-1-en-1-il]eten-1-il]-3-metil-3*H*-indol-1-io-1-il]propano-1-sulfonato
agente de diagnóstico

C₄₅H₅₂N₂O₁₂S₃

2140857-94-7

**fosrolapitantum**

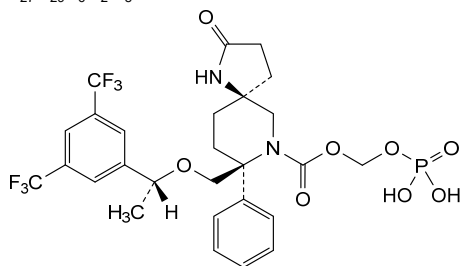
fosrolapitant (phosphonoxy)methyl (5*S*,8*S*)-8-(((1*R*)-1-[3,5-bis(trifluoromethyl)phenyl]ethoxy)methyl)-2-oxo-8-phenyl-1,7-diazaspiro[4.5]decane-7-carboxylate
neurokinin 1 (NK1) receptor antagonist

fosrolapitant (5*S*,8*S*)-8-(((1*R*)-1-[3,5-bis(trifluorométhyl)phényl]éthoxy)méthyl)-2-oxo-8-phényl-1,7-diazaspiro[4.5]décane-7-carboxylate de (phosphonoxy)méthyle
antagoniste des récepteurs de la neurokinine 1 (NK1)

fosrolapitant (5*S*,8*S*)-8-(((1*R*)-1-[3,5-bis(trifluorometil)fenil]etoxi)metil)-8-fenil-2-oxo-1,7-diazaespiro[4.5]decano-7-carboxilato de (fosfonooxi)metilo
antagonista del receptor neurocinina 1 (NK1)

C₂₇H₂₉F₆N₂O₈P

2573694-38-7



frespaciguatum

frespaciguat

3-{4-[(5*S*)-4-amino-2-[6-chloro-1-(3,3,4,4,4-pentafluorobutyl)-1*H*-indazol-3-yl]-5-methyl-6-oxo-6,7-dihydro-5*H*-pyrrolo[2,3-*d*]pyrimidin-5-yl]phenyl}propanoic acid
guanylate cyclase activator

frespaciguat

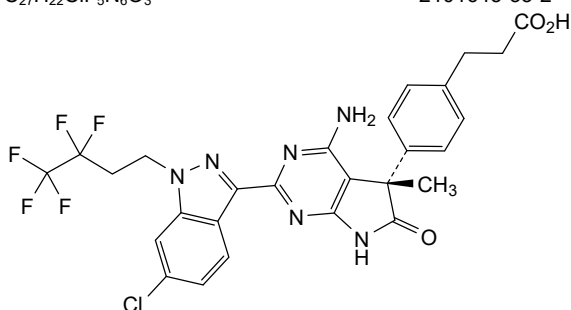
acide 3-{4-[(5*S*)-4-amino-2-[6-chloro-1-(3,3,4,4,4-pentafluorobutyl)-1*H*-indazol-3-yl]-5-méthyl-6-oxo-6,7-dihydro-5*H*-pyrrolo[2,3-*d*]pyrimidin-5-yl]phényl}propanoïque
activateur de la guanylate cyclase

frespaciguat

ácido 3-(4-{(5*S*)-4-amino-2-[6-cloro-1-(3,3,4,4,4-pentafluorobutil)-1*H*-indazol-3-il]-5-metil-6-oxo-5,6-dihidro-1*H*-pirrolo[2,3-*d*]pirimidin-5-il}fenil)propanoico
activador de la guanilato ciclase

C₂₇H₂₂ClF₅N₆O₃

2101645-33-2

**gacovetugum #**

gacovetug

immunoglobulin A (VH-h-CH2-CH3-CHS) dimer, anti-[F4⁺ enterotoxigenic *Escherichia coli* (ETEC) FaeG (subunit of the major constituent of F4⁺ fimbriae), chimeric camelid-*Sus scrofa* monoclonal antibody, monospecific, bivalent; H-alpha heavy chain chimeric (1-359) [VH (*Vicugna pacos*IGHV3S53*01 (84.5%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) Q120>K (113), CDR-IMGT [8.7.15] (26-33.51-57.96-110)) (1-121) -*Sus scrofa* IGHA*01 h-CH2-CH3-CHS (100%) (hinge 5-9 (122-126), CH2 (127-228), CH3 (229-339), CHS (340-359)) (122-359)]; dimer (127-127'':187-187'':197-197')-trisulfide, produced in the yeast *Pichia pastoris* (*Komagataella phaffii*), glycoform alfa
antibacterial (veterinary use)

gacovétug

immunoglobuline A (VH-h-CH2-CH3-CHS) dimère, anti-[F4⁺ *Escherichia coli* entérotoxigène (ECET) FaeG (sous-unité du constituant majeur des fimbriae F4⁺), anticorps monoclonal chimérique camélidé-*Sus scrofa*, monospécifique, bivalent; chaîne lourde H-alpha chimérique (1-359) [VH (*Vicugna pacos*IGHV3S53*01 (84.5%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) Q120>K (113), CDR-IMGT [8.7.15] (26-33.51-57.96-110)) (1-121) -*Sus scrofa* IGHA*01 h-CH2-CH3-CHS (100%) (charnière 5-9 (122-126), CH2 (127-228), CH3 (229-339), CHS (340-359)) (122-359)]; dimère (127-127'':187-187'':197-197')-trisulfure, produit dans la levure *Pichia pastoris* (*Komagataella phaffii*), glycoforme alfa
antibactérien (usage vétérinaire)

gacovetug	inmunoglobulina A (VH-h-CH2-CH3-CHS) dímero, anti-[F4⁺ <i>Escherichia coli</i> enterotoxinogen (ECET) FaeG (subunidad del constituyente mayor de las fimbrias F4⁺), anticuerpo monoclonal quimérico camélida-<i>Sus scrofa</i>, monoespecífico, bivalente; cadena pesada H-alfa quimérica (1-359) [VH (<i>Vicugna pacos</i> IGHV3S53*01 (84.5%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) Q120>K (113), CDR-IMGT [8.7.15] (26-33.51-57.96-110)) (1-121) -<i>Sus scrofa</i> IGHA*01 h-CH2-CH3-CHS (100%) (bisagra 5-9 (122-126), CH2 (127-228), CH3 (229-339), CHS (340-359)) (122-359)]; dímero (127-127":187-187":197-197")-trisulfuro, producido en la levadura <i>Pichia pastoris</i> (<i>Komagataella phaffii</i>), forma glicosilada alfa antibacteriano (uso veterinario) 2935485-57-5 Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada QVQLQESGGG LVQPGGSLRL SCTASGSISS INAMGWYRQA PGSKREFVAH 50 INNTGVTEFA DSVKGRFTIS RDNAKTTVDL QMNSLKPEDT AVYYCAATDW 100 GTLTIKGIDH WGKGTQVTVS SDPCPQCKPK SLSLQPPALA DLLLGSNASL 150 TCTLSGLKKS EGVSTWQPS GGDVAQASP TRDSCGCYSV SSILPGCADP 200 WNKGETFSCT AAHSELKSAL TATITKPKVN TFRPQVHLLP PPSEELALNE 250 LVTLTCLVRG FSPKDVLRW LQGGQELPRD KYLVWESLPE PGQAITYAV 300 TSVLRVDAED WKQGDTFSCM VGHEALPLAF TQKTIDRLAG KPTHVNVSVV 350 MAEAEIGICY 359 Post-translational modifications Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro Intra-H (C23-C104) 22-95 152-209 256-319 22'-95' 152'-209' 256'-319' Intra-H (CH2 1.1-84.3) 128-185 128'-185' Inter-H-H (CH2 1.2, 85.3, 92) 127-127' 187-187' 197-197' 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 N18: 147, 147' H CHS N7: 346, 346'
givilmeranum # givilmeran	messenger RNA (mRNA), 5' capped, encoding codon-optimised human methylmalonyl-coenzyme A mutase (MMUT, MUT, MCM) flanked by 5' and 3' untranslated regions (UTRs) followed by a 3' polyadenylation (polyA) tail and concluded by a 5-nucleotide <i>Xba</i>I scar. The 3' UTR contains three microRNA-142 (miR-142) binding sites. Contains N¹-methylpseudouridine instead of uridine (<i>all-U>m¹ψ</i>) <i>methylmalonyl-coenzyme A mutase enzyme replacement therapy</i>
givilmérán	ARN messenger (ARNm), protégé d'une coiffe en 5', codant la méthylmalonyl-CoA mutase humaine (MMUT, MUT, MCM), aux codons optimisés, flanqué de régions non traduites en 5' et 3' (UTR), suivies d'une queue de polyadénylation (polyA) en 3' et terminées par une cicatrice <i>Xba</i>I de 5 nucléotides. La région 3' UTR contient trois sites de liaison du microARN-142 (miARN-142). Contient des N¹-méthylpseudouridine au lieu de l'uridine (<i>tout U>m¹ψ</i>) <i>thérapie de remplacement enzymatique méthylmalonyl-coenzyme A mutase</i>

givilmerán

ARN mensajero (ARNm), protegido en 5', que codifica, con codones optimizados, para la metilmalonil-coenzima A mutasa (MMUT, MUT, MCM) humana, flanqueado por regiones sin traducir 5' y 3' (UTRs) seguido de una cola de poliadenilación (poliA) en 3' y concluido con una cicatriz *Xba*I de 5 nucleótidos. La región 3' UTR contiene tres sitios de unión del microARN-142 (miR-142). Contiene *N*¹-metilpseudouridina en lugar de uridina (*todo-U>m¹Ψ*)
terapia de sustitución del enzima metilmalonil-coenzima A mutasa

2924731-69-9

glasmacinalum

glasmacinal

(2*R*,3*S*,4*R*,5*R*,8*R*,10*R*,11*R*,12*S*,13*S*,14*R*)-11-[[2-*O*-benzoyl-3,4,6-trideoxy-3-(dimethylamino)-β-*D*-xylo-hexopyranosyl]oxy]-2-ethyl-3,4,10,13-tetrahydroxy-3,5,6,8,10,12,14-heptamethyl-1-oxa-6-azacyclopentadecan-15-one
non-antibacterial macrolide, anti-inflammatory

glasmacinal

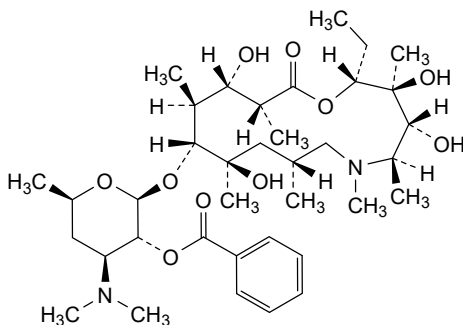
(2*R*,3*S*,4*R*,5*R*,8*R*,10*R*,11*R*,12*S*,13*S*,14*R*)-11-[[2-*O*-benzoyl-3,4,6-tridésoxy-3-(diméthylamino)-β-*D*-xylo-hexopyranosyl]oxy]-2-éthyl-3,4,10,13-tétrahydroxy-3,5,6,8,10,12,14-heptaméthyl-1-oxa-6-azacyclopentadécan-15-one
macrolide non antibactérien, anti-inflammatoire

glasmacinal

(2*R*,3*S*,4*R*,5*R*,8*R*,10*R*,11*R*,12*S*,13*S*,14*R*)-11-[[2-*O*-benzoil-3,4,6-tridesoxi-3-(dimetilamino)-β-*D*-xilo-hexopiranosil]oxi]-2-etil-3,4,10,13-tetrahidroxi-3,5,6,8,10,12,14-heptametil-1-oxa-6-azaciclopentadecan-15-ona
macrólide no antibacteriano, antiinflamatorio

C₃₇H₆₂N₂O₁₀

2097822-02-9



gletimbetasinum #

gletimbetasin

human L-glycyl thymosin beta-4 (TMSB4X, TB4X), produced in *Escherichia coli*;
 L-glycyl-L-seryl-L-aspartyl-L-lysyl-L-prolyl-L-aspartyl-L-methionyl-L-alanyl-L-glutamyl-L-isoleucyl-L-glutamyl-L-lysyl-L-phenylalanyl-L-aspartyl-L-lysyl-L-seryl-L-lysyl-L-leucyl-L-lysyl-L-lysyl-L-threonyl-L-glutamyl-L-threonyl-L-glutamyl-L-glutamyl-L-lysyl-L-asparagyl-L-prolyl-L-leucyl-L-prolyl-L-seryl-L-lysyl-L-glutamyl-L-threonyl-L-isoleucyl-L-glutamyl-L-glutamyl-L-glutamyl-L-lysyl-L-glutamyl-L-alanyl-L-glycyl-L-glutamyl-L-seryl, produced in *Escherichia coli*
thymosin β4 analogue, anti-inflammatory

glétimbétasine L-glycyl thymosine bêta-4 humaine (TMSB4X, TB4X), produite dans *Escherichia coli*;
L-glycyl-L-séryl-L-aspartyl-L-lysyl-L-prolyl-L-aspartyl-L-méthionyl-L-alanyl-L-glutamyl-L-isoleucyl-L-glutamyl-L-lysyl-L-phénylalanil-L-aspartyl-L-lysyl-L-séryl-L-lysyl-L-leucyl-L-lysyl-L-lysyl-L-thréonyl-L-glutamyl-L-thréonyl-L-glutaminyl-L-glutamyl-L-lysyl-L-asparagyl-L-prolyl-L-leucyl-L-prolyl-L-séryl-L-lysyl-L-glutamyl-L-thréonyl-L-isoleucyl-L-glutamyl-L-glutaminyl-L-glutamyl-L-lysyl-L-glutaminyl-L-alanyl-L-glycyl-L-glutamyl-L-séryl produit dans des *Escherichia coli* analogue de la thymosine β4, anti-inflammatoire

gletimbetasina L-glicil timosina beta-4 humana (TMSB4X, TB4X), producido en *Escherichia coli*;
L-glicil-L-seril-L-aspartil-L-lisil-L-prolil-L-aspartil-L-metionil-L-alanil-L-glutamil-L-isoleucil-L-glutamil-L-lisil-L-fenilalanil-L-aspartil-L-lisil-L-seril-L-lisil-L-leucil-L-lisil-L-lisil-L-treonil-L-glutamil-L-treonil-L-glutaminil-L-glutamil-L-lisil-L-asparagil-L-prolil-L-leucil-L-prolil-L-seril-L-lisil-L-glutamil-L-treonil-L-isoleucil-L-glutamil-L-glutaminil-L-glutamil-L-lisil-L-glutaminil-L-alanil-L-glicil-L-glutamil-L-seril, producido en *Escherichia coli* análogo de la timosina β4, antiinflamatorio

C₂₁₂H₃₅₂N₅₇O₇₉S 921944-96-9

Sequence / Séquence / Secuencia
GSDKPDMAEI EKFDKSKLKK TETQEKNP LP SKETIEQEKQ AGES 44

greziprubartum #
greziprubart immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* C5 (complement 5) anaphylatoxin (C5a, C5 Pr678-751)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-72*01 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (91.7%) T122>V (113), 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, G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 R120>K (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237) (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-219')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-28*01 (89.0%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102')) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')]; dimer (228-228":231-231")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa complement factor 5a (C5a) blocker, immunosuppressant

gréziprubart immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* C5 (complément 5) anaphylatoxine (C5a, C5 Pr678-751)]; anticorps monoclonal *Homo sapiens*;

chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens* (1-449) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-72*01 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (91.7%) T122>V (113), 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, G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 R120>K (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237) (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-219')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV2-28*01 (89.0%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102')) (1'-112') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')]; dimère (228-228":231-231")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa bloqueur du facteur complémentaire 5a (C5a), immunosupprimeur

greziprubart immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* C5 (complemento 5) anafilotoxina (C5a, C5 Pr678-751)]; anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*; cadena pesada H-gamma1 *Homo sapiens* (1-449) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-72*01 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (91.7%) T122>V (113), 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, G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 R120>K (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237) (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS (448-449)) (120-449)], (222-219')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa *Homo sapiens* (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV2-28*01 (89.0%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102')) (1'-112') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')]; dímero (228-228":231-231")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa bloqueador del factor 5a del complemento (C5a), inmunosupresor

2894136-80-0

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
EMQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS DYYMQWVRQA PGKGPWVWGL 50
IRNKAVGETT QYAASVKGRF TISRDSKNS VYLQMNSLKT EDTAVVYCVS 100
RAGPPLGLSWG QGVLVTVSSA STKGPSVFPL APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
YFPEPVTWSV NSGALTSGVH TFPVAVLQSSG LYSLSVVTV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHHKPSN TKVDKKVEPK SCDKTHTCPP CPAPEAAGGP SVFLFPPKPK 250
DTLMISRTPE VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLTV LHQDNLNGKE YKCKVSNKAL PAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
YTLPPSREEM TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL 400
DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIVMTQSPLS LPVTPGEPAS ISCRSSQSLL ASDAYNYIDW YLQKPGQSPQ 50
LLIYGGSNRA SGVPDRFSGS GSGTDFTLKI SRVEAEDVGV YFCLQHRALP 100
PTFGQGKTLE IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVCL LNNFYPREAK 150
VQWKVDNALQ SGNSQESVTE QDSKDYSL 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) 22-98 146-202 263-323 369-427
22"-98" 146"-202" 263"-323" 369"-427"
Intra-L (C23-C104) 23'-93' 139'-199'
23'''-93''' 139'''-199'''
Inter-H-L (h 5-CL 126) 222-219' 222"-219"
Inter-H-H (h 11, h 14) 228-228" 231-231"

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

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

gridegalutamidum

gridegalutamide

2-[(7³R)-1⁴-cyano-3³-ethyl-2⁴,2⁴,7³-trimethyl-2⁵-oxo-2²-thio-1³-(trifluoromethyl)-4-oxa-7(1)-piperazina-2(1,3)-imidazolidina-1(1),3(1,4)-dibenzenaheptaphan-7⁴-yl]-N-(3-[[[(3R)-2,6-dioxopiperidin-3-yl]amino}phenyl]acetamide
antiandrogen, antineoplastic

gridégaltutamide

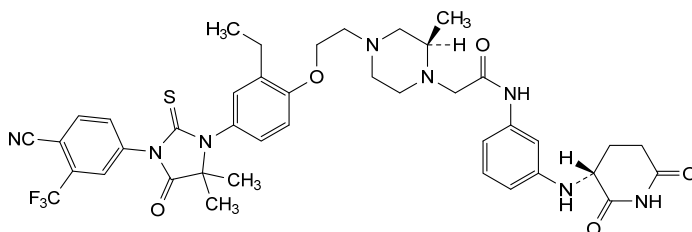
2-[(7³R)-1⁴-cyano-3³-éthyl-2⁴,2⁴,7³-triméthyl-2⁵-oxo-2²-thio-1³-(trifluorométhyl)-4-oxa-7(1)-pipérazina-2(1,3)-imidazolidina-1(1),3(1,4)-dibenzénaheptaphan-7⁴-yl]-N-(3-[[[(3R)-2,6-dioxopipéridin-3-yl]amino}phényl]acétamide
antiandrogène, antinéoplasique

gridegalutamida

2-[(7³R)-1⁴-ciano-3³-etil-2⁴,2⁴,7³-trimetil-2⁵-oxo-2²-tio-1³-(trifluorometil)-4-oxa-7(1)-piperazina-2(1,3)-imidazolidina-1(1),3(1,4)-dibenzenaheptafan-7⁴-il]-N-(3-[[[(3R)-2,6-dioxopiperidin-3-il]amino}fenil]acetamida
antiandrógeno, antineoplásico

C₄₁H₄₅F₃N₈O₅S

2446929-86-6

**idrebormilastum**

idrebormilast

(4R)-4-[5-(4-methoxy-3-propoxyphenyl)pyridin-3-yl]-1,2-oxaborolan-2-ol
phosphodiesterase 4 (PDE4) inhibitor, non-steroidal anti-inflammatory

idrébormilast

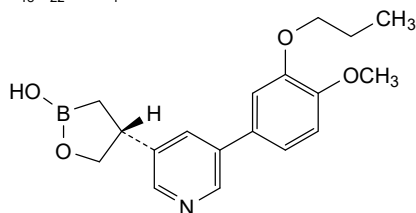
(4R)-4-[5-(4-méthoxy-3-propoxyphényl)pyridin-3-yl]-1,2-oxaborolan-2-ol
inhibiteur de la phosphodiesterase 4 (PDE4), anti-inflammatoire non stéroïdien

idrebormilast

(4R)-4-[5-(4-metoxi-3-propoxifenil)piridin-3-il]-1,2-oxaborolan-2-ol
inhibidor de la fosfodiesterasa 4 (PDE4), antiinflamatorio no esteroide

C₁₈H₂₂BNO₄

2415085-44-6



imeroprubartum #
imeroprubart

immunoglobulin G1-lambda2, 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;
H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (93.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 R120 (218) (122-219), hinge 1-15 (220-234), CH2 L1.3>A (238), L1.2>A (239) (235-344), CH3 E12 (360), M14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-213')-disulfide with L-lambda2 light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV3-21*02 (95.8%) -IGLJ2*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.11] (26'-31'.49'-51'.88'-98'')) (1'-108') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (C-LAMBDA2) (109'-214'')]; dimer (230-230'':233-233'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa
neonatal Fc receptor antagonist, immunosuppressant

iméropubart

immunoglobuline G1-lambda2, 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 H-gamma1 *Homo sapiens* (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (93.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 R120 (218) (122-219), charnière 1-15 (220-234), CH2 L1.3>A (238), L1.2>A (239) (235-344), CH3 E12 (360), M14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-213')-disulfure avec la chaîne légère L-lambda2 *Homo sapiens* (1'-214') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV3-21*02 (95.8%) -IGLJ2*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.11] (26'-31'.49'-51'.88'-98'')) (1'-108') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (C-LAMBDA2) (109'-214'')]; dimère (230-230'':233-233'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa
antagoniste du récepteur Fc néonatal, immunosuppresseur

imeroprubart

immunoglobulina G1-lambda2, 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 H-gamma1 *Homo sapiens* (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (93.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 R120 (218) (122-219), bisagra 1-15 (220-234), CH2 L1.3>A (238), L1.2>A (239)(235-344), CH3 E12 (360), M14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-213')-disulfuro con la cadena ligera L-lambda2 *Homo sapiens* (1'-214') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV3-21*02 (95.8%) -IGLJ2*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.11] (26'-31'.49'-51'.88'-98'')) (1'-108') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (C-LAMBDA2) (109'-214'')]; dímero (230-230'':233-233'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa
antagonista del receptor Fc neonatal, inmunosupresor

2919582-96-8

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASEFTFG SSVMTWVRQA PGKGLEWVSV 50
ISGSGGSTYY ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYCAKTP 100
WWLRSPFFDY WGGTLTVTS SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV 150
KDYFPEFPTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ 200
TYICNVNHKP SNTKVDKRVK PKSCDKHTHC PPCPAPEAAG GPSVFLFPPK 250
PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKT I SKAKGQPREP 350
QVYTLPPSRE EMTKNQVSLT CLVKGFPYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTTTP 400
VLDSDGSFFL YSKLTVDKSR WQQGNVFSCS VMHEALHNY TQKSLSLSPG 450
K 451

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
SYVLTPPPSV SVAPGQTARI TCGGSNIGST SVHWYQQKPG QAPVLVHDD 50
SDRPSGIPER FSGSNSGNTA TLTI SRVEAG DEADYYCQVR DSSSDHVFIFG 100
GGTKLTVLQG PKAAPSVTLF PPSSEELQAN KATLVCLISD FYPGAVTVAW 150
KADSSPVKAG VETTTPSKQS NNKYAASSYL SLTPEQWKSH RSYSCQVTHE 200
GSTVEKTVAP TECS 214

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 148-204 265-325 371-429
22"-96" 148"-204" 265"-325" 371"-429"
Intra-L (C23-C104) 22'-87' 136'-195'
22"'-87'" 136"'-195'"
Inter-H-L (h 5-CL 126) 224-213' 224"-213"
Inter-H-H (h 11, h 14) 230-230" 233-233"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
HCH2 N84.4: 301,301"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires
complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
HCHS K2: 451, 451"

imneskibartum #
imneskibart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL2RA (interleukin 2 receptor subunit alpha; IL-2RA, TAC, p55, CD25)], humanized monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain humanized (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-24*01 (84.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-35.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*01, 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)], (224-220')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (88.1%) -IGKJ4*01 (90.9%) G120>A (106'), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114-220')]; dimer (230-230":233-233")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
anti-interleukin 2 (IL-2), antineoplastic

imneskibart

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL2RA (sous-unité alpha du récepteur de l'interleukine 2; IL-2RA, TAC, p55, CD25)], anticorps monoclonal humanisé;
chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-451) [VH (*Homo sapiens*

IGHV1-24*01 (84.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-35.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*01, 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)), (224-220')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (88.1%) -IGKJ4*01 (90.9%) G120>A (106'), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')]; dimère (230-230'':233-233'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
anti-interleukine 2 (IL-2), antinéoplasique

imneskibart

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL2RA (subunidad alfa del receptor de la interleukina 2; IL-2RA, TAC, p55, CD25)], anticuerpo monoclonal humanizado;
cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-24*01 (84.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-35.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*01, 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)), (224-220')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (88.1%) -IGKJ4*01 (90.9%) G120>A (106'), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')]; dímero (230-230'':233-233'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa
antiinterleuquina 2 (IL-2), antineoplásico

2919583-43-8

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGYSIT DDLIHWVRQA PGQGLEWMGW 50
IDPEDGETNY AQKFQGRVTL TADTSTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARSL 100
DSTWIYFPAY WGGGLTVTS SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAAALGCLV 150
KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ 200
TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSCDKHTC PPCAPEAAG GPSVFLFPPK 250
PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKTI SKAGQPREP 350
QVYTLPPSRD ELTKNQVSLT CLVKGFPYSD IAVEWESNGQ PENNYKTTTP 400
VLDSDGSFFL YSKLTVDKSR WQQGNVFSCS VMHEALHNHY TQKSLSLSPG 450
K 451

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

DIVMTQSPDS LAVSLGERAT INCKSSQSLR RRGNQKNHLA WYQKPGQPP 50
KLLIYDASTG QSGVPDRFSG SGSGTDFTLT ISSLQAEDVA VYYCLQSYIT 100
PPTFGAGTKV EIKRTVAAPS VFIFPPSDEQ LKSGTASVVC LLNNFYPREA 150
KVQWKVDNAL QSGNSQESVT EQDSKSTYS 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) 22-96 148-204 265-325 371-429
22"-96" 148"-204" 265"-325" 371"-429"

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

Inter-H-L (h 5-CL 126) 224-220' 224"-220''

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-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, 301, 301"

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

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

H CHS K2: 451, 451"

imzokitugum #

imzokitug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CCR8 (C-C motif chemokine receptor 8, CKR-L1, CDw198)], humanized monoclonal antibody;
 H-gamma1 heavy chain humanized (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*06 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105))] (1-116) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (213) (117-214), hinge 1-15 (215-229), CH2 (230-339), CH3 E12 (355), M14 (357) (340-444), CHS K2>del (445)) (117-445)], (219-219')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2D-29*01 (90.0%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102'')) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')]; dimer (225-225'':228-228'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene and alpha-(1,6)-fucosyltransferase (FUT8-KO) gene, glycoform alfa *antineoplastic*

imzokitug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CCR8 (récepteur 8 de chimiokine C-C motif, CKR-L1, CDw198)]; anticorps monoclonal humanisé;
 chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*06 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105))] (1-116) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%), G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (213) (117-214), charnière 1-15 (215-229), CH2 (230-339), CH3 E12 (355), M14 (357) (340-444), CHS K2>del (445)) (117-445)], (219-219')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2D-29*01 (90.0%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102'')) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')]; dimère (225-225'':228-228'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, ne présentant pas les gènes de la glutamine synthétase (GS-KO) et de l'alpha-(1,6)-fucosyltransférase (FUT8-KO), glycoforme alfa *antinéoplasique*

imzokitug

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CCR8 (receptor 8 de quimiciona motivo C-C, CKR-L1, CDw198)]; anticuerpo monoclonal humanizado;
 cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*06 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105))] (1-116) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%), G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (213) (117-214), bisagra 1-15 (215-229), CH2 (230-339), CH3 E12 (355), M14 (357) (340-444), CHS K2>del (445)) (117-445)], (219-219')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2D-29*01 (90.0%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102'')) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')]; dímero (225-225'':228-228'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, en ausencia de los genes de la glutamina sintetasa (GS-KO) y de la alfa-(1,6)-fucosiltransferasa (FUT8-KO), forma glicosilada alfa *antineoplásico*

2883771-61-5

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada	
QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT DSEMHWVRQA TQGGLEWMGA	50
IQPETGGTAY NQKFKARVTM TRDTSISTAY MELSSLRSER TAVYYCARRR	100
RNFDYWGQGT LVTSSASTK GPSVFPLAPS SKSTSGGTAA LGCLVKDYFP	150
EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP AVLQSSGLYS LSSVVTVPSS SLGTQTYICN	200
VNHKPSNTKV DKRVEPKSCD KTHTCPPCPA PELLGGPSVF LFPPPKDPTL	250
MISRTPEVTC VVVDVSHEDP EVKFNWYVDG VEVHNAKTKP REEQYNSTYR	300
VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC KVSNAKLPAP IEKTISKAKG QPREPQVYTL	350
PPSREEMTKN QVSLTCLVKG FYPDSIAVEW ESNGQPENNY KTTTPVLDSD	400
GSFFLYSKLT VDKSRWQQGN VFSCSVMHFA LHNHYTQKSL SLSPG	445
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera	
DIVMTQTPLS LSVTPGQPAS ISCRSSQSFL HSSGNTYLHW YLQKPGQPPQ	50
LLIYKVSNRF SGVPDRFSGS GSGTDFTLKI SRVEAEDVGV YYCSQSTHVP	100
FTFGQGTKLE IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVCL LNNFYPREAK	150
VQWKVDNALQ SGNSQESVTE QDSKDSYSTL SSTLTLSKAD YEKKHYVACE	200
VTHQGLSSPV TKSFNRGEC	219

Post-translational modifications	
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro	
Intra-H (C23-C104)	22-96 143-199 260-320 366-424
	22"-96" 143"-199" 260"-320" 366"-424"
Intra-L (C23-C104)	23'-93' 139'-199'
	23'"-93'" 139'"-199'"
Inter-H-L (h 5-CL 126)	219-219' 219"-219"
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"
Afucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes afucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos afucosilados

indemakitugum #
indemakitug

immunoglobulin G1-lambda1, anti-[*Homo sapiens* IFNG (interferon gamma, IFN gamma)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-21*01 (72.4%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124) -*Homo sapiens* IGHG1*03v (100%) 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) (348-452), CHS K2>del (453)) (125-453)], (227-216')-disulfide with L-lambda1 light chain *Homo sapiens* (1'-217') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV6-57*03 (79.6%) -IGLJ2*01 (91.7%), CDR-IMGT [8.3.10] (26'-33'.51'-53'.92'-101')) (1'-111') -*Homo sapiens* IGLC1*02 (100%) (C-LAMBDA1) (112'-217')]; dimer (233-233":236-236")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1 lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, glycoform alfa
anti-interferon gamma (IFN γ), anti-inflammatory

indémakitug

immunoglobuline G1-lambda1, anti-[*Homo sapiens* IFNG (interféron gamma, IFN gamma)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;
chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-21*01 (72.4%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124) -*Homo sapiens* IGHG1*03v (100%) 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) (348-452), CHS K2>del (453)) (125-453)], (227-216')-disulfure avec

la chaîne légère L-lambda1 *Homo sapiens* (1'-1'-217') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV6-57*03 (79.6%) -IGLJ2*01 (91.7%), CDR-IMGT [8.3.10] (26'-33'.51'-53'.92'-101')) (1'-111') -*Homo sapiens* IGLC1*02 (100%) (C-LAMBDA1) (112'-217')]; dimère (233-233":236-236")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1 ne présentant pas le gène de la glutamine synthétase (GS-KO), glycoforme alfa
anti-interféron gamma (IFN γ), anti-inflammatoire

indemakitug
immunoglobulina G1-lambda1, anti-[*Homo sapiens* IFNG (interferón gamma, IFN gamma)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*;
cadena pesada H-gamma1 *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-21*01 (72.4%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124) -*Homo sapiens* IGHG1*03v (100%) 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) (348-452), CHS K2>del (453)) (125-453)], (227-216')-disulfuro con la cadena ligera L-lambda1 *Homo sapiens* (1'-1'-217') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV6-57*03 (79.6%) -IGLJ2*01 (91.7%), CDR-IMGT [8.3.10] (26'-33'.51'-53'.92'-101')) (1'-111') -*Homo sapiens* IGLC1*02 (100%) (C-LAMBDA1) (112'-217')]; dímero (233-233":236-236")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1 en ausencia del gen de la glutamina sintetasa (GS-KO), forma glicosilada alfa
antiinterferón gamma (IFN γ), antiinflamatorio

2856372-57-9

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada	
EVQLVESGGG LVKPGDSLTV SCVASGFTFS NYFIHWVRQA PGKGLEWVAT	50
ISGRTKYMFY SDSLRGRFTV SRDNAQNSVY LHMSLRGED TALYYCVRGY	100
DHSDNSAAD LLHWGRGTLV TVSSASTKGP SVFPLAPSSK STSGGTAALG	150
CLVKDYFPEP VTVSWNSGAL TSGVHTFPFV LQSSGLYSLS SVVTVPSSSL	200
GTQTYICNVN HKFSNTKVVDK KVEPKSCDKT HTCPPCPAPE LLGGPSVFLF	250
PPKPKDTLMI SRTPEVTCVV VDVSHEDPEV KFNWYVDGVE VHNAKTKPRE	300
EQYNSTRYVV SVLTVLHQDW LNGKEYKCKV SNKALPAPIE KTISKAKGP	350
REPQVYTLPP SREEMTKNQV SLTCLVKGFY PSDIAVEWES NGQPENNYKT	400
TPPVLDSDGS FFLYSKLTVD KSRWQQGNVF SCSVMHEALH NHYTQKLSLS	450
SPG	453

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera	
NFMLTQPLSV SGYPGKTIVI SCVRSSGSVA SHYVQWFQQR PGSAPAMVIY	50
EDSHRPSGIP DRFSGSVDAS SNSASLTISG LKTEDEADYF CQSYYGNNQV	100
LFGGGKTLTV LGQPKANPTV TLFPPSSEEL QANKATLVCL ISDFYPGAVT	150
VANKADGSFV KAGVETTKPS QSNKNKYAAS SYLSLTPEQW KSHRSYSCQV	200
THEGSTVEKT VAPTECS	217

Post-translational modifications	
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro	
Intra-H (C23-C104)	22-96 151-207 268-328 374-432
	22"-96" 151"-207" 268"-328" 374"-432"
Intra-L (C23-C104)	22'-91' 139'-198'
	22'''-91''' 139'''-198'''
Inter-H-L (h 5-CL 126)	227-216' 227"-216"
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

ingitamigum #

ingitamig

immunoglobulin (G1_L-kappa)_(G1-scFvkh_L-kappa), anti-[*Homo sapiens* TNFRSF17 (tumor necrosis factor (TNF) receptor superfamily member 17, B cell maturation antigen, BCMA, TNFRSF13A, CD269)], anti-[*Homo sapiens* KLRK1 (killer cell lectin like receptor K1, NKG2D, KLR, NKG2-D, CD314)], *Homo sapiens* monoclonal antibody, bispecific;

H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens*, anti-TNFRSF17 (1-445) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*01 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116) -*Homo sapiens*IGHG1*01 G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v75 CH3 C5, G1v90 CH3 E16, W88 (CH1 K120 (213) (117-214), hinge 1-15 (215-229), CH2 (230-339), CH3 Y5>C (348), D12 (355), L14 (357), K16>E (359), K88>W (408) (340-444), CHS K2>del (445)) (117-445)], (219-216')-disulfide with common L-kappa light chain anti-TNFRSF17 *Homo sapiens* (1'-216') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3-20*01 (90.6%) -IGKJ1*01 (91.7%), CDR-IMGT [7.3.10] (27'-33'.51'-53'.90'-99')) (1'-109') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (155'), V101 (193')) (110'-216')];

H-gamma1 heavy chain anti-TNFRSF17 fused to a scFv anti-KLRK1 (1"-702") [H-gamma1 heavy chain anti-TNFRSF17 *Homo sapiens* (1"-445") [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*01 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.9] (26"-33".51"-58".97"-105")) (1"-116") -*Homo sapiens*IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v74 CH3 C10, G1v91 CH3 R3, V84.2, T85.1 (CH1 K120 (213") (117"-214"), hinge 1-15 (215"-229"), CH2 (230"-339"), CH3 Q3>R (346"), S10>C (353"), D12 (355"), L14 (357"), D84.2>V (398"), F85.1>T (404") (340"-444"), CHS K2-del (445")) (117"-445"))] -8-mer (seryl-glycyl-seryl-tetraglycyl-seryl) linker (446"-453") -scFvkh anti-KLRK1 *Homo sapiens* (454"-702") [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-12*01 (97.9%) -IGKJ1*01 (90.9%) Q120>C (553"), CDR-IMGT [6.3.9] (480"-485".503"-505".542"-550")) (454"-560") -20-mer tetrakis(tetraglycyl-seryl) linker (561"-580") -VH (*Homo sapiens*IGHV3-21*01 (99.0%) -IGHD -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (606"-613".631"-638".677"-691")) (581"-702"))]; (219"-216")-disulfide with common L-kappa light chain anti-TNFRSF17 *Homo sapiens* (1'"-216'"") [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3-20*01 (90.6%) -IGKJ1*01 (91.7%), CDR-IMGT [7.3.10] (27'"-33'"'.51'"-53'"'.90'"-99'"") (1'"-109'"") -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (155'"", V101 (193'"") (110'"-216'""))];

dimer (225-225":228-228":348-353")-trisdisulfide, produced in a cell line from Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, glycoform alfa

immunostimulant, antineoplastic

ingitamig

immunoglobuline (G1_L-kappa)_(G1_scFvkh_L-kappa), anti-[*Homo sapiens* TNFRSF17 (membre 17 de la superfamille des récepteurs du facteur de nécrose tumorale (TNF), antigène de maturation de cellule B, BCMA, TNFRSF13A, CD269)] et anti-[*Homo sapiens* KLRK1 (récepteur lectine like K1 de cellule tueuse, NKG2D, KLR, NKG2-D, CD314)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*, bispécifique;

chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens*, anti-TNFRSF17 (1-445) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*01 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116) -*Homo sapiens*IGHG1*01 G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v75 CH3 C5, G1v90 CH3 E16, W88 (CH1 K120 (213) (117-214), charnière 1-15 (215-229), CH2 (230-339), CH3 Y5>C (348), D12 (355), L14 (357), K16>E (359), K88>W (408) (340-444), CHS K2>del (445)) (117-445)], (219-216')-disulfure avec la chaîne légère commune L-kappa anti-TNFRSF17 *Homo sapiens* (1'-216') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3-20*01 (90.6%) -IGKJ1*01 (91.7%), CDR-IMGT [7.3.10] (27'-33'.51'-53'.90'-99')) (1'-109') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (155'), V101 (193')) (110'-216')];

chaîne lourde H-gamma1 anti-TNFRSF17 fusionnée à un scFv anti-KLRK1 (1"-702") [chaîne lourde H-gamma1 anti-TNFRSF17 *Homo sapiens* (1"-445") [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.9] (26"-33".51"-58".97"-105")) (1"-116")-*Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v74 CH3 C10, G1v91 CH3 R3, V84.2, T85.1 (CH1 K120 (213")) (117"-214"), charnière 1-15 (215"-229"), CH2 (230"-339"), CH3 Q3>R (346"), S10>C (353"), D12 (355"), L14 (357"), D84.2>V (398"), F85.1>T (404") (340"-444"), CHS K2>del (445")) (117"-445")]-8-mer (séryl-glycyl-séryl-tétraglycyl-séryl) linker (446"-453") -scFvkh anti-KLRK1 *Homo sapiens* (454"-702") [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (97.9%) -IGKJ1*01 (90.9%) Q120>C (553"), CDR-IMGT [6.3.9] (480"-485".503"-505".542"-550")) (454"-560") -20-mer tétrakis(tétraglycyl-séryl) linker (561"-580") -VH (*Homo sapiens* IGHV3-21*01 (99.0%) -IGHD -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (606"-613".631"-638".677"-691")) (581"-702"))]; (219"-216")-disulfure avec la chaîne légère commune L-kappa anti-TNFRSF17 *Homo sapiens* (1"-216") [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (90.6%) -IGKJ1*01 (91.7%), CDR-IMGT [7.3.10] (27"-33".51"-53".90"-99")) (1"-109")-*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (155"), V101 (193")) (110"-216"))]; dimère (225-225":228-228":348-353")-trisdisulfure, produit dans une lignée cellulaire des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
immunostimulant, antinéoplastique

ingitamig immunoglobulina (G1_L-kappa)_(G1_scFvkh_L-kappa), anti-[*Homo sapiens* TNFRSF17 (miembro 17 de la superfamilia de los receptores del factor de necrosis tumoral (TNF), antígeno de maduración de las células B, BCMA, TNFRSF13A, CD269)] y anti-[*Homo sapiens* KLRK1 (receptor lectina like K1 de células asesinas, NKG2D, KLR, NKG2-D, CD314)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*, biespecífico;
cadena pesada H-gamma1 *Homo sapiens*, anti-TNFRSF17 (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116) -*Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v75 CH3 C5, G1v90 CH3 E16, W88 (CH1 K120 (213) (117-214), bisagra 1-15 (215-229), CH2 (230-339), CH3 Y5>C (348), D12 (355), L14 (357), K16>E (359), K88>W (408) (340-444), CHS K2>del (445)) (117-445)], (219-216')-disulfuro con la cadena ligera común L-kappa anti-TNFRSF17 *Homo sapiens* (1'-216') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (90.6%) -IGKJ1*01 (91.7%), CDR-IMGT [7.3.10] (27'-33'.51'-53'.90'-99')) (1'-109') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (155'), V101 (193')) (110'-216')];
cadena pesada H-gamma1 anti-TNFRSF17 fusionada con un scFv anti-KLRK1 (1"-702") [cadena pesada H-gamma1 anti-TNFRSF17 *Homo sapiens* (1"-445") [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.9] (26"-33".51"-58".97"-105")) (1"-116")-*Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v74 CH3 C10, G1v91 CH3 R3, V84.2, T85.1 (CH1 K120 (213")) (117"-214"), bisagra 1-15 (215"-229"), CH2 (230"-339"), CH3 Q3>R (346"), S10>C (353"), D12 (355"), L14 (357"), D84.2>V (398"), F85.1>T (404") (340"-444"), CHS K2>del (445")) (117"-445")]-8-mer (seril-glicil-seril-tétraglicil-seril) enlace (446"-453") -scFvkh anti-KLRK1 *Homo sapiens* (454"-702") [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (97.9%) -IGKJ1*01 (90.9%) Q120>C (553"), CDR-IMGT [6.3.9] (480"-485".503"-505".542"-550")) (454"-560") -20-mer tetrakis(tétraglicil-seril) enlace (561"-580") -VH (*Homo sapiens* IGHV3-21*01 (99.0%) -IGHD -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (606"-613".631"-638".677"-691")) (581"-702"))]; (219"-216")-disulfuro con la cadena ligera común L-kappa anti-TNFRSF17 *Homo sapiens* (1"-216") [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (90.6%) -IGKJ1*01 (91.7%), CDR-IMGT [7.3.10] (27"-33".51"-53".90"-99")) (1"-109")-*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (155"), V101 (193")) (110"-216"))]; dímero (225-225":228-228":348-353")-trisdisulfuro, producido en una línea celular de las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, forma glicosilada alfa
inmunostimulante, antineoplásico

2839572-09-5

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: H-gamma1 anti-TNFRSF17 (H)
EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS DNAMGWVRQA PGKGLEWVSA 50
ISGPGSSTYY ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCAKVL 100
GWFDYWGQGT LVTVSSASTK GPSVFPLAPS SKSTSGGTAA LGCLVKDYFP 150
EPVTYVSNNG ALTSGVHTFP AVLQSSGLYS LSSVVTVPSS SLGTQTYICN 200
VNHKPSNTKV DKKVEPKSCD KHTTCCPPCPA PELLGGPSVF LFPPKPKDTL 250
MISRTPEVTC VVVDVSHEDP EVKFNWYVDG VEVHNAKTKP REEQYNSTYR 300
VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC KVSNKALPAP IEKTISKAKG QPREPQVCTL 350
PPSRDELTEN QVSLTCLVKG FYPSDIAVEW ESNQGPFENNY KTTTPVLVDS 400
GSFFLYSWLT VDKSRWQQGN VFSCSMHEA LHNHYTQKSL SLSPG 445

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: fused H-gamma1 anti-TNFRSF17-scFvkh anti-KLRK1 (H*)
EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS DNAMGWVRQA PGKGLEWVSA 50
ISGPGSSTYY ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCAKVL 100
GWFDYWGQGT LVTVSSASTK GPSVFPLAPS SKSTSGGTAA LGCLVKDYFP 150
EPVTYVSNNG ALTSGVHTFP AVLQSSGLYS LSSVVTVPSS SLGTQTYICN 200
VNHKPSNTKV DKKVEPKSCD KHTTCCPPCPA PELLGGPSVF LFPPKPKDTL 250
MISRTPEVTC VVVDVSHEDP EVKFNWYVDG VEVHNAKTKP REEQYNSTYR 300
VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC KVSNKALPAP IEKTISKAKG QPREPRVYTL 350
PPCRDELTKN QVSLTCLVKG FYPSDIAVEW ESNQGPFENNY KTTTPVLVSD 400
GSFTLYSKLT VDKSRWQQGN VFSCSMHEA LHNHYTQKSL SLSPGSGSGG 450
GGSDIQMTQS PSSVSASVGD RVTITCRASQ GISSWLAWYQ QKPGKAPKLL 500
IYAASSLQSG VPSRFSGSGS GTDFTLTISS LQPEDFATYY CQGVSFERT 550
FGCGTKVEIK GGGSGGGGS GGGSGGGGS EVQLVESGGG LVKPGGSLRL 600
SCAASGFTFS SYSMNWVRQA PGKCLEWVSS ISSSSSYIYY ADSVKGRFTI 650
SRDNAKNSLY LQMNSLRAED TAVYYCARGA PMGAAAGWFD PWGQGTLTVT 700
SS 702

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: L-kappa common (L', L'')
EIVLTQSPGT LSLSPGERAT LSCRASQSVS DEYLSWYQQK PGQAPRLLIH 50
SASTRATGIP DRFSGSGSGT DFTLAISRLE PEDFAVYYCQ QYGYPPDFTF 100
QGQTKVEIKR TAAAPSVFIF PPSDEQLKSG TASVVCLLNN FYPREAKVQW 150
KVDNALQSGN SQESVTEQDS KDSYLSST LTLSKADYEK HKVYACEVTH 200
QGLSPFVTKS FNRGEC 216

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"
476"-541" 602"-676"
Intra-H scFv C120 (VL)-C49 (VH)* 553"-624"
Intra-L (C23-C104) 23'-89' 136'-196'
23'''-89''' 136'''-196'''
Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 219-216' 219"-216"
Inter-H-H (h 8, h 11) 225-225" 228-228"
Inter-H-H (CH3 C5-C10)** 348-353"
*engineered additional disulfide bond C120 (VL)-C49 (VH) to stabilize the scFv (variant scFv-v2).
**variants G1v75 (CH3 C5) and G1v74 (CH3 C10) creating an additional inter-H-H disulfide bond.

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

intismeranum autogenum #
intismeran autogene

messenger RNA (mRNA), 5'-capped, encoding a codon-optimized patient specific concatemer of up to 34 neoantigens designed specifically to each individual patient's tumor mutanome and human leukocyte antigen (HLA) type, further optimized by two additional stop codons, flanked by an artificial 5' untranslated region (UTR) and a 3' UTR derived from the human hemoglobin subunit alpha (HBA1) gene and terminated by a 3' polyadenylation (polyA) tail; contains N¹-methylpseudouridine instead of uridine (*all-U>m1Ψ*)
immunological agent for active immunization (antineoplastic)

intisméran autogène

ARN messenger (ARNm), protégé d'une coiffe en 5', codant, aux codons optimisés, un concatémère comprenant jusqu'à 34 néoantigènes spécifique pour le patient, conçus spécifiquement pour le mutanome tumoral de chaque patient individuel et le type d'antigène leucocytaire humain (HLA), et encore optimisé par deux codons stop supplémentaires, flanqué d'une région artificielle non traduite (UTR) en 5', et en 3' une UTR dérivée du gène de la sous-unité alpha de l'hémoglobine humaine (HBA1), et terminée par une queue de polyadénylation (polyA) en 3'; contient de la *N*¹-méthylpseudouridine au lieu de l'uridine (*tout U>mψ*)
agent immunologique d'immunisation active
(antinéoplasique)

intismerán autogén

ARN mensajero (ARNm), protegido en 5', que codifica, con codones optimizados, para un concatámero de hasta 34 neoantígenos específicos de paciente diseñado específicamente para el mutanoma del tumor y el tipo de antígeno leucocitario humano (HLA) de cada paciente individual. El constructo se optimiza añadiendo dos codones de terminación adicionales y está flanqueado por una región no traducida (UTR) 5' artificial y una UTR 3' derivada de la subunidad alfa del gen de la hemoglobina humana (HBA1) y terminado por una cola poliadenilación (poliA) en 3'; contiene *N*¹-metilpseudouridina en lugar de uridina (*todo-U>m¹ψ*)
agente inmunológico para inmunización activa
(antineoplásico)

2931460-85-2

ismidenonum

ismidenon

1',3'-dihydro-2*H*-spiro[imidazo[1,2-*a*]pyridine-3,2'-inden]-2-one
voltage-dependent T-type calcium channel modulator

ismidénon

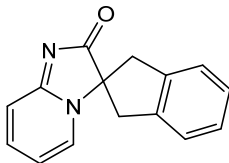
1',3'-dihydro-2*H*-spiro[imidazo[1,2-*a*]pyridine-3,2'-indén]-2-one
modulateur du canal calcique de type T dépendant du voltage

ismidenón

1',3'-dihidro-2*H*-espiro[imidazo[1,2-*a*]piridina-3,2'-inden]-2-ona
modulador del canal de calcio de tipo T dependiente de voltaje

C₁₅H₁₂N₂O

887603-94-3



isomiosaminum

isomiosamine

rac-(3*R*)-3-(3,4-dihydro-2*H*-pyrrol-2-yl)pyridine
tumor necrosis factor alpha (TNFα) inhibitor

isomiosamine

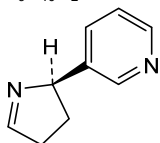
rac-(3*R*)-3-(3,4-dihydro-2*H*-pyrrol-2-yl)pyridine
inhibiteur du facteur de nécrose tumorale alpha (TNFα)

isomiosamina

rac-(3*R*)-3-(3,4-dihidro-2*H*-pirrol-2-il)piridina
inhibidor del factor de necrosis tumoral alfa (TNFα)

C₉H₁₀N₂

53844-46-5



and enantiomer
 et énantiomère
 y enantiómero

istisociclibum

istisociclib

(1*S*,3*S*)-*N*¹-[5-(pentan-3-yl)pyrazolo[1,5-*a*]pyrimidin-7-yl]cyclopentane-1,3-diamine
cyclin-dependent kinase (CDK) inhibitor, antineoplastic

istisociclib

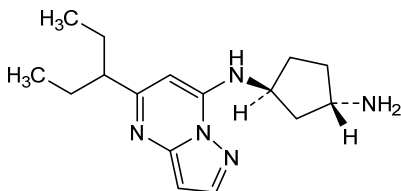
(1*S*,3*S*)-*N*¹-[5-(pentan-3-yl)pyrazolo[1,5-*a*]pyrimidin-7-yl]cyclopentane-1,3-diamine
inhibiteur de la kinase cycline-dépendante (CDK), antinéoplasique

istisociclib

(1*S*,3*S*)-*N*¹-[5-(pentan-3-il)pirazolo[1,5-*a*]pirimidin-7-il]ciclopentano-1,3-diamina
inhibidor de la kinasa dependiente de ciclinas (CDK), antineoplásico

C₁₆H₂₅N₅

2416873-83-9

**itanistomigum #**

itanistomig

immunoglobulin (VH-G1CH1-h)-H-gamma1_L-kappa-L-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD274 (programmed cell death 1 ligand 1, PDL1, PD-L1, B7 homolog 1, B7H1, B7-H1, PDCD1LG1)] and anti-[*Homo sapiens* CD47 (CD47 molecule, integrin associated protein, IAP, MER6, OA3)], *Homo sapiens* and humanized monoclonal antibody, bispecific, tetravalent;
 fused heavy chain (VH anti-CD274 -G1CH1-h)-H-gamma1 anti-CD47 (1-683) [(VH-G1CH1-h) chain anti-CD274, *Homo sapiens* (1-226) [(VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*01 (93.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (93.8%), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112))] (1-123) -*Homo sapiens* IGHG1*01 CH1-h, G1m17.1CH1 K120 (CH1 K120 (220) (124-221), hinge 1-5 (222-226) (124-226))] -11-mer (GPPELL-trisglycyl-seryl) linker (227-237) -H-gamma1 anti-CD47, humanized

	(238-683) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV5-51*01 (89.8%) -IGHD -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.9] (263-270.288-295.334-342)) (238-353)-<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01 (100%), G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (450) (354-451), hinge 1-15 (452-466), CH2 (467-576), CH3 D12 (592), L14 (594) (577-681), CHS (682-683)) (354-683)]], dimer (226-213':456-443')-bisdisulfide with fused light chain L-kappa anti-CD274-L-kappa anti-CD47 (1'-443') [L-kappa anti-CD274, <i>Homo sapiens</i> (1'-213') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV3-11*01 (100%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.8] (27'-32'.50'-52'.89'-96')) (1'-106') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213')] -11-mer (GPAPLGL-trisglycyl-seryl) linker (214'-224') -L-kappa anti-CD47, humanized (225'-443') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV2-28*01 (92.0%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (251'-261'.279'-281'.318'-326')) (225'-336') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (382'), V101 (420')) (337'-443')]]; dimer (462-462":465-465")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa immunostimulant, antineoplastic
itanistomig	immunoglobuline (VH-G1CH1-h)-H-gamma1_L-kappa-L-kappa, 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> CD47 (CD47 molécule, protéine associée à l'intégrine, IAP, MER6, OA3)], anticorps monoclonal <i>Homo sapiens</i> et humanisé, bispécifique, tétravalent; chaîne lourde fusionnée (VH anti-CD274 -G1CH1-h)-H-gamma1 anti-CD47 (1-683) [chaîne (VH-G1CH1-h) anti-CD274, <i>Homo sapiens</i> (1-226) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-69*01 (93.9%) -IGHD) -IGHJ6*01 (93.8%), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112)) (1-123)-<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01 CH1-h, G1m17,1CH1 K120 (CH1 K120 (220) (124-221), charnière 1-5 (222-226)) (124-226))] -11-mer (GPAPELL-trisglycyl-séryl) linker (227-237) -H-gamma1 anti-CD47, humanisée (238-683) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV5-51*01 (89.8%) -IGHD -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.9] (263-270.288-295.334-342)) (238-353)-<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01 (100%), G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (450) (354-451), charnière 1-15 (452-466), CH2 (467-576), CH3 D12 (592), L14 (594) (577-681), CHS (682-683)) (354-683)]], dimère (226-213':456-443')-bisdisulfure avec la chaîne légère fusionnée L-kappa anti-CD274-L-kappa anti-CD47 (1'-443') [chaîne L-kappa anti-CD274, <i>Homo sapiens</i> (1'-213') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV3-11*01 (100%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.8] (27'-32'.50'-52'.89'-96')) (1'-106') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213')] -11-mer (GPAPLGL-trisglycyl-séryl) linker (214'-224') -L-kappa anti-CD47, humanisée (225'-443') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV2-28*01 (92.0%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (251'-261'.279'-281'.318'-326')) (225'-336') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (382'), V101 (420')) (337'-443')]]; dimère (462-462":465-465")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa immunostimulant, antinéoplastique
itanistomig	inmunoglobulina (VH-G1CH1-h)-H-gamma1_L-kappa-L-kappa, 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> CD47 (CD47 molécula, proteína asociada a la integrina, IAP, MER6, OA3)], anticuerpo monoclonal <i>Homo sapiens</i> y humanizada, biespecífica, tetravalente; cadena pesada fusionada (VH anti-CD274 -G1CH1-h)-H-gamma1 anti-CD47 (1-683) [cadena (VH-G1CH1-h) anti-CD274, <i>Homo sapiens</i> (1-226) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-69*01 (93.9%) -IGHD) -IGHJ6*01 (93.8%), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112)) (1-123)-<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01 CH1-h, G1m17,1CH1 K120 (CH1 K120 (220) (124-221), bisagra 1-5 (222-226)) (124-226))] -11-mer (GPAPELL-trisglicil-seril) linker

(227-237) -H-gamma1 anti-CD47, humanizada (238-683) [VH (*Homo sapiens* IGHV5-51*01 (89.8%) -IGHD -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.9] (263-270.288-295.334-342)) (238-353)-*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%), G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (450) (354-451), bisagra 1-15 (452-466), CH2 (467-576), CH3 D12 (592), L14 (594) (577-681), CHS (682-683)) (354-683)], dímero (226-213':456-443')-bisdisulfuro con la cadena ligera fusionada L-kappa anti-CD274-L-kappa anti-CD47(1'-443') [cadena L-kappa anti-CD274, *Homo sapiens* (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-11*01 (100%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.8] (27'-32'.50'-52'.89'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213')] -11-mer (GPAPLGL-trisglicil-seril) linker (214'-224') -L-kappa anti-CD47, humanizada (225'-443') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-28*01 (92.0%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (251'-261'.279'-281'.318'-326')) (225'-336') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (382'), V101 (420')) (337'-443')]; dímero (462-462":465-465")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa *inmunoestimulante, antineoplásico*

2923687-56-1

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: VH anti-CD274-G1(CH1-h)-H-gamma1 anti-CD47 (H, H")

QVQLVQSGAE	VKKPGSSVKV	SKTSGDTFS	TYAISWVRQA	PGQGLEWMGG	50
IIPFVGKAHY	AQKQGRVTI	TADESTSTAY	MELSSLRSED	TAVYFCARKF	100
HFVSGSPFGM	DVWGQGTIVT	VSSASTKGPS	VFPLAPSSKS	TSGGTAALGC	150
LVKDYFPEPV	TVSNWSGALT	SGVHTFPAVL	QSSGLYSLSS	VVTVPSSSLG	200
TQTYICNVNH	KPSNTRVKDK	VEPKSCGPAP	ELLGGGSQVQ	LVQSGAEVKK	250
PGESLKISCK	SGSYTFNTNY	IFWVRQMPGK	GLEWMGIINP	VDGDTNYPNS	300
FQGQVITISAD	KSISTAYLQW	SSLKASDAMT	YYCARGGYTM	DRWQGQTLVT	350
VSSASTKGPS	VFPLAPSSKS	TSGGTAALGC	LVKDYFPEPV	TVSNWSGALT	400
SGVHTFPAVL	QSSGLYSLSS	VVTVPSSSLG	TQTYICNVNH	KPSNTRVKDK	450
VEPKSCDKTH	TCPPCPAPEL	LGGPSVFLFP	FKPKDTLMIS	RTPEVTCVVV	500
DVSHEDPEVK	FWWYVDGVEV	HNAKTKPREE	QYNSTYRVVS	VLTVLHQDWL	550
NGREYKCKVS	NKALPAPIEK	TISKAKGQPR	EPQVYTLPPS	RDELTKNQVS	600
LTCLVKGFYP	SDIAVEWESN	GQFENNYKTT	PPVLDSDGSF	FLYSKLTVDK	650
SRWQQGNVFS	CSVMHEALHN	HYTQKSLSL	PGK		683

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: L-kappa anti-CD274-L-kappa anti-CD47 (L', L")

EIVLTQSPAT	LSLSPGERAT	LSCRASQSVS	SYLAWYQQKQ	GQAPRLLIYD	50
ASNRTATGIPA	RFSGSGSGTD	FTLTISSELP	EDFAVYVYCCQ	RSNWPTFGQG	100
TKVEIKRTVA	APSVFIFPPS	DEQLKSGTAS	VVCLLNNFYF	REAKVQWKVD	150
NALQSGNSQE	SVTEQDSKDS	TYSLSTLTTL	SKADYEKKHV	YACEVTHQGL	200
SSPVTKSFNR	GECGPAPLGL	GGGSDIVMTQ	SPLSLPVTGP	EPASISCRSS	250
QSLHLSNGYN	YLHWYLVKPG	QSPQLLIYKV	SNRFSGVFDR	FSGSGSGTDF	300
TLKISRVEAE	DVGVIYCFQN	THTPRTFGGG	TKVEIKRTVA	APSVFIFPPS	350
DEQLKSGTAS	VVCLLNNFYF	REAKVQWKVD	NALQSGNSQE	SVTEQDSKDS	400
TYSLSTLTTL	SKADYEKKHV	YACEVTHQGL	SSPVTKSFNR	GEC	443

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104)	22-96"	150-206"	259-333"	380-436"
	22"-96"	150"-206"	259"-333"	380"-436"
	497-557	603-661		
	497"-557"	603"-661"		
Intra-L (C23-C104)	23'-88'	133'-193'	247'-317'	363'-423'
	23"-88"	133"-193"	247"-317"	363"-423"
Inter-H-L (CH1 10-CL 126)	226-213'	456-443'		
	226"-213"	456"-443"		
Inter-H-H (h 8, h 11)	462-462"	465-465"		

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

glutaminilo N-terminal

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

(pE, 5-oxoprolilo)

H VH Q1: 1, 1"

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

H CH2 N84.4: 533, 533"

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

H CHS K2: 683, 683"

larnefpendekinum alfa #

larnefpendekin alfa

human interleukin-15 (IL-15) fused via a peptide linker to human immunoglobulin G1 constant heavy chain, disulfide-bridged to human immunoglobulin kappa constant light chain fused via a peptide linker to human interleukin-15 receptor subunit alpha (IL-15R-alpha, IL-15RA, CD215); human interleukin-15 (IL-15) (1-114, 2-115 in the current sequence, D¹>added, variant (N⁷²>D⁷³) fused via peptide linker ¹¹⁶AGGKPGGSAGG¹²⁶ to gamma 1 heavy chain (127-454) [*Homo sapiens*IGHG1*08 (CH1 (127-224), hinge (225-239), CH2 L²⁴³>A, L²⁴⁴>A (240-349), CH3 (350-454), CHS G⁴⁵⁵>del, K⁴⁵⁶>del)], (229-216')-disulfide with kappa light chain (110'-216') [*Homo sapiens*IGKC*01] fused via peptide linker ¹⁰⁴GAEGGG¹⁰⁹ to human interleukin-15 receptor subunit alpha (IL-15R-alpha, IL-15RA, CD215) (1'-103', variant I¹>D), dimer (235-235":238-238")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-S, glycoform alfa
immunostimulant, antineoplastic

larnefpendékine alfa

interleukine-15 (IL-15) humaine, fusionnée à l'aide d'un coupleur peptidique, à la chaîne lourde constante de l'immunoglobuline G1 humaine, et par un pont disulfure à la chaîne légère constante de l'immunoglobuline kappa humaine, fusionnée par un coupleur peptidique à la sous-unité alpha du récepteur de l'interleukine-15 humaine (IL-15R-alpha, IL-15RA, CD215); interleukine-15 (IL-15) humaine (1-114,2-115 dans la séquence en cours, addition D1>, variant (N⁷²>D⁷³), fusionnée avec le coupleur peptidique ¹¹⁶AGGKPGGSAGG¹²⁶ à la chaîne lourde de l'immunoglobine G1 (127-454) [*Homo sapiens*IGHG1*08 (CH1 (127-224), charnière (225-239), CH2 L²⁴³>A, L²⁴⁴>A (240-349), CH3 (350-454), CHS G⁴⁵⁵>dél, K⁴⁵⁶>dél)], (229-213')-disulfure avec la chaîne légère kappa (110'-216') [*Homo sapiens*IGKC*01] fusionnée à l'aide du coupleur peptidique ¹⁰⁴GAEGGG¹⁰⁹ à la sous-unité alpha du récepteur de l'interleukine-15 humaine (IL-15R-alpha, IL15RA, CD215) (1'-103', variante I¹>D), dimère (235-235":238-238")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-S, glycoforme alfa
immunostimulant, antinéoplasique

larnefpendekina alfa

interleukina-15 humana (IL-15) fusionada a través de un enlace peptídico a la cadena pesada constante de la inmunoglobulina G1 humana y a través de un puente disulfuro a la cadena ligera constante de la inmunoglobulina kappa humana, fusionada a través de un enlace peptídico a la subunidad alfa del receptor de la interleukina-15 humana (IL-15R-alpha IL-15RA, CD215); interleukina-15 humana (IL-15) (1-114, 2-115 en la secuencia actual, D¹>añadida, variante (N⁷²>D⁷³) fusionada a través de enlace peptídico ¹¹⁶AGGKPGGSAGG¹²⁶ a la cadena pesada gamma 1 (127-454) [*Homo sapiens*IGHG1*08 (CH1 (127-224), bisagra (225-239), CH2 L²⁴³>A, L²⁴⁴>A (240-349), CH3 (350-454), CHS G⁴⁵⁵>del, K⁴⁵⁶>del)], (229-216')-disulfuro con cadena ligera kappa (110'-216') [*Homo sapiens*IGKC*01] fusionada a través de enlace peptídico ¹⁰⁴GAEGGG¹⁰⁹ a la subunidad alfa del receptor de la interleukina-15 humana (IL-15R-alfa IL-15RA, CD215) (1'-103', variante I¹>D), dímero (235-235":238-238")-bisdisulfuro, producido en células ováricas de hámster Chino (CHO)-S, glicoforma alfa
inmunostimulante, antineoplásico

2877653-03-5

Sequence / Séquence / Secuencia
IL-15-IgG1 heavy chain
DNWVNVISDL KKIEDLIQSM HIDATLYTES DVHPSCKVTA MKCFLLELQV 50
ISLESGDASI HDTVENLIIL ANDSLSSNGN VTESGCKECE ELEEKNIKEF 100
LQSFVHIVQM FINTSAGGKP GGSAGGASTK GPSVFPLAPS SKSTSGGTAA 150
LGCLVKDYFP EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP AVLQSSGLYS LSSVVTVPSS 200
SLGTQTYICN VNHKPSNTKV DKRVEPKSCD KTHTCPPCPA PEAAGGPSVF 250
LFPPKPKDTL MISRTPEVTC VVVDVSHEDP EVKFNWYVDG VEVHNAKTKP 300
REEQYNSTYR VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC KVSNAKALPAP IEKTISKAKG 350
QPREPQVYTL PPSRDELTKN QVSLTCLVKG FYPSDIAVEW ESNQGQPENNY 400
KTPPVLDSG GSFFLYSKLT VDKSRWQQGN VFSCSVMHEA LHNHYTQKSL 450
SLSP 454

IL-15 receptor- IgG1 light chain
DTCPPPMSVE HADIWVKSY LYSRERYICN SGFKRKAGTS SLTECVLNKA 50
TNVAHWTTFS LKCIKDPALV HQRPAFPSTV TAGVTTPQPE SLSPSGKEPA 100
ASSGAEGGGGR TVAAPSVFIF PPSDEQLKSG TASVCLLNN FYPREAKVQW 150
KVDNALQSGN SQESVTEQDS KDSTYLSLST LTLISKADYEK HKVYACEVTH 200
QGLSSPVTKS FNRGEC 216

Mutations / Mutations / Mutaciones
IL-15-IgG1 heavy chain: **D**¹>added, N⁷²>**D**⁷³, ²⁴³LL²⁴⁴>**AA**, ⁴⁵⁵GK⁴⁵⁶>del
IL-15 receptor- IgG1 light chain: I¹>**D**

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión
IL-15-IgG1 heavy chain: ¹¹⁶AGGKPGGSAGG¹²⁶
IL-15 receptor- IgG1 light chain: ¹⁰⁴GAEGGG¹⁰⁹

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra IL-15- IgG1 heavy chain: 36-86, 43-89, 153-209, 270-330, 376-434,
36"-86", 43"-89", 153"-209", 270"-330", 376"-434"
Intra IL-15 receptor- IgG1 light chain: 3'-45', 29'-63', 136'-196',
3'''-45''', 29'''-63''', 136'''-196'''
Inter IgG1 heavy chain-heavy chain: 235-235", 238-238"
Inter IgG1 heavy chain-light chain: 229-216', 229"-216"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
IL-15- IgG1 heavy chain: N72, N80, N113, N306, N72", N80", N113", N306"

O-glycosylation sites / Sites de O-glycosylation / Posiciones de O-glicosilación
IL-15 receptor- IgG1 light chain: S78', T79', T86', S78'', T79'', T86''

laroprovstatum
laroprovstat

6'--{[(1S,3S)-3-[[5-(difluoromethoxy)pyrimidin-2-yl]amino]cyclopentyl]amino}-2H-[1,3'-bipyridin]-2-one
proprotein convertase subtilisin/kexin type 9 (PCSK9) inhibitor, antihyperlipidaemic

laroprovstat

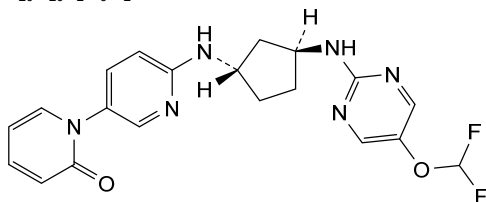
6'--{[(1S,3S)-3-[[5-(difluorométhoxy)pyrimidin-2-yl]amino]cyclopentyl]amino}-2H-[1,3'-bipyridin]-2-one
inhibiteur de la proprotéine convertase subtilisine/kexine de type 9 (PCSK9), antihyperlipidémique

laroprovstat

6'--{[(1S,3S)-3-[[5-(difluorometoxi)pirimidin-2-il]amino]ciclopentil]amino}-2H-[1,3'-bipiridin]-2-ona
inhibidor de la subtilisina/quexina proprotein convertasa (PCSK9), antihiperlipidémico

$C_{20}H_{20}F_2N_6O_2$

2455427-91-3

**laselipagum**

laselipag

{4-[(5,6-diphenylpyrazin-2-yl)(propan-2-yl)amino]butoxy}acetic acid
prostanoid receptor agonist

lasélipag

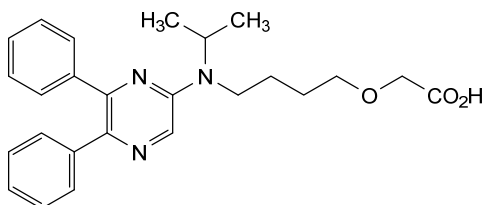
acide {4-[(5,6-diphénylpyrazin-2-yl)(propan-2-yl)amino]butoxy}acétique
agoniste des récepteurs prostanoïdes

laselipag

ácido {4-[(5,6-difenilpirazin-2-il)(propan-2-il)amino]butoxi}acético
agonista del receptor prostanoide

 $C_{25}H_{29}N_3O_3$

475085-57-5

**lasmecabtagenum timgedleucelum #**

lasmecabtagene timgedleucel

allogeneic T lymphocytes obtained from peripheral blood mononuclear cells by leukapheresis of healthy donors, transduced with a self-inactivating, non-replicating lentiviral vector encoding a depletion ligand and a chimeric antigen receptor (CAR) targeting CD22. The cells are also genetically modified using transcription activator-like (TAL) effector nucleases, which are transiently delivered into the cell as mRNAs to disrupt the T cell receptor alpha constant (*TRAC*) and *CD52* genes.

The expressed transgene comprises the RQR8 depletion ligand, a T2A ribosomal skip motif and an anti-CD22 CAR, under control of the human elongation factor-1 alpha (*EF-1α*) promoter. The RQR8 ligand is a 136 amino acid artificial cell surface protein that combines the antibody-binding epitopes from human CD20 (R) and human CD34 (Q) in the order of R, Q and R, followed by a CD8α hinge and transmembrane domain. The CAR comprises an anti-CD22 single chain variable fragment (scFv), a CD8α hinge and transmembrane domain, and 4-1BB (CD137) and CD3ζ (CD247) intracellular costimulatory domains. 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 and a mutated Woodchuck hepatitis virus 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 and transduced with the vector. Residual TCR $\alpha\beta$ + lymphocytes are removed by magnetic depletion, then cultured in media containing interleukin 2 (IL-2). The suspension consists primarily of T lymphocytes with >30% CAR+ and $\leq$ 3.0% TCR $\alpha\beta$ + T lymphocytes. The cells are cytotoxic and secrete pro-inflammatory cytokines in response to CD22-expressing cells.

cell-based gene therapy (antineoplastic)

lasmécabtagène timgedleucel

lymphocytes T allogéniques obtenus chez des donneurs sains par leucaphérèse, à partir de cellules mononucléées du sang périphérique (CMSP), qui sont transduits avec un vecteur lentiviral auto-inactivant et non répliatif codant un ligand de déplétion et un récepteur antigénique chimérique (CAR) ciblant le CD22. Les cellules sont modifiées génétiquement à l'aide de nucléases effectrices de type activateur de transcription (TAL), qui sont transitoirement transfectées dans les cellules sous forme d'ARNm, afin d'effectuer une disruption génique du gène codant la chaîne constante alpha du récepteur des cellules T (*TRAC*) et des gènes CD52.

Le transgène exprimé comprend le ligand de déplétion RQR8, un motif de saut ribosomique T2A et un CAR anti-CD22, sous contrôle du promoteur du facteur d'élongation humain de type 1 alpha (EF1 α). Le ligand RQR8 est une protéine de surface cellulaire artificielle de 136 acides aminés, qui combine les épitopes de liaison aux anticorps du CD20 (R) et CD34 (Q) humains, dans l'ordre R, Q et R, suivis d'un domaine charnière transmembranaire CD8 α . Le CAR comprend un fragment variable à chaîne unique (scFv) anti-CD22, un domaine charnière et transmembranaire CD8 α , et les domaines de costimulations intracellulaires 4-1BB (CD137) et CD3 ζ (CD247). Cette construction est flanquée de répétitions terminales longues (LTR), en 5' et 3', et contient également un signal d'encapsulation ψ , un gène *gag* tronqué et un élément de réponse Rev (RRE), une séquence centrale du tractus polypurine (cPPT), et un élément régulateur posttranscriptionnel du virus de l'hépatite de la marmotte (WPPE). Le vecteur est pseudotypé avec la glycoprotéine G du virus de la stomatite vésiculaire (VSV).

Le matériel de la leucaphérèse est activé par les agonistes CD3 et CD28 et transduit avec le vecteur. Les lymphocytes TCR $\alpha\beta$ + résiduels sont éliminés par déplétion magnétique, puis cultivés dans des milieux contenant de l'interleukine-2 (IL-2). La suspension comprend principalement des lymphocytes T avec >30% de lymphocytes CAR+ et $\leq$ 3.0 % de lymphocytes TCR $\alpha\beta$ +. Les cellules sont cytotoxiques et sécrètent des cytokines pro-inflammatoires en réponse aux cellules exprimant le CD22.

thérapie génique à base de cellules (antinéoplasique)

lasmecabtagén timgedleucel

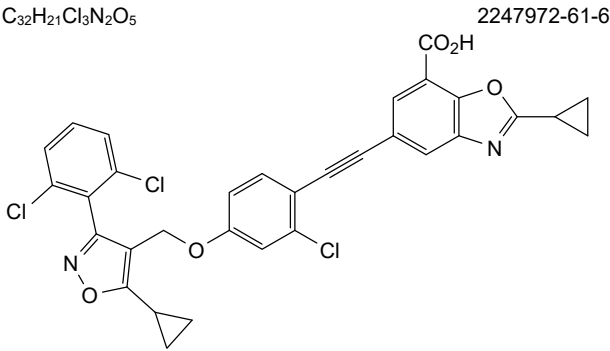
linfocitos T alogénicos obtenidos de células mononucleares de sangre periférica mediante leucoaféresis de donantes sanos, transducidos con un vector lentiviral no replicativo, auto inactivante, que codifica para un ligando para depleción y un receptor de antígenos quimérico (CAR) dirigido a CD22. Las células también se modifican genéticamente usando nucleasas efectoras similares al activador de la transcripción (TAL) que se administran transitoriamente a la célula en forma de ARNm para la ruptura de los genes de la cadena constante alfa del receptor de linfocitos T (*TRAC*) y de CD52.

El transgén expresado contiene el ligando para depleción RQR8, un motivo de salto ribosómico T2A y un CAR anti-CD22, bajo el control del promotor del factor de elongación-1 alfa (EF-1α) humano. El ligando RQR8 es una proteína de superficie celular artificial de 136 amino ácidos que combina epítopos de unión a anticuerpo del CD20 (R) humano y CD34 humano (Q) en el orden R, Q y R seguido de un dominio bisagra y transmembrana de CD8α. El CAR consta de un fragmento variable de cadena sencilla (scFv) anti-CD22, un dominio bisagra y transmembrana de CD8α y dominios coestimuladores intracelulares de 4-1BB (CD137) y de CD3ζ (CD247). 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) y un elemento regulador post-transcripcional del virus de la hepatitis de la marmota (WPRE) mutado. El vector está pseudotipado con la glicoproteína G del virus de la estomatitis vesicular (VSV).

El material de leucoaféresis se activa con agonistas de CD3 y CD28 y se transduce con el vector. Los linfocitos T TCRαβ+ residuales se eliminan mediante depleción magnética y después se cultivan en medio que contiene interleuquina 2 (IL-2). La suspensión consiste principalmente en linfocitos T con >30% CAR+ y ≤3.0% de linfocitos T TCRαβ+. Las células son citotóxicas y secretan citoquinas pro-inflamatorias en respuesta a células que expresan CD22

terapia génica basada en células (antineoplásico)

lecufexorum lecufexor	5 ² ,9 ² ,9 ⁶ -trichloro-8 ⁵ -cyclopropyl-6-oxa-2(2,5)-[1,3]benzoxazola-8(4,3)-[1,2]oxazola-5(1,4),9(1)-dibenzena-1(1)-cyclopropananonaphan-3-yne-2 ⁷ -carboxylic acid <i>farnesoid X receptor (FXR) agonist</i>
lécufexor	acide 5 ² ,9 ² ,9 ⁶ -trichloro-8 ⁵ -cyclopropyl-6-oxa-2(2,5)-[1,3]benzoxazola-8(4,3)-[1,2]oxazola-5(1,4),9(1)-dibenzéna-1(1)-cyclopropananonaphan-3-yne-2 ⁷ -carboxylique <i>agoniste du récepteur farnésoïde X (FXR)</i>
lecufexor	ácido 5 ² ,9 ² ,9 ⁶ -trichloro-8 ⁵ -ciclopropil-6-oxa-2(2,5)-[1,3]benzoxazola-8(4,3)-[1,2]oxazola-5(1,4),9(1)-dibencena-1(1)-ciclopropananonafan-3-ino-2 ⁷ -carboxílico <i>agonista del receptor farnesoide X (FXR)</i>



levacetylleucinum

levacetylleucine

N-acetyl-L-leucine

leucine derivative, treatment of lysosomal storage disorders

lévacétyleucine

N-acétyl-L-leucine

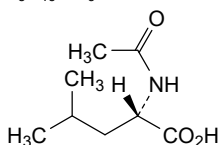
dérivé de leucine, traitement des troubles du stockage lysosomal

levacetileucina

N-acetil-L-leucina

derivado de la leucina, tratamiento de alteraciones del almacenamiento lisosomal $C_8H_{15}NO_3$

1188-21-2

**linoserpaturevum #**

linoserpaturev

recombinant oncolytic herpes simplex virus type 1 (HSV-1) F strain in which both copies of the viral gamma 1 34.5 gene ($\gamma_134.5$, infected cell protein 34.5 [ICP34.5]) plus the ribonucleoside-diphosphate reductase large subunit UL39 (ICP6 gene) locus have been partially deleted/inactivated and in which a truncated copy of the $\gamma_134.5$ gene has been re-inserted into the genome in the region of the UL39 (ICP6) deletion in reverse complementary orientation, under transcription control of a glioma-selective murine (*Rattus norvegicus*) nestin enhancer and a murine (*Mus musculus*) heat-shock protein 68 (HSP68) minimum gene promoter
virus-based therapy (antineoplastic)

linoserpaturev

virus herpès simplex de type 1 (HSV-1) de souche F, recombinant, oncolytique, dans lequel deux copies du gène viral gamma 1 34.5 ($\gamma_134.5$, protéine cellulaire infectée 34.5 [ICP34.5]), et du locus de la grande sous-unité de la ribonucléoside-diphosphate réductase UL39 (gène ICP6) ont été partiellement supprimées/inactivées et dans laquelle une copie tronquée du gène $\gamma_134.5$ a été réinsérée dans le génome dans la région de la délétion UL39 (ICP6), en orientation complémentaire inverse, sous le contrôle transcriptionnel d'un activateur de nestine murine (*Rattus norvegicus*) sélectif de gliome, et d'un promoteur minimal de gène de la protéine de choc thermique 68 (HSP68) murin (*Mus musculus*)
thérapie à base de virus (antineoplasique)

linoserpaturev

virus herpes simplex tipo 1 (HSV-1) de la cepa F, recombinante, oncolítico, en el que ambas copias del gen viral gamma 1 34.5 ($\gamma_134.5$, proteína de célula infectada 34.5 [ICP34.5]) más el locus de la subunidad grande de la ribonucleosido-difosfato reductasa UL39 (gen ICP6) han sido parcialmente delecionados /inactivados y en el que una copia truncada del gen $\gamma_134.5$ se ha re-insertado en el genoma, en la región de la delección de UL39 (ICP6) en orientación complementaria inversa, bajo el control transcripcional de un potenciador selectivo de glioma de la nestina murina (*Rattus norvegicus*) y un promotor mínimo del gen de la proteína de shock térmico 68 (HSP68) murino (*Mus musculus*)
terapia basada en virus (antineoplásico)

2933092-77-2

lofacimigum #

lofacimig

only-heavy-chain immunoglobulin VH-VH-G1(h-CH2-CH3) dimer, anti-[*Homo sapiens* F11 (coagulation factor XI, FXI, plasma thromboplastin antecedent, PTA) apple 2 domain] and anti-[*Homo sapiens* F11 (coagulation factor XI, FXI, plasma thromboplastin antecedent, PTA) apple 3 domain] humanized monoclonal antibody, bispecific, tetravalent; H-gamma1 heavy chain VH-VH-G1(h-CH2-CH3) (1-493) [VH anti-F11 apple 2 domain (*Camelus dromedarius* IGHV3S45*01 (86.6%)/*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (83.5%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [9.7.23] (26-34.52-58.97-119)) (1-130) -3-mer (glycyl-alanyl-prolyl) linker (131-133) -[VH anti-F11 apple 3 domain (*Camelus dromedarius* IGHV3S72*01 (81.2%)/*Homo sapiens* IGHV3-64*04 (79.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.20] (159-166.184-190.229-248)) (134-259) -2-mer (glycyl-seryl) linker (260-261) -*Homo sapiens* IGHG1*01 h-CH2-CH3-CHS G1m17,1 CH3 D12, L14, G1v37 h S5 (hinge 1-15 C5>S(266) (262-276), CH2 (277-386), CH3 D12 (402), L14 (404) (387-491), CHS (492-493)) (262-493)]; dimer (272-272':275-275')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
coagulation factor XI inhibitor, antithrombotic

lofacimig

immunoglobuline dimère VH-VH-G1(h-CH2-CH3) à chaînes lourdes seulement, anti-[*Homo sapiens* F11 (facteur de coagulation XI, FXI, antécédent de la thromboplastine plasmatique, PTA) domaine apple 2] et anti-[*Homo sapiens* F11 (facteur de coagulation XI, FXI, antécédent de la thromboplastine plasmatique, PTA) domaine apple 3], anticorps monoclonal humanisé, bispécifique, tétravalent; chaîne lourde H-gamma1 VH-VH-G1(h-CH2-CH3) (1-493) [VH anti-F11 domaine apple 2 (*Camelus dromedarius* IGHV3S45*01 (86.6%)/*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (83.5%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [9.7.23] (26-34.52-58.97-119)) (1-130) -3-mer (glycyl-alanyl-prolyl) linker (131-133) -[VH anti-F11 domaine apple 3 (*Camelus dromedarius* IGHV3S72*01 (81.2%)/*Homo sapiens* IGHV3-64*04 (79.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.20] (159-166.184-190.229-248)) (134-259) -2-mer (glycyl-séryl) linker (260-261) -*Homo sapiens* IGHG1*01 h-CH2-CH3-CHS G1m17,1 CH3 D12, L14, G1v37 h S5 (charnière 1-15 C5>S(266) (262-276), CH2 (277-386), CH3 D12 (402), L14 (404) (387-491), CHS (492-493)) (262-493)]; dimère (272-272':275-275')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
inhibiteur du facteur XI de coagulation sanguine, antithrombotique

lofacimig

inmunoglobulina dímero VH-VH-G1(h-CH2-CH3) con cadenas pesadas únicamente, anti-[*Homo sapiens* F11 (factor de coagulación XI, FXI, antecedente de la tromboplastina plasmática, PTA) dominio apple 2] y anti-[*Homo sapiens* F11 (factor de coagulación XI, FXI, antecedente de la tromboplastina plasmática, PTA) dominio apple 3], anticuerpo monoclonal humanizado, biespecífico, tetravalente;

cadena pesada H-gamma1 VH-VH-G1(h-CH2-CH3) (1-493) [VH anti-F11 dominio apple 2 (*Camelus dromedarius* IGHV3S45*01 (86.6%)/*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (83.5%)) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [9.7.23] (26-34.52-58.97-119)) (1-130) -3-mer (glicil-alanil-proliil) enlace (131-133) -[VH anti-F11 dominio apple 3 (*Camelus dromedarius* IGHV3S72*01 (81.2%)/*Homo sapiens* IGHV3-64*04 (79.4%)) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.7.20] (159-166.184-190.229-248)) (134-259) -2-mer (glicil-seril) enlace (260-261) -*Homo sapiens* IGHG1*01 h-CH2-CH3-CHS G1m17,1 CH3 D12, L14, G1v37 h S5 (bisagra 1-15 C5>S(266) (262-276), CH2 (277-386), CH3 D12 (402), L14 (404) (387-491), CHS (492-493)) (262-493)]; dímero (272-272':275-275')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa
inhibidor del factor de coagulación XI, antitrombótico

2857858-76-3

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: VH-VH-G1 anti-F11 (H, H')

```

QVQLVESGGG SVQAGGSLRL SCAASGHTYS SNYCMWFVRQ APGKEREGVA 50
AIYSDGSTSY ADSVKGRFTI SKDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCAATA 100
YEGSWTGKQP LCLLYEYTYW QGGLVTVSS GAPQVQLVES GGSVQAGGS 150
LRLSCTASEF TFDDSDMAWY RQAPGNECEL VSTITSDDGT YYADSVKGRF 200
TISQDNSKNT MYLQMNSLRA EDTAVYYCAA DQWGSAGDC TSSYPGGYWG 250
QGGLVTVSSG SEPKSSDKTH TCPPCPAPEL LGGPSVFLFP PKPKDTLMIS 300
RTPEVTCVVV DVSHEDPEVK FNWYVDGVEV HNAKTKPREE QYNSTYRVVS 350
VLTVLHQDWL NGKEYKCKVS NKALPAPIEK TISKAKGQPR EPQVYTLPPS 400
RDELTKNQVS LTCLVKGFYP SDIAVEWESN GPENNYKTT PPVLDSDGSF 450
FLYSKLTVDK SRWQQGNVFS CSVMHEALHN HYTKSLSLG PGK 493

```

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22'-96 155'-228 178'-240 307'-367 413'-471

22'-96' 155'-228' 178'-240' 307'-367' 413'-471'

Intra-H (C38-C112.2)* 34'-112

34'-112'

Inter-H-H (h 11, h 14) 272-272' 275-275'

*additional bridge from the original VH camelid sequence stabilizing the 23 amino acid long CDR3-IMGT.

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: 343, 343'

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: 493, 493'

lotivibartum #

lotivibart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[HIV-1 (human immunodeficiency virus type 1) gp120 envelope glycoprotein, CD4-binding site], *Homo sapiens* monoclonal antibody;

	H-gamma1 heavy chain <i>Homo sapiens</i> (1-452) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-2*02 (59.2%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (72.7%) L123>T (117), T125>V (119), S128>A (122), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v24 CH3 L107, S114 (CH1 K120 (219) (123-220), hinge 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 D12 (361), L14 (363), M107>L (433), N114>S (439) (346-450), CHS (451-452)) (123-452)], (225-210')-disulfide with L-kappa light chain <i>Homo sapiens</i> (1'-210') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-13*02 (69.6%) -IGKJ5*01 (70.0%) Q120>R (96'), T122>S (98'), E1125>H (101'), CDR-IMGT [6.3.5] (27'-32'.50'-52'.89'-93')) (1'-103') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (149'), V101 (187')) (104'-210')]; dimer (231-231":234-234")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DG44, glycoform alfa <i>antiviral</i>
lotivibart	immunoglobuline G1-kappa, anti-[site de liaison au CD4 de la protéine d'enveloppe gp120 du virus de l'immunodéficience humaine de type 1 (VIH-1)], anticorps monoclonal <i>Homo sapiens</i>; chaîne lourde H-gamma1 <i>Homo sapiens</i> (1-452) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-2*02 (59.2%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (72.7%) L123>T (117), T125>V (119), S128>A (122), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v24 CH3 L107, S114 (CH1 K120 (219) (123-220), charnière 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 D12 (361), L14 (363), M107>L (433), N114>S (439) (346-450), CHS (451-452)) (123-452)], (225-210')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa <i>Homo sapiens</i> (1'-210') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-13*02 (69.6%) -IGKJ5*01 (70.0%) Q120>R (96'), T122>S (98'), E1125>H (101'), CDR-IMGT [6.3.5] (27'-32'.50'-52'.89'-93')) (1'-103') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (149'), V101 (187')) (104'-210')]; dimère (231-231":234-234")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DG44, glycoforme alfa <i>antiviral</i>
lotivibart	inmunoglobulina G1-kappa, anti-[lugar de unión al CD4 de la proteína de cobertura gp120 del virus de la inmunodeficiencia humana de tipo 1 (HIV-1)], anticuerpo monoclonal <i>Homo sapiens</i>; cadena pesada H-gamma1 <i>Homo sapiens</i> (1-452) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-2*02 (59.2%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (72.7%) L123>T (117), T125>V (119), S128>A (122), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v24 CH3 L107, S114 (CH1 K120 (219) (123-220), bisagra 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 D12 (361), L14 (363), M107>L (433), N114>S (439) (346-450), CHS (451-452)) (123-452)], (225-210')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa <i>Homo sapiens</i> (1'-210') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-13*02 (69.6%) -IGKJ5*01 (70.0%) Q120>R (96'), T122>S (98'), E1125>H (101'), CDR-IMGT [6.3.5] (27'-32'.50'-52'.89'-93')) (1'-103') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (149'), V101 (187')) (104'-210')]; dímero (231-231":234-234")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DG44, forma glicosilada alfa <i>antiviral</i>

2851892-98-1

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
RAHLVQSGTA MKKPGASVRV SCQTSGYTFT AHILFWFRQA PGRGLEWVGW 50
IKPQYGAVNF GGGFRDRVTL TRDVYREIAY MDIRGLKPDD TAVYYCARDR 100
SYGDSSWALD AWGQGTTVVV SAASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL 150
VKDYFFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFFPAVLQ SSGLYSLSSV VTFPSSSLGT 200
QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSCDKTHT CPPCPAPELL GGPSVFLFPP 250
KPKDTLMISR TPEVTCVVVD VSHEDPEVKF NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ 300
YNSTYRVVSV LTVLHQDWLN GKEYKCKVSN KALPAPIEKT ISKAKGQPRE 350
PQVYTLPPSR DELTKNQVSL TCLVKGFYPS DIAVEWESNG QPENNYKTTP 400
PVLDSGDSFF LYSKLTVDKS RWQQGNVFSC SVLHEALHSH YTKQSLSLSP 450
GK 452

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
YIHVTQSPSS LSVSIGDRVIT INCQTSQGVG SDLHWYQHKP GRAPKLLIHH 50
TSSVEDEVPS RFSGSGGFHTS FNLITISDLQA DDIATYYCQV LQFFGRGSRRL 100
HIKRTVAAPS VFIFPPSDEQ LKSGTASVVC LLNNFYPREA KVQWKVDNAL 150
QSGNSQESVT EQDSKDSYTS LSSTLTLSKA DYEKHKVYAC EVTHQGLSSP 200
VTKSFNRGEC 210

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" 130"-190"
23""-88"" 130""-190""
Inter-H-L (h 5-CL 126) 225-210' 225"-210"
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 biantenarijos complejos fucosilados
L V-KAPPA N88: 72", 72"
Afucosylated and sialylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO
bi-antennaires complexes afucosylés et sialylés / glicanos de tipo CHO biantenarijos complejos
afucosilados y sialilados

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

lunlekitugum #
lunlekitug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL1A (interleukin 1 alpha)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*01 (80.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (215) (119-216), hinge 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 E12 (357), M14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-220')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (100%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')]; dimer (227-227":230-230")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1SV, glycoform alfa
anti-inflammatory

lunlékitug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL1A (interleukine 1 alpha)]; anticorps monoclonal *Homo sapiens*;

chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens* (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*01 (80.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (215) (119-216), charnière 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 E12 (357), M14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-220')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (100%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')]; dimère (227-227'':230-230')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1SV, glycoforme alfa *anti-inflammatoire*

lunlekitug immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL1A (interleukina 1 alfa)]; anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*; cadena pesada H-gamma1 *Homo sapiens* (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*01 (80.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (215) (119-216), bisagra 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 E12 (357), M14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-220')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa *Homo sapiens* (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (100%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')]; dímero (227-227'':230-230')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1SV, forma glicosilada alfa *antiinflamatorio*

2640257-30-1

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada	
QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV	50
SCKASGGRFT NYAILWVRQA	100
PGQGLQWLGG	150
IIPFIDETDH AQDFQDRLTI	200
TVDESMTTAY MELSLRPED	250
TAIYYCATGS	300
NSYYGLYWGQ GTLVTVSSAS	350
TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT	400
AALGCLVKDY	448
FPEPVTVSWN SGALTSGVHT	
FPAVLQSSGL YSLSSVTVTP	
SSSLGTQTYI	
CNVNHHKPSNT KVDKRVPEKS	
CDKTHTCPPC PAPELLGGPS	
VFLFPPKPKD	
YLMISRTPEV TCVVVDVSHE	
DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT	
KPREEQYNST	
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY	
KCKVSNKALP APIEKTISKA	
KGQPREPQVY	
TLPPSREEMT KNQVSLTCLV	
KGFPYPSDIAV EWESNGQPEN	
NYKTTTPPVLD	
SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ	
GNVFSCSVHM EALHNNHYTK	
SLSLSPGK	
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera	
DIVMTQSPDS LAVSLGERAT	50
INCKSSQSVL YSSNNKNYLA	100
WYQQKPGQPP	150
KLLIYWASTR ESGVPDRFSG	200
SGSGTDFTLT ISSLQAEDVA	250
VYYCQQYYS	300
PPTFGGGTKV EIKRTVAAPS	350
VFIFPPSDEQ LKSGTASVVC	400
LLNNFYPREA	448
KVQWKVDNAL QSGNSQESVT	
EQDSKDYSTY LSSTLTLSKA	
DYEEKHKVYAC	
EVTHQGLSSP VTKSFNRGEC	

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) 23-94" 140"-200"
23'"-94'" 140'"-200'"
Inter-H-L (h 5-CL 126) 221-220' 221"-220"
Inter-H-H (h 11, h 14) 227-227" 230-230"

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

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

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

lutadenovecum autogenum #

lutadenovec autogene	replication-defective chimpanzee adenovirus 68 (ChAd68), subgroup E adenovirus, (C68, 68/SApV-25, originally designated as Pan 9) vector, with E1, E3 and E4 (partially) deleted, encoding a patient-specific expression cassette comprising 20 tumour-specific neoantigens (TSNA). The expression cassette, introduced into the deleted viral E1 region, includes coding sequences for methionine, alanine and glycine (MAG), the 20 tumour-specific neoantigens, a class II helper domain consisting of two universal CD4+ T helper lymphocyte epitopes, the pan human leukocyte antigen (HLA) DR-binding epitope (PADRE) and the tetanus toxoid P2 epitope (amino acid 830-844 of tetanus toxin Tc), each linked by glycine and proline linkers (GPGPG). The expression cassette is under the control of a tetracycline repressor (tetR)-regulated cytomegalovirus (CMV) promoter and a simian virus 40 (SV40) polyadenylation signal <i>gene therapy (immune response inducer, antineoplastic)</i>
lutadénovec autogène	vecteur de l'adénovirus 68 du chimpanzé (ChAd68), déficient dans la réplication, adénovirus du sous-groupe E (C68, 68/SaV-25, désigné à l'origine comme Pan 9), avec E1, E3 et E4 (partiellement) supprimés, codant une cassette d'expression spécifique pour le patient, comprenant 20 néoantigènes spécifiques des tumeurs (NST). La cassette d'expression, introduite dans la région virale E1 supprimée, comprend des séquences codantes pour la méthionine, l'alanine et la glycine (MAG), les 20 néoantigènes spécifiques des tumeurs, un domaine auxiliaire de classe II constitué de deux épitopes universels de lymphocytes T CD4+ helper, l'épitope universel (pan) de liaison aux isotopes DR de l'antigène leucocytaire humain (HLA) (PADRE) et l'épitope P2 de l'anatoxine tétanique (acides aminés 830-844 de la toxine tétanique Tc), chacun lié par des coupleurs glycine-proline (GPGPG). La cassette d'expression est sous le contrôle d'un promoteur du cytomégalovirus (CMV), régulé par le répresseur de la tétracycline (tetR) et d'un signal de polyadénylation du virus simien 40 (SV40) <i>thérapie génique (inducteur de réponse immunitaire, antinéoplasique)</i>
lutadenovec autogén	vector del adenovirus 68 de chimpancé (ChAd68) deficiente en replicación, del subgrupo E de adenovirus (C68, 68/SApV-25, denominado originalmente Pan 9), con E1, E3 y E4 (parcialmente) delecionados, que codifica para un casete de expresión específico de paciente que consta de 20 neoantígenos específicos de tumor (TSNA). El casete de expresión, introducido en la región viral delecionada E1, incluye secuencias que codifican para metionina, alanina y glicina (MAG), los 20 neoantígenos específicos de tumor, un dominio ayudante de clase II que consiste en dos epítomos universales de linfocitos T CD4+ helper, el epítomo universal (pan) de unión a isótopos DR del antígeno leucocitario humano (HLA) (PADRE) y el epítomo P2 del toxoide tetánico (aminoácidos 830-844 de la toxina tetánica Tc), cada uno ligado mediante enlazadores de glicina y prolina (GPGPG). El casete de expresión está bajo el control de un promotor de citomegalovirus (CMV) regulado por un represor de tetraciclina (tetR) y una señal de poliadenilación del virus de simio 40 (SV40) <i>terapia génica (inductor de la respuesta inmunitaria, antineoplásico)</i>

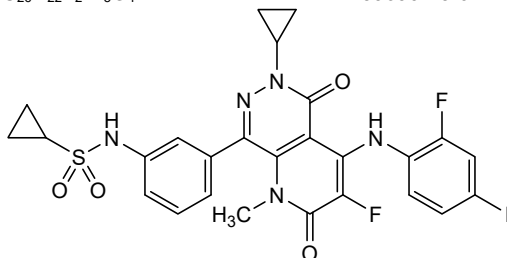
2805319-15-5

lucimetinib

N-(3-[6-cyclopropyl-3-fluoro-4-(2-fluoro-4-iodoanilino)-1-metil-2,5-dioxo-1,2,5,6-tetrahidropirido[2,3-*d*]piridazin-8-il]fenil)ciclopropanosulfonamida
inhibidor de la proteína-quinasa activada por mitógeno (MEK), antineoplásico

C₂₆H₂₂F₂IN₅O₄S

2739690-43-6



macitegtagenum autoleucelum #
 macitegtagene autoleucel

autologous CD4/CD8 enriched T lymphocytes derived from peripheral blood mononuclear cells (PBMC) of patients by leukapheresis, transduced with a self-inactivating, non-replicating lentiviral vector encoding a chimeric antigen receptor (CAR) targeting the intercellular adhesion molecule-1 (ICAM-1) fused to human somatostatin receptor type 2 (SSTR2), under control of the human elongation factor-1 alpha (EF-1α) promoter. A self-cleaving P2A peptide sequence separates the two transgenes.

The CAR transgene comprises a CD8α signal peptide, a c-Myc tag, the I domain of the lymphocyte function-associated antigen 1 (LFA-1, also known as integrin alpha-L, a natural ICAM-1 ligand) with an F292A mutation, a CD8α/CD28 hinge and transmembrane domain, a 4-1BB costimulatory domain and a CD3ζ signalling domain. The somatostatin receptor type 2 (SSTR2) is used to bind ⁶⁸Ga-DOTA-TATE for visualization of the CAR T lymphocytes via positron emission tomography-computed tomography (PET-CT). The transgene 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 post-transcriptional regulatory element (WPRE) and a qPCR synthetic ID tag sequence.

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 supplemented with serum replacement and interleukin 2 (IL-2) and 7 (IL-7). The cell suspension consists of T lymphocytes (≥90%) with greater than 10% of the T lymphocytes expressing the transgene. The lymphocytes secrete interferon gamma (IFN-γ) and exhibit cytotoxic activity in response to culture with target tumor cells

cell-based gene therapy (antineoplastic)

macitegtagène autoleucel

lymphocytes T autologues enrichis en CD4/CD8, dérivés de cellules mononucléées du sang périphérique (CMSP) du patient par leucaphérèse, transduits par un vecteur lentiviral auto-inactivant et non réplicatif, codant un récepteur antigénique chimérique (CAR) ciblant la molécule d'adhésion intercellulaire de type 1 (ICAM-1), fusionnée au récepteur humain de la somatostatine de type 2 (SSTR2), sous le contrôle du promoteur du facteur d'élongation-1 alpha humain (EF-1 α). Une séquence du peptide P2A auto-clivante sépare les deux transgènes. Le transgène CAR comprend un peptide signal CD8 α , un marqueur c-Myc, le domaine I de l'antigène 1 associé à la fonction lymphocytaire (LFA-1, aussi appelé intégrine alpha-L, un ligand naturel d'ICAM-1) avec une mutation F292A, un domaine charnière CD8 α /CD28 et un domaine transmembranaire CD8 α /CD28, un domaine de costimulation 4-1BB et un domaine de signalisation CD3 ζ . Le récepteur de la somatostatine de type 2 (SSTR2) sert à lier le ^{68}Ga -DOTA-TATE pour la visualisation des lymphocytes T CAR par tomographie par émission de positons (TEP-CT). La construction transgénique est flanquée de répétitions terminales longues (LTR) en 5' et en 3' et contient un signal d'encapsulation ψ , un gène *gag* tronqué, un élément de réponse Rev (ERR), une séquence centrale du tractus polypurine (cPPT)/centrale de terminaison (CTS), et un élément régulateur posttranscriptionnel du virus de l'hépatite de la marmotte (WPRE), et une étiquette d'identification qPCR.

Le matériel de la leucaphérèse est enrichi en lymphocytes T CD4/CD8 par une immunosélection positive, activé par les agonistes CD3 et CD8, puis transduit avec le vecteur lentiviral. Les cellules sont mises en expansion dans un milieu complété par un sérum de substitution et de l'interleukine-2 (IL-2) et de l'interleukine-7 (IL-7). La suspension cellulaire est constituée de lymphocytes T ($\geq 90\%$), dont plus de 10% expriment le transgène. Les lymphocytes sécrètent de l'interféron gamma (IFN- γ) et présentent une activité toxique en réponse à la culture avec des cellules tumorales cibles
thérapie génique à base de cellules (antinéoplasique)

macitegtagén autoleucel

linfocitos T CD4/CD8 autólogos derivados de células mononucleares de sangre periférica (PBMC) de pacientes por leucoaféresis, transducidos con un vector lentiviral auto inactivante, no replicativo, que codifica para un receptor de antígenos quimérico (CAR) dirigido a la molécula de adhesión intercelular 1 (ICAM-1) fusionado al receptor de somatostatina tipo 2 (SSTR2) humano, bajo el control del promotor del factor de elongación-1 alfa (EF-1 α). Los dos transgenes están separados por una secuencia del péptido de auto-escisión P2A.

El transgén CAR consta de un péptido señal de CD8 α , una etiqueta c-Myc, el dominio I del antígeno asociado a función linfocitaria 1 (LFA-1, también conocido como integrina alfa-1, un ligando natural de ICAM-1) con una mutación F292A, un dominio bisagra y transmembrana de CD8 α /CD28, un dominio coestimulador de 4-1BB y un dominio de señalización de CD3 ζ . El receptor de somatostatina tipo 2 (SSTR2) se usa para unir ^{68}Ga -DOTA-TATE para la visualización de los linfocitos CAR T mediante tomografía por emisión de positrones-tomografía computarizada (PET-CT). El constructo transgén 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 poli-purina central (cPPT), un elemento regulador post-transcripcional del virus de la hepatitis de la marmota (WPRE) y una secuencia etiqueta sintética ID qPCR.

El material de leucoaféresis se enriquece en linfocitos T CD4+/CD8+ mediante inmunoselección positiva, se activa mediante agonistas de CD3 y CD28 y se transduce con el vector lentiviral. Las células después se expanden en medio suplementado con sustituto de suero e interleuquinas 2 (IL-2) y 7 (IL-7). La suspensión celular consiste en linfocitos T (≥90%) con más del 10% de los linfocitos T que expresan el transgén. Los linfocitos secretan interferón gamma (IFN-γ) y muestran actividad citotóxica en respuesta al cultivo con células tumorales diana *terapia génica basada en células (antineoplásico)*

maritupirdinum

maritupirdine

2,8-dimethyl-5-(2-phenylethyl)-2,3,4,5-tetrahydro-1H-pyrido[4,3-b]indole

serotonin receptor antagonist, antidepressant

maritupirdine

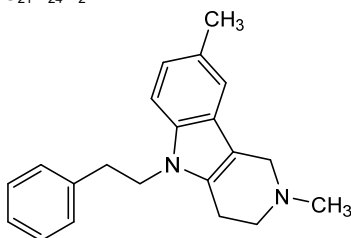
2,8-diméthyl-5-(2-phényléthyl)-2,3,4,5-tétrahydro-1H-pyrido[4,3-b]indole

antagoniste des récepteurs de la sérotonine, antidépresseur

maritupirdina

5-(2-feniletil)-2,8-dimetil-2,3,4,5-tetrahidro-1H-pirido[4,3-b]indol
*antagonista del receptor de serotonina, antidepresivo*C₂₁H₂₄N₂

1025725-91-0

**mavrostobartum #**

mavrostobart

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* NT5E (5'-nucleotidase ecto, 5'-nucleotidase, NT5, eN, eNT, NTE, CALJA, CD73)];
H-gamma4 heavy chain (1-448) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV1-80*01 (77.6%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (85.7%) A128>S (121)/*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (71.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10 (CH1 (122-219), hinge 1-12 S10>P (229) (220-231), CH2 L92 (310) (232-341), CH3 (342-446), CHS (447-448)) (122-448)], (135-220')-disulfide with L-kappa light chain (1'-220') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV8-24*01 (86.1%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (91.7%) L126>I (112')/*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (80.2%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (90.9%) Q120>A (106'), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103'')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220'')]; dimer (227-227''':230-230'')-bisdisulfide, produced in a cell line from Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, glycoform alfa
antineoplastic

mavrostobart

immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* NT5E (5'-nucléotidase ecto, 5'-nucléotidase, NT5, eN, eNT, NTE, CALJA, CD73)];

mavrostobart

chaîne lourde H-gamma4 (1-448) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV1-80*01 (77.6%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (85.7%) A128>S (121)/*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (71.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10 (CH1 (122-219), charnière 1-12 S10>P (229) (220-231), CH2 L92 (310) (232-341), CH3 (342-446), CHS (447-448)) (122-448)], (135-220')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa (1'-220') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV8-24*01 (86.1%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (91.7%) L126>I (112')/*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (80.2%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (90.9%) Q120>A (106'), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')]; dimère (227-227":230-230")-bisdisulfure, produit dans une lignée cellulaire des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa antinéoplasique

inmunoglobulina G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* NT5E (5'-nucleotidasa ecto, 5'-nucleotidasa, NT5, eN, eNT, NTE, CALJA, CD73)];
cadena pesada H-gamma4 (1-448) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV1-80*01 (77.6%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (85.7%) A128>S (121)/*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (71.4%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10 (CH1 (122-219), bisagra 1-12 S10>P (229) (220-231), CH2 L92 (310) (232-341), CH3 (342-446), CHS (447-448)) (122-448)], (135-220')-disulfuro com la cadena ligera L-kappa (1'-220') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV8-24*01 (86.1%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (91.7%) L126>I (112')/*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (80.2%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (90.9%) Q120>A (106'), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')]; dímero (227-227":230-230")-bisdisulfuro, producido en una línea celular de las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, forma glicosilada alfa antineoplásico

2928515-12-0

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada	
EVQLVESGGG LVQPQGS LKL SCKASGYAFS SYWMNWVKQR PGKGLEWIGQ	50
IYPGDGDTYY SGKFKGRATL SADKSKNTAY LQLNNLRAED TAVYYCARE	100
IYYGNVFTY WGQGT LTVTSV SASTKGPSVF PLAPCSRSTS ESTAALGCLV	150
KDYFPEPVTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS SGLYSLSSV TVPSSSLGTV	200
TYTCNVDHKP SNTKVDKRV SKYGPPCPPC PAPEFLGGPS VFLFPKPKPD	250
TLMSIRTPFV TCVVVDVSQE DPEVQFNWYV DGEVHNNAKT KPREEQFNST	300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKGLP SSIEKTIKA KGQPREPQVY	350
TLPPSQEEMT KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQFEN NYKTTTPPVL	400
SDGSFFLYSR LTVDKSRWQE GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSLGK	448
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera	
DIVMTQSPSL LSASLGDRVT ISCKSSQSLN NSNQKNYLA WYQQKPGQSP	50
KLLVYFASTR DSGVPDRFSG SSGTDTFTLT ISSLEPEDFA TYFCQQHYST	100
PLTFAGATKL EIKRTVAAPS VFIFPPSDEQ LKSGTASVVC LLNNFYPREA	150
KVQWKVDNAL QSGNSQESVT EQDSKDYSTY LSSTLTLSKA DYKHKVYAC	200
EVTHQGLSSP VTKSFNRGEC	220

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro			
Intra-H (C23-C104)	22-96	148-204	262-322 368-426
	22"-96"	148"-204"	262"-322" 368"-426"
Intra-L (C23-C104)	23'-94'	140"-200'	
	23"-94"	140"-200"	
Inter-H-L (CH1 10-CL 126)	135-220'	135"-220"	
Inter-H-H (h 8, h 11)	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"

mevrometostatum

mevrometostat

5,8-dichloro-7-[(*R*)-methoxy(oxetan-3-yl)methyl]-2-[(4-methoxy-6-methyl-2-oxo-1,2-dihydropyridin-3-yl)methyl]-3,4-dihydroisoquinolin-1(2*H*)-one
enhancer of zeste homolog 2 (EZH2) inhibitor, antineoplastic

mévrométostat

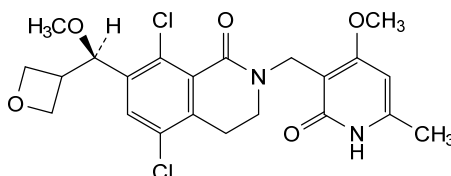
5,8-dichloro-7-[(*R*)-méthoxy(oxétan-3-yl)méthyl]-2-[(4-méthoxy-6-méthyl-2-oxo-1,2-dihydropyridin-3-yl)méthyl]-3,4-dihydroisoquinoléin-1(2*H*)-one
activateur de l'inhibiteur de l'homologue 2 du zeste (EZH2), antinéoplasique

mevrometostat

5,8-dicloro-2-[(6-metil-4-metoxi-2-oxo-1,2-dihidropiridin-3-il)metil]-7-[(*R*)-metoxi(oxetan-3-il)metil]-3,4-dihidroisoquinolin-1(2*H*)-ona
activador del inhibidor de la histona-lisina metiltransferasa EZH2 (EZH2), antineoplásico

C₂₂H₂₄Cl₂N₂O₅

1844849-10-0

**mivalsecovateinum #**

mivalsecovatein

severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2), omicron lineage XBB.1.5 (Gisaid: EPI_ISL_16343574) spike (S) glycoprotein (1-1256), stable prefusion conformation variant (R⁶⁶⁵>Q, R⁶⁶⁶>Q, R⁶⁶⁸>Q, K⁹⁶⁹>P, V⁹⁷⁰>P), trimer, produced in *Spodoptera frugiperda* (Sf9) insect cells, glycoform alfa
immunological agent for active immunization (anti-SARS-CoV-2)

mivalsécovatéine

glycoprotéine du spicule (S) du coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS-CoV-2), lignée omicron XBB.1.5 (GISAID: EPI_ISL_16343574) (1-1256), variant de conformation de préfusion stable (R⁶⁶⁵>Q, R⁶⁶⁶>Q, R⁶⁶⁸>Q, K⁹⁶⁹>P, V⁹⁷⁰>P), trimère, produite dans des cellules d'insectes *Spodoptera frugiperda* (Sf9), glycoforme alfa
agent immunologique d'immunisation active (anti-SRAS-CoV-2)

mivalsecovateína

glicoproteína de espícula (S) del coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo (SRAS-CoV-2), linaje ómicron XBB.1.5 (Gisaid: EPI_ISL_16343574) (1-1256), variante de conformación de prefusión estable (R⁶⁶⁵>Q, R⁶⁶⁶>Q, R⁶⁶⁸>Q, K⁹⁶⁹>P, V⁹⁷⁰>P), trímero, producido en las células del insecto *Spodoptera frugiperda* (Sf9), glicoforma alfa
agente inmunológico para inmunización activa (anti-SRAS-CoV-2)

2928522-52-3

Sequences / Séquences / Secuencias		
QCVNLIIRTRQ	SYTNSFTRGV	YYPDKVFRSS
VLHSTQDLFL	FFFSNVTWFH	50
AIHVSGNGT	KRFDNPALPF	NDGVYFASTE
KSNIIRGWIF	GTTLDSKTQS	100
LLIVNNATNV	VIKVCDFQC	NDPFLDVYQK
NNKSWMESEF	RVISSANCT	150
FEYYSQFFLM	DLEGKEGNFK	NLREFVFKNI
DGYFKIYSKH	TPINLERDLP	200
QGSFSALEPLV	DLPIGINITR	FQTLALHRS
YLTVPDSSSG	WTAGAAAYV	250
GYLQPRTEFL	KYNGTITD	AVDCALDPLS
ETKCTLKSFT	VEKGIYQTSN	300
FRVQPTESIV	RFPNITNLCP	FHEVFNATTF
ASVYAWNRRK	ISNCVADYSV	350
IYNFAPFFAF	KCYGVSPTKL	NDLCTNVYA
DSFVIRGNEV	SQIAPQGTGN	400
IADYNYKLDP	DFTGCVIAWN	SNKLDSPSG
NYNLYRLFR	KSKLKPFFER	450
ISTEIIYAGN	KPCNGVAGPN	CYSPLQSYGF
RPTYGVGHQP	YRVVLSFEL	500
LHAPATWCGP	KKSTNLVKNK	CVNENFNGLT
GTGVLTESNK	KFLPFQQFGR	550
DIADTTDAVR	DPQTEILIDI	TPCSFGGVSV
ITPGTNTSNQ	VAVLYQGVNC	600
TEVPVAIHAD	QLTPTWRVYS	TGSNVFQTRA
GCLIGAERYN	NSYECDDPIG	650
AGICASYQTQ	TKSHQQAQSV	ASQSIIAYTM
SLGAENSVAY	SNNIAIPTN	700
FTISVTTEIL	PVSMTKTSVD	CTMYICGDST
ECSNLLQYG	SFCTQLKRAL	750
TGIAVEQDKN	TQEVFAQVKQ	IYKTFPIKYF
GGFNFSQILP	DPSKPSKRSF	800
IEDLLFNKVT	LADAGFIKQY	GDCLGDIAAR
DLICAQKFNG	LTVLPPLTLD	850
EMIAQYTSAL	LAGTITSGWT	FGAAGALQIP
FAMQMAYRFN	GIGVTQNVLY	900
ENQKLIANQF	NSAIGKIQDS	LSSTASALGK
LQDVVNHNQAQ	ALNTLVKQLS	950
SKFGAISSVL	NDILSRLDPP	EAEVQIDRLI
TGRLQSLQTY	VTQQLIRAAE	1000
IRASANLAAT	KMSECVLQGS	KRVDFCGKGY
HLMSFPQSAP	HGTVFLHVTY	1050
VPAQEKNFNT	APAICHDGKA	HFPREGVFVS
NGTHWFTQR	NFYEPQIIT	1100
DNTFVSGNCD	VVIGIVNNTV	YDLPQPELDS
FKEELDRYFK	NHTSPDVLG	1150
DISGINASVV	NIQKEIDRLN	EVAKNLNESE
IDLQELGKYE	QYIKWPWYIW	1200
LGFTAGLIAI	VMVTIMLCM	TSCCSCCLKG
CSCGSCCKFD	EDDSEPVKLG	1250
VKLHYT		1256

Mutations / Mutations / Mutaciones
R⁶⁶⁵→Q, R⁶⁶⁶→Q, R⁶⁶⁸→Q, K⁹⁶⁹→P, V⁹⁷⁰→P

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra chain: 2-120, 115-149, 274-284, 319-344, 362-415, 374-508, 463-471, 521-573, 600-632, 645-654, 721-743, 726-732, 823-834, 1015-1026, 1065-1109

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
N45, N58, N106, N132, N148, N217, N265, N314, N326, N586, N599, N640, N692, N700, N784, N1057, N1081, N1117, N1141, 1156

- mobinitinibum

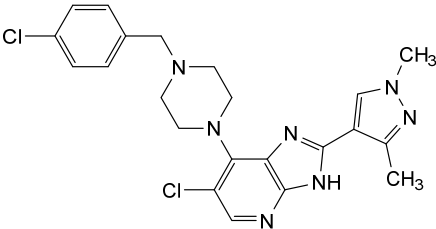
mobinitinib

6-chloro-7-{4-[(4-chlorophenyl)methyl]piperazin-1-yl}-2-(1,3-dimethyl-1H-pyrazol-4-yl)-3H-imidazo[4,5-b]pyridine
dual FMS-like tyrosine kinase-3 (FLT3)-Aurora kinase inhibitor, antineoplastic
- mobinitinib

6-chloro-7-{4-[(4-chlorophényl)méthyl]pipérazin-1-yl}-2-(1,3-diméthyl-1H-pyrazol-4-yl)-3H-imidazo[4,5-b]pyridine
double inhibiteur de tyrosine kinase-3 (FLT3)-Aurora kinase de type FMS, antinéoplasique
- mobinitinib

6-cloro-7-{4-[(4-clorofenil)metil]piperazin-1-il}-2-(1,3-dimetil-1H-pirazol-4-il)-3H-imidazo[4,5-b]piridina
inhibidor dual de la tirosina kinasa 3 tipo FMS-Aurora kinasa, antineoplásico

C₂₂H₂₃Cl₂N₇1402709-93-6



mocaciclibum

mocaciclib

2-fluoro-*N*-{[(8³*R*,8⁴*R*)-8³-hydroxy-5⁸-(propan-2-yl)-4,6-diaza-1(1)-isoquinolina-5(4,2)-pyrazolo[1,5-*a*][1,3,5]triazina-8(4)-piperidina-2(1,2)-benzenaoctaphan-1⁶-yl]}prop-2-enamide
cyclin-dependent kinase (CDK) inhibitor, antineoplastic

mocaciclib

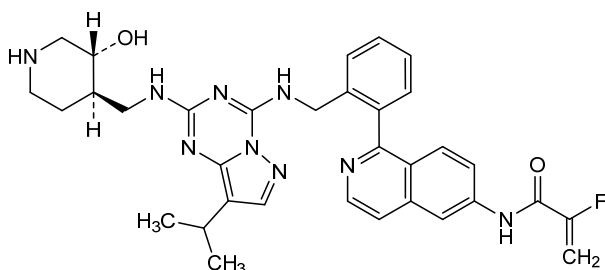
2-fluoro-*N*-{[(8³*R*,8⁴*R*)-8³-hydroxy-5⁸-(propan-2-yl)-4,6-diaza-1(1)-isoquinolina-5(4,2)-pyrazolo[1,5-*a*][1,3,5]triazina-8(4)-pipéridina-2(1,2)-benzenaoctaphan-1⁶-yl]}prop-2-énamide
inhibiteur de la kinase cycline-dépendante (CDK), antinéoplasique

mocaciclib

2-fluoro-*N*-{[(8³*R*,8⁴*R*)-8³-hidroxi-5⁸-(propan-2-il)-4,6-diaza-1(1)-isoquinolina-5(4,2)-pirazolo[1,5-*a*][1,3,5]triazina-8(4)-piperidina-2(1,2)-bencenaoctafan-1⁶-il]}prop-2-enamida
inhibidor de la kinasa dependiente de ciclinas (CDK), antineoplásico

C₃₃H₃₆FN₉O₂

2766124-39-2

**mosperafenibum**

mosperafenib

(3*R*)-*N*-{2-cyano-4-fluoro-3-[(3-methyl-4-oxo-3,4-dihydroquinazolin-6-yl)oxy]phenyl}-3-fluoropyrrolidine-1-sulfonamide
B-Raf (BRAF) inhibitor, antineoplastic

mospérafénib

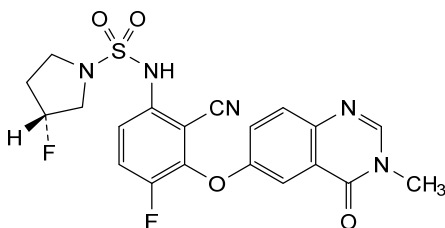
(3*R*)-*N*-{2-cyano-4-fluoro-3-[(3-méthyl-4-oxo-3,4-dihydroquinazolin-6-yl)oxy]phényl}-3-fluoropyrrolidine-1-sulfonamide
inhibiteur B-Raf (BRAF), antinéoplasique

mosperafenib

(3*R*)-*N*-{2-ciano-4-fluoro-3-[(3-metil-4-oxo-3,4-dihidroquinazolin-6-il)oxi]fenil}-3-fluoropirrolidina-1-sulfonamida
inhibidor B-Raf (BRAF), antineoplásico

C₂₀H₁₇F₂N₅O₄S

2649372-20-1



nacresertibum

nacresertib

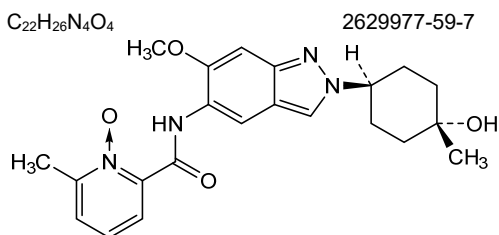
2-({2-[(1*r*,4*r*)-4-hydroxy-4-methylcyclohexyl]-6-methoxy-2*H*-indazol-5-yl}carbamoyl)-6-methylpyridine 1-oxide
serine/threonine kinase inhibitor

nacrésertib

1-oxyde de 2-({2-[(1*r*,4*r*)-4-hydroxy-4-méthylcyclohexyl]-6-méthoxy-2*H*-indazol-5-yl}carbamoyl)-6-méthylpyridine
inhibiteur de sérine/thréonine kinases

nacresertib

1-óxido de 2-({2-[(1*r*,4*r*)-4-hidroxi-4-metilciclohexil]-6-metoxi-2*H*-indazol-5-il}carbamoil)-6-metilpiridina
inhibidor de la serina/treonina kinasa

**napazimonum**

napazimone

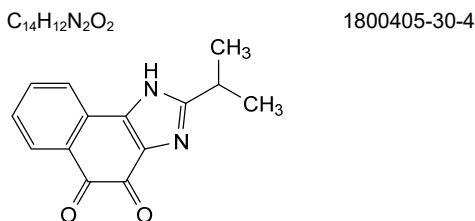
2-(propan-2-yl)-1*H*-naphtho[1,2-*d*]imidazole-4,5-dione
NAD(P)H dehydrogenase [quinone] 1 (NQO1) activator

napazimone

2-(propan-2-yl)-1*H*-naphtho[1,2-*d*]imidazole-4,5-dione
activateur de la NAD(P)H déshydrogénase [quinone] 1 (NQO1)

napazimona

2-(propan-2-il)-1*H*-nafto[1,2-*d*]imidazol-4,5-diona
activador de la NAD(P)H deshidrogenasa [quinona] 1 (NQO1)

**navepdekinraum**

navepdekinra

1-ethyl-*N*-{[(1*S*)-2-{2-fluoro-4-[(2*S*,3*R*)-4-(4-methylpiperazin-1-yl)-4-oxo-3-propanamidobutan-2-yl]anilino}-1-[(1*r*,4*S*)-4-methylcyclohexyl]-2-oxoethyl]-1*H*-pyrazole-5-carboxamide
interleukin-17A (IL-17A) inhibitor, anti-inflammatory

navepdékinra

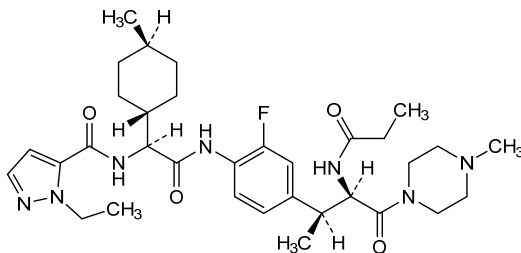
1-éthyl-*N*-{[(1*S*)-2-{2-fluoro-4-[(2*S*,3*R*)-4-(4-méthylpipérazin-1-yl)-4-oxo-3-propanamidobutan-2-yl]anilino}-1-[(1*r*,4*S*)-4-méthylcyclohexyl]-2-oxoéthyl]-1*H*-pyrazole-5-carboxamide
inhibiteur de l'interleukine-17A (IL-17A), anti-inflammatoire

navepdekinra

1-etil-*N*-{[(1*S*)-2-{2-fluoro-4-[(2*S*,3*R*)-4-(4-metilpiperazin-1-il)-4-oxo-3-propanamidobutan-2-il]anilino}-1-[(1*r*,4*S*)-4-metilciclohexil]-2-oxoetil]-1*H*-pirazol-5-carboxamida
inhibidor de la interleuquina-17A (IL-17A), antiinflamatorio

C₃₃H₄₈FN₇O₄

2467732-66-5

**naxtarubicinum**

naxtarubicin

(7*S*,9*S*)-7-[(2,6-dideoxy-2-iodo- α -L-mannopyranosyl)oxy]-6,9,11-trihydroxy-9-(2-hydroxyacetyl)-7,8,9,10-tetrahydrotetracene-5,12-dione
DNA topoisomerase II inhibitor, antineoplastic

naxtarubicine

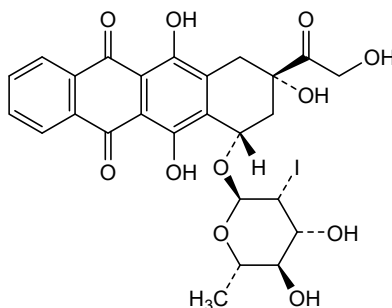
(7*S*,9*S*)-7-[(2,6-didésoxy-2-iodo- α -L-mannopyranosyl)oxy]-6,9,11-trihydroxy-9-(2-hydroxyacétyle)-7,8,9,10-tétrahydrotétracène-5,12-dione
inhibiteur de l'ADN topoisomérase II, antinéoplasique

naxtarubicina

(7*S*,9*S*)-7-[(2,6-didesoxi-2-yodo- α -L-manopiranosil)oxi]-6,9,11-trihidroxi-9-(2-hidroxiacetil)-7,8,9,10-tetrahidrotetraceno-5,12-diona
inhibidor de la topoisomerasa II del DNA, antineoplásico

C₂₆H₂₅IO₁₁

92689-49-1



nebokitugum #
nebokitug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CCL24 (C-C motif chemokine ligand 24, SCYA24, small inducible cytokine subfamily A (Cys-Cys) member 24, MPIF-2, myeloid progenitor inhibitory factor 2, eotaxin-2)];
H-gamma1 heavy chain (1-450) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV9-3-1*01 (90.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.8%)/*Homo sapiens* IGHV7-4-1*02 (73.2%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (84.6%) 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, CH3 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)], (223-218')-disulfide with L-kappa light chain (1'-218') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV3-4*01 (86.9%) -IGKJ1*01 (91.7%) L124>V (108)/*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (76.2%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [10.3.9] (27'-36'.54'-56'.93'-101'') (1'-111') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (157'), V101 (195'')) (112'-218'')]; dimer (229-229'':232-232'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DG44, glycoform alfa
anti-inflammatory

nébokitug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CCL24 (C-C motif chimiokine ligand 24, SCYA24, membre 24 de la sous-famille A (Cys-Cys) petite cytokine inductrice, MPIF-2, facteur 2 inhibiteur du progéniteur myéloïde, éotaxine-2)];
chaîne lourde H-gamma1 (1-450) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV9-3-1*01 (90.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.8%)/*Homo sapiens* IGHV7-4-1*02 (73.2%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (84.6%) 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, CH3 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)], (223-218')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa (1'-218') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV3-4*01 (86.9%) -IGKJ1*01 (91.7%) L124>V (108)/*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (76.2%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [10.3.9] (27'-36'.54'-56'.93'-101'') (1'-111') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (157'), V101 (195'')) (112'-218'')]; dimère (229-229'':232-232'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DG44, glycoforme alfa
anti-inflammatoire

nebokitug

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CCL24 (C-C motivo de ligando de quimiocina 24, SCYA24, miembro 24 de la subfamilia A (Cys-Cys) pequeño inductor de citoquinas, MPIF-2, factor 2 inhibidor del progenitor mielóide, eotaxina-2)];
cadena pesada H-gamma1 (1-450) [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV9-3-1*01 (90.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.8%)/*Homo sapiens* IGHV7-4-1*02 (73.2%) -(IGHD) -IGHJ5*01 (84.6%) 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, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (217) (121-218), bisagra 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-218')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa (1'-218') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV3-4*01 (86.9%) -IGKJ1*01 (91.7%) L124>V (108)/*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (76.2%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [10.3.9] (27'-36'.54'-56'.93'-101'') (1'-111') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (157'), V101 (195'')) (112'-218'')]; dímero (229-229'':232-232'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DG44, forma glicosilada alfa
antiinflamatorio

2922315-59-9

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QIQLVQSGPE LKKPGASVKV SCRASGYPFT NSGMNWKQA PGKGLKWMGW 50
INTYNGEPTY TDDFKGRFAF SLETSASTAY LQINNLRNED TATYFCASHS 100
YGSSYAMDND GQGTSTVTSS ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAAALGCLVK 150
DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT 200
YICNVNHKPS NTKVDKRVEP KSCDKTHTCP PCPAPELLGG PSVFLFPPKP 250
KDTLMISRTP EVTCVVVDVS HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN 300
STYRVVSVLT VLHQDWLNGK EYCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ 350
VYTLPPSREE MTKNQVSLTC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV 400
LDSGGSFFLY SKLTVDKSRW QQGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPGK 450

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIVLTQSPDS LAVSLGERAT INCKASQSVQ YDGDSYMNWY QQKPGQP PPKL 50
LIYVASNLKS GIPARFSGSG SGTDFTLTIS SLQPEDFATY YCQQSNEEPW 100
TFGGGTQVEI KRTVAAPSVF IFPPSDEQLK SGTASVVCLL NNFYPREAKV 150
QWKVDNALQS GNSQESVTEQ DSKDSTYSLT STLTLKADY EKHKVYACEV 200
THQGLSSPVT KSFNRGEC 218

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 147-203 264-324 370-428
22"-96" 147"-203" 264"-324" 370"-428"
Intra-L (C23-C104) 23"-92" 138"-198"
23"-92"" 138""-198""
Inter-H-L (h 5-CL 126) 223-218' 223"-218"
Inter-H-H (h 11, h 14) 229-229" 232-232"

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

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 300, 300"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados

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

nedemelteonum
nedemelteon

N-{2-[(8S)-2-methyl-7,8-dihydro-6H-indeno[5,4-d][1,3]oxazol-8-yl]ethyl}acetamide
melatonin receptor agonist

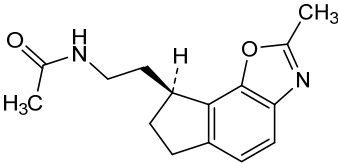
nédémeltéon

N-{2-[(8S)-2-méthyl-7,8-dihydro-6H-indéno[5,4-d][1,3]oxazol-8-yl]éthyl}acétamide
agoniste des récepteurs de la mélatonine

nedemelteón

N-{2-[(8S)-2-metil-7,8-dihidro-6H-indeno[5,4-d][1,3]oxazol-8-il]etil}acetamida
agonista del receptor de melatonina

C₁₅H₁₈N₂O₂ 1000334-38-2



nefonadogenum vonzuparvovecum #

nefonadogene vonzuparvovec recombinant, non-replicating adeno-associated virus serotype 2 (rAAV2) vector, encoding a mitochondrial targeting sequence from the human heme A farnesyltransferase gene (COX10) fused to codon-optimised human mitochondrial NADH dehydrogenase subunit 1 (MT-ND1, NADH1, ND1; also known as NADH-ubiquinone oxidoreductase chain 1), under control of the cytomegalovirus (CMV) immediate early enhancer/promoter and the simian virus 40 (SV40) polyadenylation signal. The 5' untranslated region (UTR) also contains a Macacine herpesvirus 3 chimeric intron, 3' of the CMV enhancer/promoter and the Kozak sequence, and the 3' untranslated region comprises the COX10 3' UTR. The expression cassette is flanked by AAV2 inverted terminal repeats
gene therapy (Leber's hereditary optic neuropathy)

néfonadogène vonzuparvovec vecteur recombinant, non-répliatif, du virus adéno-associé de sérotype 2 (rAAV2) codant une séquence de ciblage mitochondriale du gène de la farnésyltransférase de l'hème A humain (COX10), fusionnée à la sous-unité 1 de la NADH déshydrogénase mitochondriale humaine (MT-ND1, NADH1, ND1; également connue sous le nom de chaîne 1 de la NADH-ubiquinone oxydoréductase), optimisées par codon, sous le contrôle de l'activateur/promoteur précoce immédiat du cytomégalovirus (CMV) et du signal de polyadénylation du virus simien 40 (SV40). La région 5' non traduite (UTR) contient également un intron chimérique du virus de Macacine herpesvirus 3, 3' de l'activateur/promoteur du CMV et de la séquence de Kozak, et la région 3' non traduite comprend le UTR en 3' de COX10. La cassette d'expression est flanquée de répétitions terminales inversées AAV2
thérapie génique (neuropathie optique héréditaire de Leber)

nefonadogén vonzuparvovec vector de virus adenoasociado del serotipo 2, recombinante (rAAV2), no replicativo, que codifica para una secuencia de señalización mitocondrial del gen de hemo A farnesiltransferasa (COX10) humana fusionada, con codones optimizados, a la subunidad 1 de la NADH deshidrogenasa mitocondrial humana (MT-ND1, NADH1, ND1; también conocida como NADH-ubiquinona oxidorreductasa cadena 1), bajo el control del potenciador/promotor inmediato-temprano del citomegalovirus (CMV) y la señal de poliadenilación del virus de simio 40 (SV40). La región no traducida 5' (UTR) también contiene un intrón quimérico del herpesvirus Macacine 3 en posición 3' con respecto al potenciador/promotor de CMV y una secuencia Kozak, y la región no traducida 3' contiene la 3' UTR de COX10. El casete de expresión está flanqueado por las repeticiones terminales invertidas del AAV2
terapia génica (neuropatía óptica hereditaria de Leber)

2779554-99-1

neldaleucelum

neldaleucel

autologous multiple-tumour-associated antigen specific T lymphocytes prepared from peripheral blood mononuclear cells (PBMCs), collected by apheresis. The T lymphocytes are purified by depleting CD56+ cells from the PBMCs, and then pulsed with peptides that are derived from six tumor-associated antigens: preferentially expressed antigen in melanoma (PRAME), Wilms tumor 1 (WT1), New York esophageal 1 (NY-ESO-1), synovial sarcoma X breakpoint 2 (SSX2), melanoma-associated antigen A4 (MAGE-A4) and survivin. The cells are expanded in medium containing recombinant cytokines interleukin 6 (IL-6), 7 (IL-7), 12 (IL-12), and 15 (IL-15). The final cells consist of a mixture of CD4+ and CD8+ T lymphocytes, that include effector memory (CD45RA-CD197-; on average 45%), central memory (CD45RA-CD197+; on average 29%), naïve (CD45RA+CD197+; on average 21%) and terminally-differentiated effector memory (CD45RA+CD197-; on average 5%) T lymphocytes. The cells demonstrate antigen specificity by interferon gamma (IFN-γ) enzyme-linked immunosorbent spot (ELISpot) analysis for all six tumour-associated antigens
cell therapy (antineoplastic)

neldaleucel

lymphocytes T autologues spécifiques des plusieurs antigènes associés à des tumeurs préparés à partir de cellules mononucléées du sang périphérique (CMSP), prélevées par leucaphérèse. Les lymphocytes T sont purifiés par appauvrissement des cellules CD58+ des CMSP, puis pulsés par des peptides dérivés de six antigènes associés aux tumeurs: antigène exprimé préférentiellement dans le mélanome (PRAME), tumeur de Wilms de type 1 (WT1), œsophagien de New York (NY-ESO-1), point de rupture X du sarcome synovial 2 (SSX2), antigène A4 associé au mélanome (MAGE-A4) et survivine. Les cellules sont mises en expansion dans un milieu contenant les cytokines recombinées interleukine 6 (IL-6), 7 (IL-7), 12 (IL-12), et 15 (IL-15). Au final, les cellules sont constituées d'un mélange de lymphocytes T CD4+ et CD8+, qui comprennent des lymphocytes T effecteurs à mémoire (CD45RA-CD197-; en moyenne 45%), de mémoire centrale (CD45RA-CD197+; en moyenne 29%), naïfs (CD45+CD197+; en moyenne 21%), et effecteurs à mémoire, de différenciation terminale (CD45RA+CD197-; en moyenne 5%). Les cellules démontrent leur spécificité antigénique par l'analyse immunoenzymatique (ELISpot) de l'interféron-γ pour les six antigènes associés à la tumeur
thérapie cellulaire (antinéoplasique)

neldaleucel

linfocitos T autólogos específicos de antígenos asociados a múltiples tumores, preparados a partir de células mononucleares de sangre periférica (PBMCs), obtenidas por aféresis. Los linfocitos T se purifican deplecionando las células CD56+ de las PBMCs, y luego se pulsan con péptidos derivados de seis antígenos asociados a tumores: antígeno preferentemente expresado en melanoma (PRAME), tumor de Wilms 1 (WT1), esofágico Nueva York 1 (NY-ESO-1), punto de rotura X de sarcoma sinovial 2 (SSX2), antígeno asociado a melanoma A4 (MAGE-A4) y survivina. Las células se expanden en medio que contiene las citoquinas recombinantes interleuquina 6 (IL-6), 7 (IL-7), 12 (IL-12) y 15 (IL-15). Las células finales consisten en una mezcla de linfocitos T CD4+ y CD8+, que incluyen linfocitos T de memoria efectora (CD45RA-CD197-; de media 45%), memoria central (CD45RA-CD197+; de media 29%), naïve (CD45RA+CD197+; de media 21%) y memoria efectora terminalmente diferenciadas (CD45RA+CD197-; de media 5%). Las células demuestran especificidad para antígenos mediante análisis de interferón gamma (IFN-γ) por un ensayo de puntos de inmunoabsorción ligado a enzima (ELISpot) para todos los seis antígenos asociados a tumor
terapia celular (antineoplásico)

nelitolimodum

nelitolimod

all-P-ambo-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenilyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenilyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenilyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenilyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenilyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenilyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenilyl-(3'→5')-2'-deoxy-P-thioadenilyl-(3'→5')-thymidine
toll-like receptor agonist, antineoplastic

nélitolimod

tout-P-ambo-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioadénylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioadénylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioadénylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioadénylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-P-thiothymidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioadénylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioadénylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-P-thioguanilyl-(3'→5')-thymidine
agoniste des récepteurs de type Toll, antinéoplasique

nelitolimod

todo-P-ambo-P-tiotimidilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tiocitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioadenilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tiocitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioguanilil-(3'→5')-P-tiotimidilil-(3'→5')-P-tiotimidilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tiocitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioadenilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioadenilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tiocitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioguanilil-(3'→5')-P-tiotimidilil-(3'→5')-P-tiotimidilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tiocitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioguanilil-(3'→5')-P-tiotimidilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tiocitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioadinilil-(3'→5')-2'-desoxi-P-tioadinilil-(3'→5')-timidina
agonista del receptor de tipo toll, antineoplásico

1961321-30-1

C₂₉₃H₃₆₉N₁₁₂O₁₄₉P₂₉S₂₉

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

nespecabtagenum autoleucelum #

nespecabtagene autoleucel autologous T lymphocytes obtained from peripheral blood mononuclear cells by leukapheresis, transduced with a self-inactivating, non-replicating lentiviral vector encoding a chimeric antigen receptor (CAR) targeting CD19. The expressed transgene comprises a CD8 α signal peptide, a humanized anti-CD19 single chain variable fragment (scFv) derived from scFv clone 1218, a CD8 α hinge and transmembrane region, and a 4-1BB co-stimulatory domain and CD3 ζ signaling domain, under control of the elongation factor 1 alpha (EF1 α) promoter. The construct is flanked by 5' and 3' long terminal repeats (LTRs), and also contains a ψ packaging signal, a part of the human immunodeficiency virus (HIV) *gag* and *env* genes, a Rev response element (RRE), a central polypurine tract/central termination sequence (cPPT/CTS), a Woodchuck hepatitis virus posttranscriptional regulatory element (WPRE), a qPCR ID tag, and part of the HIV *nef* gene. 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 supplemented with serum replacement and interleukin 2 (IL-2). The cell suspension consists of T lymphocytes ($\geq 94\%$) with greater than 25% of the T lymphocytes expressing the CAR transgene. Cells exhibit anti-tumoral activity in patients with CD19-expressing B cell malignancies
cell-based gene therapy (antineoplastic)

nespécabtagène autoleucel lymphocytes T autologues obtenus par leucaphérèse à partir de cellules mononucléées du sang périphérique (CMSP), transduits avec un vecteur lentiviral auto-inactivant et non réplcatif, codant un récepteur antigénique chimérique (CAR) ciblant le CD19. Le transgène exprimé comprend un peptide signal CD8 α , un fragment variable humanisée anti-CD19 à chaîne unique (scFv) dérivé du clone scFv 1218, une région charnière et transmembranaire CD8 α , un domaine co-stimulant 4-1BB et un domaine de signalisation CD3 ζ , sous contrôle du promoteur du facteur d'élongation-1 alpha (EF-1 α). La construction est flanquée, en 5' et 3', de répétitions terminales longues (LTR) et contient également un signal d'encapsidation ψ , une partie des gènes *gag* et *env* du virus de l'immunodéficience humaine (VIH), un élément de réponse Rev (RRE), une séquence centrale du tractus polypurine (cPPT)/centrale de terminaison (CTS), et un élément régulateur posttranscriptionnel du virus de l'hépatite de la marmotte (WPRE), une étiquette d'identification qPCR et une partie du gène *nef* du VIH. 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 les antagonistes CD3 et CD28, et transduit avec le vecteur lentiviral. Les cellules sont ensuite mises en expansion dans un milieu supplémenté avec un sérum de substitution, et de l'interleukine-2 (IL-2). La suspension cellulaire est constituée de lymphocytes T ($\geq 94\%$), avec plus de 25% de lymphocytes T exprimant le CAR transgène. Les cellules présentent une activité antitumorale chez les patients atteints de tumeurs malignes à lymphocytes B exprimant le CD19
thérapie génique à base de cellules (antineoplasique)

nespecabtagén autoleucel linfocitos T autólogos obtenidos de células mononucleares de sangre periférica por leucoaféresis, transducidos con un vector lentiviral auto inactivante, no replicativo, que codifica para un receptor de antígenos quimérico (CAR) dirigido a CD19. El transgén expresado consta de un péptido señal de CD8 α , un fragmento variable de cadena sencilla (scFv) humanizado anti-CD19 derivado del clon scFv 1218, una región bisagra y transmembrana de CD8 α , un dominio coestimulador de 4-1BB y un dominio de señalización de CD3 ζ , bajo el control del promotor del factor de elongación 1 alfa (EF-1 α). El constructo está flanqueado por repeticiones terminales largas (LTRs) en 5' y 3' y también contiene una señal de empaquetamiento Ψ , una parte de los genes *gag* y *env* del virus de la inmunodeficiencia humana (VIH), un elemento de respuesta Rev (RRE), una secuencia de tracto de poli-purina/terminación central (cPPT/CTS), un elemento regulador post-transcripcional del virus de la hepatitis de la marmota (WPRE), una etiqueta qPCR ID y parte del gen *nef* del VIH. El vector está pseudotipado con la glicoproteína G del virus de la estomatitis vesicular (VSV).

El material de leucoaféresis se enriquece en 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 suplementado con sustituto de suero e interleuquina 2 (IL-2). La suspensión celular consiste en linfocitos T ($\geq 94\%$) con más del 25% de los linfocitos T que expresan el transgén del CAR. Las células muestran actividad anti-tumoral en pacientes con neoplasias de linfocitos B que expresan CD19

terapia génica basada en células (antineoplásico)

nispomebenum

nispomeben

N-[(2*S*)-1-(4-hydroxyphenyl)-3-[(2*S*)-2-hydroxypropoxy]propan-2-yl]-3-phenylpropanamide
non-opioid analgesic

nispomében

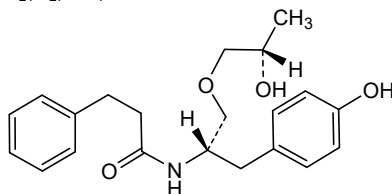
N-[(2*S*)-1-(4-hydroxyphényl)-3-[(2*S*)-2-hydroxypropoxy]propan-2-yl]-3-phénylpropanamide
analgésique non opioïde

nispomebén

3-fenil-*N*-[(2*S*)-1-(4-hidroxifenil)-3-[(2*S*)-2-hidroxipropoxil]propan-2-il]propanamida
analgésico no-opioide

C₂₁H₂₇NO₄

1443133-41-2

**nivegaceturum**

nivegacetur

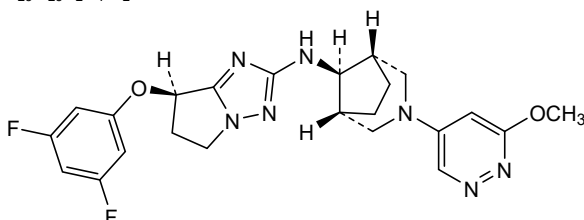
(7*R*)-7-(3,5-difluorophenoxy)-*N*-[(1*R*,5*S*,8*S*)-3-(6-methoxypyridazin-4-yl)-3-azabicyclo[3.2.1]octan-8-yl]-6,7-dihydro-5*H*-pyrrolo[1,2-*b*][1,2,4]triazol-2-amine
gamma secretase modulator

nivégacétor (7*R*)-7-(3,5-difluorophénoxy)-*N*-[(1*R*,5*S*,8*S*)-3-(6-méthoxypyridazin-4-yl)-3-azabicyclo[3.2.1]octan-8-yl]-6,7-dihydro-5*H*-pyrrolo[1,2-*b*][1,2,4]triazol-2-amine
modulateur de la sécrétase gamma

nivegaceter (7*R*)-7-(3,5-difluorofenoxi)-*N*-[(1*R*,5*S*,8*S*)-3-(6-metoxipiridazin-4-il)-3-azabicyclo[3.2.1]octan-8-il]-6,7-dihidro-5*H*-pirrolo[1,2-*b*][1,2,4]triazol-2-amina
modulador de la secretasa gamma

C₂₃H₂₅F₂N₇O₂

2443487-67-8



nivisnebartum #
nivisnebart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* SORT1 (sortilin 1, Gp95, NT3)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-459) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (94.1%), CDR-IMGT [8.8.22] (26-33.51-58.97-118)) (1-129) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v40 CH2 A1.3, A1.2, S116 (CH1 K120 (226) (130-227), hinge 1-15 (228-242), CH2 L1.3>A (246), L1.2>A (247), P116>S (343) (243-352), CH3 D12 (368), L14 (370) (353-457), CHS (458-459)) (130-459)], (232-214')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (100%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214'')]; dimer (238-238'':241-241'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa
anti-sortilin (SORT1), neurodegenerative diseases

nivisnebart immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* SORT1 (sortiline 1, Gp95, NT3)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;
chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens* (1-459) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (94.1%), CDR-IMGT [8.8.22] (26-33.51-58.97-118)) (1-129) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v40 CH2 A1.3, A1.2, S116 (CH1 K120 (226) (130-227), charnière 1-15 (228-242), CH2 L1.3>A (246), L1.2>A (247), P116>S (343) (243-352), CH3 D12 (368), L14 (370) (353-457), CHS (458-459)) (130-459)], (232-214')- disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (100%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214'')]; dimère (238-238'':241-241'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa
anti-sortiline (SORT1), maladies neurodégénératives

nivisnebart

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* SORT1 (sortilina 1, Gp95, NT3)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*; cadena pesada H-gamma1 *Homo sapiens* (1-459) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (96.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (94.1%), CDR-IMGT [8.8.22] (26-33.51-58.97-118)) (1-129) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v40 CH2 A1.3, A1.2, S116 (CH1 K120 (226) (130-227), bisagra 1-15 (228-242), CH2 L1.3>A (246), L1.2>A (247), P116>S (343) (243-352), CH3 D12 (368), L14 (370) (353-457), CHS (458-459)) (130-459)], (232-214')- disulfuro con la cadena ligera L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (100%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dímero (238-238":241-241")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa *antisortilin* (SORT-1), *enfermedades neurodegenerativas*

2923556-87-8

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT KYYMSWRQA PGQGLEWMGI 50
INPIGGSTSY AQKFQGRVTM TRDTSTSTVY MELSSLRSRD TAVYYCARDP 100
SGIALAGPAS RGYQGMDEVWG QGTTVTVSSA STKGPSVFPPL APSSKSTSGG 150
TAALGCLVKD YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFPAVLQSSG LYSLSVVTV 200
PSSSLGTQTY ICNVNHKPSN TKVDKKEVEK SCDKTHTCPP CPAPEAAGGP 250
SVFLFPPKPK DTLMIKSTPE VTCVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNK 300
TKPREEQYNS TYRVVSVLTW LHQDWLNGKE YKQVSNKAL PASIEKTIK 350
AKGQPREPQV YTLPPSRDEL TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE 400
NNYKTTPPVL DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSCSVN HEALHNHYTQ 450
KSLSLSPGK 459

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
EIVMTQSPAT LSVSPGERAT LSCRASQSVS SNLAWYQQKP GQAPRLLIYG 50
ASTRATGIPA RFSGSGSGTE FTLTISSLQS EDFAVYICQQ ARLGPWTFGG 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIIPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22'-96" 156'-212" 273'-333" 379'-437"
22'-96" 156'-212" 273'-333" 379'-437"
Intra-L (C23-C104) 23'-88" 134'-194"
23'-88" 134'-194"
Inter-H-L (h 5-CL 126) 232'-214' 232'-214"
Inter-H-H (h 11, h 14) 238'-238" 241'-241"

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-oxoprolylo)
H VH Q1: 1, 1"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 309, 309"
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: 459, 459"

nuvustotugum #

nuvustotug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF4 (tumor necrosis factor receptor (TNFR) superfamily member 4, OX40, CD134)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;

H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-452) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*01 (99.0%) -(IGHD) -IGHJ3*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) -*Homo sapiens*IGHG1*03v (100%) G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (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 L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-12*01 (100%) -IGKJ4*01 (91.7%) V124>L (104'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimer (231-231":234-234")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DG44, glycoform alfa
immunostimulant, antineoplastic

nuvustotug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF4 (membre 4 de la superfamille des récepteurs des facteurs de nécrose tumorale (TNFR), OX40, CD134)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;

chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens* (1-452) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*01 (99.0%) -(IGHD) -IGHJ3*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) -*Homo sapiens*IGHG1*03v (100%) G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (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 L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-12*01 (100%) -IGKJ4*01 (91.7%) V124>L (104'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimère (231-231":234-234")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DG44, glycoforme alfa
immunostimulant, antinéoplasique

nuvustotug

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF4 (miembro 4 de la superfamilia de los receptores de los factores de necrosis tumoral (TNFR), OX40, CD134)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*;

cadena pesada H-gamma1 *Homo sapiens* (1-452) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*01 (99.0%) -(IGHD) -IGHJ3*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) -*Homo sapiens*IGHG1*03v (100%) G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (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 L-kappa *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-12*01 (100%) -IGKJ4*01 (91.7%) V124>L (104'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dímero (231-231":234-234")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DG44, forma glicosilada alfa
inmunostimulante, antineoplásico

2916519-49-6

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS SYAMSWVRQA PGKGLEWVSA 50
ISGSGGSTYY ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARDL 100
SSSWYLDADF IWGQGTMTVT SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL 150
VKDYFPPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ SSGLYSLSSV VTPSSSLGT 200
QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSCDKTHT CPPCPAPELL GGPSVFLFPP 250
KPKDTLMISR TPEVTCVVVD VSHEDPEVKF NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ 300
YNSTYRVVSV LTVLHQDWLN GKEYKCKVSN KALPAPIEKT ISKAKGPQRE 350
PQVYTLPPSR EEMTKNQVSL TCLVKGFYPS DIAVEWESNG QPENNYKTTT 400
PVLDSGGSFF LYSKLTVDKS RWQQGNVFSC SVMHEALHNN YTQKSLSLSP 450
GK 452

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIQMTQSPSS VSASVGDRTV ITCRASQGIS SWLAWYQQKP GKAPKLLIYA 50
ASSLQSGVPS RFSGSGSGTD FTLTISSLQP EDFATYYCQQ ANSFPLTFGG 100
GTKLEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEC 214

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

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

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

ocadusertibum
ocadusertib

5-benzyl-*N*-[(3*S*)-7-(3-hydroxy-3-methylbut-1-yn-1-yl)-5-methyl-4-oxo-2,3,4,5-tetrahydro-1,5-benzoxazepin-3-yl]-1*H*-1,2,4-triazole-3-carboxamide
serine/threonine kinase inhibitor

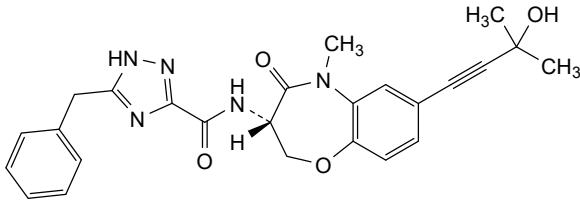
ocadusertib

5-benzyl-*N*-[(3*S*)-7-(3-hydroxy-3-méthylbut-1-yn-1-yl)-5-méthyl-4-oxo-2,3,4,5-tétrahydro-1,5-benzoxazépin-3-yl]-1*H*-1,2,4-triazole-3-carboxamide
inhibiteur de sérine/thréonine kinases

ocadusertib

5-bencil-*N*-[(3*S*)-7-(3-hidroxi-3-metilbut-1-in-1-il)-5-metil-4-oxo-2,3,4,5-tetrahidro-1,5-benzoxazepin-3-il]-1*H*-1,2,4-triazol-5-carboxamida
inhibidor de la serina/treonina kinasa

C₂₅H₂₅N₅O₄ 2382811-41-6



olomorasibum

olomorasib

(4*M*)-2-amino-4-[(4*aS*)-8-chloro-10-fluoro-12-oxo-3-(prop-2-enoyl)-2,3,4,4*a*,5,6-hexahydro-1*H*,12*H*-pyrazino[2,1-*d*][1,5]benzoxazocin-9-yl]-7-fluoro-1-benzothiophene-3-carbonitrile
Kirsten rat sarcoma viral oncogene homolog (KRAS) inhibitor, antineoplastic

olomorasib

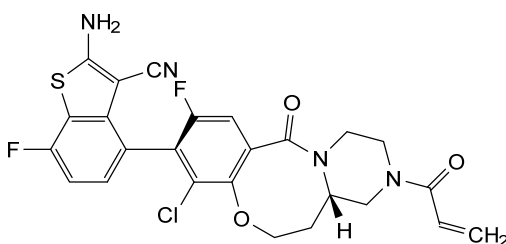
(4*M*)-2-amino-4-[(4*aS*)-8-chloro-10-fluoro-12-oxo-3-(prop-2-énoyl)-2,3,4,4*a*,5,6-hexahydro-1*H*,12*H*-pyrazino[2,1-*d*][1,5]benzoxazocin-9-yl]-7-fluoro-1-benzothiophène-3-carbonitrile
inhibiteur de l'homologue de l'oncogène viral du sarcome du rat de Kirsten (KRAS), antinéoplasique

olomorasib

(4*M*)-2-amino-4-[(4*aS*)-8-cloro-10-fluoro-12-oxo-3-(prop-2-enoi)-2,3,4,4*a*,5,6-hexahidro-1*H*,12*H*-pirazino[2,1-*d*][1,5]benzoxazocin-9-il]-7-fluoro-1-benzotiofeno-3-carbonitrilo
inhibidor del homólogo del oncogén vírico del sarcoma de rata Kirsten (KRAS), antineoplásico

C₂₅H₁₉ClF₂N₄O₃S

2771246-13-8

**omectatugum #**

omectatug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudin 18, claudin-18, surfactant associated protein J, SFTPJ) isoform 2], humanized monoclonal antibody;
 H-gamma1 heavy chain humanized (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-8*01 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (85.7%) G119>D (109), 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)], (221-220')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (88.1%) -IGKJ2*01 (91.7%) I126>R (112), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220'')]; dimer (227-227'':230-230'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene and alpha-(1,6)-fucosyltransferase (FUT8-KO) gene, glycoform alfa
antineoplastic

omectatug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudine 18, claudine-18, protéine J associée au surfactant, SFTPJ) isoforme 2], anticorps monoclonal humanisé;
 chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-8*01 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (85.7%) G119>D (109), 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

orenasitecanum

orenasitecan

(4S)-4,11-diethyl-3,14-dioxo-3,4,12,14-tetrahydro-1H-pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinolin-4-yl N-{1-[4-{{{(1R)-2-carboxy-1-(3-{3-[(propylcarbamoyl)amino]benzene-1-sulfonamido}phenyl)ethyl]carbamoyl}amino)anilino]-1-oxo-5,8,11-trioxa-2-azatetradecan-14-oyl}-L-α-aspartyl-L-prolyl-L-valinate
antineoplastic

orenasitécan

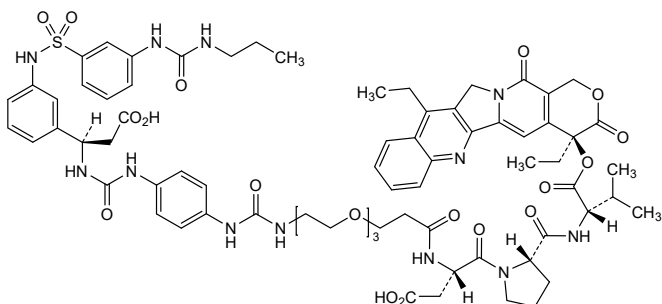
N-{1-[4-{{{(1R)-2-carboxy-1-(3-{3-[(propylcarbamoyl)amino]benzène-1-sulfonamido}phényl)éthyl]carbamoyl}amino)anilino]-1-oxo-5,8,11-trioxa-2-azatétradécan-14-oyl}-L-α-aspartyl-L-prolyl-L-valinate de (4S)-4,11-diéthyl-3,14-dioxo-3,4,12,14-tétrahydro-1H-pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinoléin-4-yle
antineoplasique

orenasitecán

N-{1-[4-{{{(1R)-2-carboxi-1-(3-{3-[(propilcarbamoi]amino)benceno-1-sulfonamido}fenil)etil]carbamoi]amino)anilino]-1-oxo-5,8,11-trioxa-2-azatetradecan-14-oil}-L-α-aspartil-L-prolil-L-valinato de (4S)-4,11-dietil-3,14-dioxo-3,4,12,14-tetrahydro-1H-pirano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinolin-4-ilo
antineoplásico

C₇₂H₈₆N₁₂O₂₀S

2418533-89-6

**osiramestrocelum**

osiramestrocel

allogeneic mesenchymal stromal cells (MSC) derived from umbilical cord blood and culture-expanded from a working cell bank (WCB). The initial cells are separated from the cord blood and cultured in complete media with fetal bovine serum to create the master cell bank and then working cell bank from which the cells are further sub-cultured in media containing fibroblast growth factor (FGF), insulin-like growth factor-1 (IGF-1), epidermal growth factor (EGF), vascular endothelial growth factor (VEGF), hydrocortisone and a lengthened analogue of insulin-like growth factor 1 (IGF-1 Long R3). The MSC cells can differentiate into osteoblasts, chondrocytes, and adipocytes, and have the capability to differentiate into various other cell types. The MSCs express multipotent stromal cell markers CD44, CD73 and CD105 (≥90%), and low levels (≤10%) of CD11b, CD34, CD45, CD19 and HLA-DR and secrete transforming growth factor beta-1 (TGF-β1) (≥1400 pg/ml)
cell therapy

osiramestrocel

cellules stromales mésenchymateuses (CSM) allogéniques, dérivées du sang de cordon ombilical, qui sont cultivées à partir d'une banque de cellules de travail (WCB). Les cellules initiales

sont séparées du sang de cordon, puis cultivées en milieu complet avec du sérum bovin fœtal, pour créer la banque de cellules maîtresses, puis la banque de cellules de travail à partir de laquelle les cellules sont ensuite cultivées en milieu contenant le facteur de croissance des fibroblastes (FGF), le facteur de croissance 1 ressemblant à l'insuline (IGF-1), le facteur de croissance épidermique (EGF), le facteur de croissance endothéliale vasculaire (VEGF), de l'hydrocortisone, et un analogue allongé du facteur de croissance ressemblant à l'insuline 1 (IGF-1 Long R3). Les cellules stromales mésenchymateuses allogéniques peuvent se différencier en ostéoclastes, en chondrocytes, en adipocytes, et ont la capacité de se différencier en divers autres types de cellules. Les CSM expriment les marqueurs cellulaires stromaux multipotents CD44, CD73 et CD105 ($\geq 90\%$) et de faibles taux ($\leq 10\%$) de CD11b, CD34, CD45, CD19, et HLA-DR, et sécrètent le facteur de croissance transformant bêta-1 (TGF- β 1) (≥ 1400 pg/ml)

thérapie cellulaire

osiramestrocel

células estromales mesenquimales (CEM) alogénicas derivadas de sangre de cordón umbilical y expandidas en cultivo a partir de un banco de células de trabajo (WCB). Las células iniciales se separan de la sangre de cordón y se cultivan en medio completo con suero de ternera fetal para crear un banco de células maestro y posteriormente un banco de células de trabajo a partir del cual, las células se subcultivan en medio que contiene factor de crecimiento de fibroblastos (FGF), factor de crecimiento similar a la insulina 1 (IGF-1), factor de crecimiento epidérmico (EGF), factor de crecimiento del endotelio vascular (VEGF), hidrocortisona y un análogo alargado del factor de crecimiento similar a la insulina 1 (IGF-1 Long R3). Las MSC pueden diferenciarse a osteoblastos, condrocitos y adipocitos, y tienen la capacidad de diferenciarse a otros varios tipos celulares. Las CEM expresan los marcadores de células estromales multipotentes CD44, CD73 y CD105 ($\geq 90\%$), y niveles bajos ($\leq 10\%$) de CD11b, CD34, CD45, CD19 y HLA-DR y secretan factor de crecimiento transformante beta 1 (TGF- β 1) (≥ 1400 pg/ml)

terapia celular

otekinogenum vusaplasmidum #

otekinogene vusaplasmid

DNA plasmid encoding human interleukin 12 (IL-12), a heterodimeric cytokine encoded by two separate genes, IL-12A (p35) and IL-12B (p40). Each gene is under control of a human cytomegalovirus (CMV) immediate early enhancer/chicken β -actin promoter and terminated by a human growth hormone polyadenylation sequence. The plasmid also contains a *kanamycin* resistance gene and a pUC origin of replication

gene therapy (antineoplastic)

otékinogène vusaplasvide

plasmide d'ADN codant l'interleukine 12 humaine (IL-12), une cytokine hétérodimérique codée par deux gènes distincts, IL-12A (p35) et IL-12B (p40). Chaque gène est sous le contrôle d'un amplificateur immédiat et précoce du cytomégalovirus (CMV) humain/promoteur de la β -actine de poulet et terminé par une séquence de polyadénylation de l'hormone de croissance humaine. Le plasmide contient également un gène de résistance à la *kanamycine* et une origine de réplication pUC

thérapie génique (antineoplasique)

otekinogén vusaplásmido

plásmido de ADN que codifica para la interleuquina 12 (IL-12) humana, una citoquina heterodimérica codificada por dos genes separados, IL-12A (p35) e IL-12B (p40). Cada gen está bajo el control de un potenciador inmediato temprano del citomegalovirus (CMV) humano/promotor de la β -actina de pollo y terminado por una secuencia de poliadenilación de la hormona de crecimiento humana. El plásmido también contiene un gen de resistencia a *kanamicina* y un origen de replicación pUC
terapia génica (antineoplásico)

2864332-12-5

oveporextonum

oveporexton

N-{[(2*S*,3*R*)-4,4-difluoro-1-(2-hidroxy-2-metilpropanoil)-2-[(2,3',5'-trifluoro-[1,1'-bifenil]-3-yl)métill]pirrolidin-3-yl)etane-1-sulfonamida
orexin type 2 receptor agonist

ovéporexton

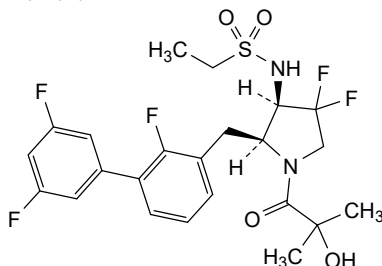
N-{[(2*S*,3*R*)-4,4-difluoro-1-(2-hidroxy-2-méthylpropanoil)-2-[(2,3',5'-trifluoro-[1,1'-biphényl]-3-yl)méthill]pyrrolidin-3-yl)éthane-1-sulfonamida
agoniste des récepteurs de l'orexine de type 2

oveporextón

N-{[(2*S*,3*R*)-4,4-difluoro-1-(2-hidroxi-2-metilpropanoil)-2-[(2,3',5'-trifluoro[1,1'-bifenil]-3-il)metil]pirrolidin-3-il)etano-1-sulfonamida
agonista del receptor orexina de tipo 2

C₂₃H₂₅F₅N₂O₄S

2460722-04-5



pamlectabartum

pamlectabart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF17 (tumor necrosis factor (TNF) receptor superfamily member 17, B cell maturation antigen, BCMA, TNFRSF13A, CD269)], humanized monoclonal antibody;

H-gamma1 heavy chain humanized (1-450) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-74*01 (84.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), 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, G1v76 CH2 C27 (CH1 R120>K (217) (121-218), hinge 1-15 (219-233), CH2 D27>C (268) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-214')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3-15*01 (90.5%) -IGKJ2*01 (81.8%) Q120>A (100'), I126>L (106'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'') (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191'') (108'-214'')]; dimer (229-229'':232-232'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
antineoplastica

pamlectabart

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF17 (membre 17 de la superfamille des récepteurs du facteur de nécrose tumorale

	(TNF), antigène de maturation de cellule B, BCMA, TNFRSF13A, CD269)], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-450) [VH (<i>Homo sapiens</i>IGHV3-74*01 (84.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -<i>Homo sapiens</i>IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, G1v76 CH2 C27 (CH1 R120>K (217) (121-218), charnière 1-15 (219-233), CH2 D27>C (268) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i>IGKV3-15*01 (90.5%) -IGKJ2*01 (81.8%) Q120>A (100'), 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, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimère (229-229'':232-232'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa <i>antineoplasique</i>
pamlectabart	inmunoglobulina G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> TNFRSF17 (miembro 17 de la superfamilia de los receptores del factor de necrosis tumoral (TNF), antígeno de maduración de células B, BCMA, TNFRSF13A, CD269)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-450) [VH (<i>Homo sapiens</i>IGHV3-74*01 (84.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -<i>Homo sapiens</i>IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, G1v76 CH2 C27 (CH1 R120>K (217) (121-218), bisagra 1-15 (219-233), CH2 D27>C (268) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i>IGKV3-15*01 (90.5%) -IGKJ2*01 (81.8%) Q120>A (100'), 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, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dímero (229-229'':232-232'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa <i>antineoplasico</i>
	Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS RYWISWVRQA PGKGLVWVGE 50 INPSSSTINY APSLKDKFTI SRDNAKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCASLY 100 YDYGDAYDYW GQGTLTVTSS ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTALGCLGVK 150 DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT 200 YICNVNHKPS NTKVDKKVEP KSCDKTHTCP PCPAPPELLGG PSVFLFPPPK 250 KDTLMTISRTF EVTCVVVCSV HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN 300 STYRVVSVLT VLHQDWLNGK EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ 350 VYTLPPSREE MTKNQVSLTC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV 400 LDSDGSFFLY SKLTVDKSRW QQGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPGK 450 Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera EIVMTQSPAT LSVSPGERAT LSCASQSVE SNVAWYQKPK GQAPRALIYS 50 ASLRFSGIPA RFSGSGSGTE FTLTISSLQS EDFAVYYCQQ YNNYPLTFGA 100 GTKLELKRTV AAPSVFIIPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV 150 DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYEEKK VYACEVTHQG 200 LSSPVTKSFN RGEC 214 Post-translational modifications Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro Intra-H (C23-C104) 22-96 147-203 264-324 370-428 22"-96" 147"-203" 264"-324" 370"-428" Intra-L (C23-C104) 23'-88' 134'-194' 23'''-88''' 134'''-194''' Inter-H-L (h 5-CL 126) 223-214' 223"-214''' Inter-H-H (h 11, h 14) 229-229" 232-232" N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación H CH2 N84.4: 300, 300" Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal H CHS K2: 450, 450"

pamlectabartum tismanitinum #

pamlectabart tismanitin

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF17 (tumor necrosis factor (TNF) receptor superfamily member 17, B cell maturation antigen, BCMA, TNFRSF13A, CD269)], humanized monoclonal antibody, conjugated at cysteine residues 268 and 268" with *tismanitin*, comprising a cleavable linker and a synthetic α -*amanitin* derivative;

H-gamma1 heavy chain humanized (1-450) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-74*01 (84.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), 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, G1v76 CH2 C27 (CH1 R120>K (217) (121-218), hinge 1-15 (219-233), CH2 D27>C (268) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-214')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3-15*01 (90.5%) -IGKJ2*01 (81.8%) Q120>A (100'), I126>L (106') , CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimer (229-229":232-232")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa; substituted at the sulfur atoms of cysteine residues 268 and 268" with group 1-(3-[[[(2S)-3-methyl-1-oxo-1-[[[(2S)-1-oxo-1-{4-[[[(1,8-anhydro:C^{2,4},S^{3,8}cyclo[L- α -aspartyl-(4R)-4-hydroxy-L-prolyl-(4R)-4,5-dihydroxy-L-isoleucyl-L-tryptophylglycyl-L-isoleucylglycyl-L-cystein]-C^{4,1}-yl]amino)methyl]anilino}propan-2-yl]amino}butan-2-yl]amino}-3-oxopropyl)-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (*tismanitin*) antineoplastic

pamlectabart tismanitine

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF17 (membre 17 de la superfamille des récepteurs du facteur de nécrose tumorale (TNF), antigène de maturation de cellule B, BCMA, TNFRSF13A, CD269)], anticorps monoclonal humanisé, anticorps monoclonal humanisé, conjugué par résidus cystéines 268 et 268" au *tismanitin*, comprenant un linker clivable et un dérivé de l' α -*amanitine*;

chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-450) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-74*01 (84.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), 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, G1v76 CH2 C27 (CH1 R120>K (217) (121-218), charnière 1-15 (219-233), CH2 D27>C (268) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-214')-disulfure avec la chaîne légère

pamlectabart tismanitina

L-kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (90.5%) -IGKJ2*01 (81.8%) Q120>A (100'), I126>L (106') , CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimère (229-229":232-232")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa; substitué sur un atome de soufre des résidus L-cystéines 268 et 268" avec un groupement 1-(3-[[[(2S)-3-méthyl-1-oxo-1-[[[(2S)-1-oxo-1-{4-[[[(1,8-anhydro:C^{2,4}, S^{3,8}-cyclo[L-α-aspartyl-(4R)-4-hydroxy-L-prolyl-(4R)-4,5-dihydroxy-L-isoleucyl-L-tryptophylglycyl-L-isoleucylglycyl-L-cystéin]-C^{4,1}-yl]amino)méthyl]anilino]propan-2-yl]amino]butan-2-yl]amino]-3-oxopropyl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (*tismanitine*) antinéoplasique

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF17 (miembro 17 de la superfamilia de los receptores del factor de necrosis tumoral (TNF), antígeno de maduración de células B, BCMA, TNFRSF13A, CD269)], anticuerpo monoclonal humanizado, anticuerpo monoclonal humanizado, conjugado en residuos de cisteínas 268 y 268" con *tismanitin*, que comprende un enlace escindible y un derivado de la α-*amanitina*; cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-74*01 (84.5%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), 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, G1v76 CH2 C27 (CH1 R120>K (217) (121-218), bisagra 1-15 (219-233), CH2 D27>C (268) (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-15*01 (90.5%) -IGKJ2*01 (81.8%) Q120>A (100'), I126>L (106') , CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dímero (229-229":232-232")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa; sustituido en un átomo de azufre de los residuos L-cisteínas 268 y 268" con un grupo 1-(3-[[[(2S)-3-metil-1-oxo-1-[[[(2S)-1-oxo-1-{4-[[[(1,8-anhidro:C^{2,4}, S^{3,8}-ciclo[L-α-aspartil-(4R)-4-hidroxi-L-prolil-(4R)-4,5-dihidroxi-L-isoleucil-L-triptofilglicil-L-isoleucilglicil-L-cistein]-C^{4,1}-il]amino)metil]anilino]propan-2-il]amino]butan-2-il]amino]-3-oxopropil]-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo (*tismanitina*) antineoplásico

2925692-67-5

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada		
EVQLVESGGG	LVQPGGSLRL	SCAASGFTFS
INPSSSTINY	APSLKDKFTI	SRDNAKNTLY
YDYGDAYDYW	GQGTLVTVSS	ASTKGPSVFP
DYFPEPVTVS	WNSGALTSGV	HTFPAPVLQSS
YICNVNHKPS	NTKVDKKVEP	KSCDKTHTCP
KDTLMISRTP	EVTGVVVCVS	HEDPEVKFNW
STYRVSVSLT	VLHQDWLNGK	EYKCKVSNKA
LYTLPPSREE	MTKNQVSLTC	LVKGFYPSDI
LDSDGSFFLY	SKLTVDKSRW	QQGNVFSCSV
		MHEALHNHYT
		QKSLSLSPGK
		450
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera		
EIVMTQSPAT	LSVSPGERAT	LSCKASQSV
ASLRFSGIPA	RFGSGSGSTE	FTLTISLSQS
GTKLELKRTV	AAPSVFIFPP	SDEQLKSGTA
DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD	STYLSLSTLT
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"

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

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

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

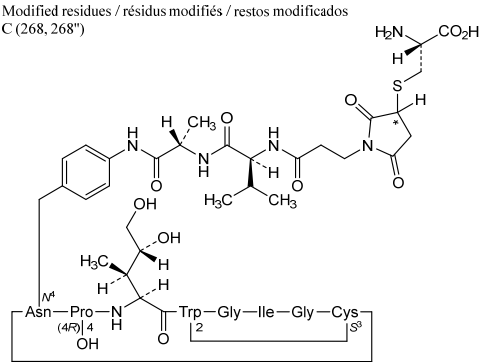
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación

H CH2 N84.4: 300, 300"

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

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

H CHS K2: 450, 450"



pangumestrocelum
pangumestrocel

allogeneic mesenchymal stromal cells (MSC) derived from human embryonic stem cells (hESCs). The hESCs are enzymatically dissociated into small clumps with dispase and cultured to form embryoid bodies (EBs) in media supplemented with serum replacement and basic fibroblast growth factor (bFGF). The harvested EBs are subsequently differentiated into mesenchymal stromal cells on flasks coated with vitronectin in medium containing serum replacement, bFGF and transforming growth factor beta-3 (TGF-β3) and then further culture-expanded in the same medium. The final cells express CD73, CD90, and

CD105 (>95%) and are negative for CD34, CD45, CD11b, CD19 and HLA-DR (<2%). The cells secrete high levels of the immunomodulator indoleamine 2,3-dioxygenase 1 (IDO-1) after stimulation with inflammatory factors and can differentiate into osteoblasts, adipocytes and chondroblasts under standard *in vitro* tissue culture-differentiating conditions
cell therapy (anti-inflammatory)

pangumestrocel

cellules stromales mésenchymateuses (CSM) dérivées de cellules souches embryonnaires humaines (CSEh). Ces CSEh sont dissociées enzymatiquement par une protéase (dispase) en petits amas, puis cultivées pour former des corps embryoides (CE) dans des milieux supplémentés par du sérum de substitution et du facteur de croissance de type 2 des fibroblastes (FGF2). Les CE récoltés sont ensuite différenciés en cellules stromales mésenchymateuses dans des flacons enduits intérieurement de vitronectine, dans un sérum de substitution, du FGF2 et du facteur de croissance transformant bêta-3 (TGF-β3), puis mis à nouveau en culture dans le même milieu. Au final, les cellules expriment CD73, CD90 et CD 105 (>95%) et sont négatives pour CD34, CD45, CD11b, CD19 et HLA-DR (<2%). Ces cellules sécrètent des taux élevés de l'immunomodulateur, l'indoléamine-2,3-dioxygénase de type 1 (IDO-1) après une stimulation par des facteurs inflammatoires et peuvent se différencier en ostéoblastes, adipocytes et chondroblastes, dans des conditions standard de différenciation, en culture tissulaire *in vitro*
thérapie cellulaire (anti-inflammatoire)

pangumestrocel

células estromales mesenquimales (CEM) alogénicas derivadas de células madre embrionarias humanas (CMEh). Las CMEhs se disocian enzimáticamente en pequeños grumos con dispasa y se cultivan hasta formar cuerpos embríodes (EBs) en medio suplementado con sustituto de suero y factor de crecimiento de fibroblastos básico (bFGF). Los EBs cosechados se diferencian a células estromales mesenquimales en frascos forrados con vitronectina en medio que contiene sustituto de suero, bFGF y factor de crecimiento transformante beta 3 (TGF-β3) y luego se expanden en cultivo en el mismo medio. Las células finales expresan CD73, CD90 y CD105 (>95%) y son negativas para CD34, CD45, CD11b, CD19 y HLA-DR (<2%). Las células secretan altos niveles del inmunomodulador indoleamina 2,3-dioxigenasa 1 (IDO-1) después de la estimulación con factores inflamatorios y se pueden diferenciar a osteoblastos, adipocitos y condroblastos bajo condiciones de diferenciación en cultivo *in vitro* estándar
terapia celular (antiinflamatorio)

pasemnogenum gleparvovecum #

pasemnogene gleparvovec

recombinant non-replicating adeno-associated virus serotype 9 (AAV9) vector, encoding a codon-optimised human survival of motor neuron 1 (SMN1) gene, under control of the cytomegalovirus (CMV) enhancer/promoter and terminated by a human growth hormone polyadenylation signal, flanked by AAV2 inverted terminal repeats. A human beta-globin intron has been inserted between the promoter and the SMN1 coding region. The virus vector also contains mutations in the viral capsid protein VP1 (F422W and Y446F)
gene therapy (spinal muscular atrophy)

pasemnogène gléparovec

vecteur recombinant non réplicatif du virus adéno-associé de sérotype 9 (AAV9), comprenant le gène codant la protéine de survie du motoneurone 1 humain (SMN1), optimisé par codon, sous contrôle de l'activateur/promoteur du cytomégalovirus (CMV) et se terminant par un signal de polyadénylation de l'hormone de croissance humaine, flanqué de répétitions terminales inversées de l'AAV2. Un intron de bêta-globine humaine a été inséré entre le promoteur et la région codante du SMN1. Le vecteur viral comprend également des mutations dans la protéine virale de la capside VP1 (F422W et Y446F)
thérapie génique (amyotrophie spinale)

pasemnogén gleparovec

vector de virus adenoasociado del serotipo 9 (AAV9), recombinante, no replicativo, que codifica, con codones optimizados, el gen de supervivencia de la neurona motora 1 (SMN1) humano, bajo el control del potenciador/promotor del citomegalovirus (CMV) y terminado por una señal de poliadenilación de la hormona de crecimiento humana, flanqueado por las repeticiones terminales invertidas del AAV2. Se ha insertado un intrón de la beta-globina humana entre el promotor y la región codificante de SMN1. El vector viral también contiene una mutación en la proteína de la cápsida VP1 (F422W and Y446F)
terapia génica (atrofia muscular espinal)

2913126-89-1

pasritamigum #
pasritamig

immunoglobulin (H-gamma1_L-kappa)_scFvkh-G1(h-CH2-CH3), anti-[*Homo sapiens* KLK2 (kallikrein-2, kallikrein related peptidase 2, kallikrein 2 prostatic) and anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], *Homo sapiens* and humanized monoclonal antibody, bispecific, bivalent;
H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens*, anti-KLK2 (1-455) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-59*01 (100%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (94.4%), CDR-IMGT [8.7.19] (26-33.51-57.96-114)) (1-125) -*Homo sapiens* IGHG1*03v G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, G1v14-67 CH2 A1.3, A1.2, S27, G1v68 CH3 V6, L22, L79, W81 (CH1 R120>K (222) (126-223), hinge 1-15 (224-238), CH2 L1.3>A (242), L1.2>A (243), D27>S (273) (239-348), CH3 T6>V (358), E12 (364), M14 (366), T22>L (374), K79>L (400), T81>W (402) (349-453), CHS (454-455)) (126-455)], (228-214')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens*, anti-KLK2 (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*01 (97.9%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50"-52'.89"-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')];
scFvkh-G1(h-CH2-CH3) heavy chain humanized, anti-CD3E (1"-475") [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (86.3%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27"-32".50"-52".89"-97'')) (1"-107") -20-mer (GGSEKSSSGSGSESKSTGGS) linker (108"-127'') -VH (*Homo sapiens* IGHV3-21*01 (89.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.9] (153"-160".178"-185".224"-232'')) (128"-243'') -*Homo sapiens* IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 CH3 E12, M14, G1v14-67 CH2 A1.3, A1.2, S27, G1v37 h S5, G1v69 CH3 V6, Y7, A85.1, V86 (hinge 1-15 C5>S (248'') (244"-258''), CH2 L1.3>A (262''), L1.2>A (263''), D27>S (293'') (259"-368''), CH3 T6>V (378''), L7>Y (379''), E12 (384''), M14 (386''), F85.1>A (433''), Y86>V (435'') (369"-473''), CHS (474"-475'')) (244"-475'')]; dimer (234-254'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa
antineoplastic

pasritamig	immunoglobuline (H-gamma1_L-kappa)_scFvkh-G1(h-CH2-CH3), anti-[<i>Homo sapiens</i> KLK2 (kallikréine-2, kallikréine peptidase 2, kallikréine prostatique) et anti-[<i>Homo sapiens</i> CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], anticorps monoclonal <i>Homo sapiens</i> et humanisé, bispécifique, bivalent; chaîne lourde H-gamma1 <i>Homo sapiens</i>, anti-KLK2 (1-455) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV4-59*01 (100%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (94.4%), CDR-IMGT [8.7.19] (26-33.51-57.96-114)) (1-125) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*03v G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, G1v14-67 CH2 A1.3, A1.2, S27, GG1v68 CH3 V6, L22, L79, W81 (CH1 R120>K (222) (126-223), charnière 1-15 (224-238), CH2 L1.3>A (242), L1.2>A (243), D27>S (273) (239-348), CH3 T6>V (358), E12 (364), M14 (366), T22>L (374), K79>L (400), T81>W (402) (349-453), CHS (454-455)) (126-455)], (228-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa <i>Homo sapiens</i>, anti-KLK2 (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-9*01 (97.9%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; chaîne lourde scFvkh-G1(h-CH2-CH3) humanisée, anti-CD3E (1"-475") [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 (86.3%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27"-32".50"-52".89"-97'')) (1"-107'') -20-mer (GGSEKSSGSGSESKSTGGS) linker (108"-127'') -VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-21*01 (89.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.9] (153"-160".178"-185".224"-232'')) (128"-243'') -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 CH3 E12, M14, G1v14-67 CH2 A1.3, A1.2, S27, G1v37 h S5, G1v69 CH3 V6, Y7, A85.1, V86 (charnière 1-15 C5>S (248'') (244"-258''), CH2 L1.3>A (262''), L1.2>A (263''), D27>S (293'') (259"-368''), CH3 T6>V (378''), L7>Y (379''), E12 (384''), M14 (386''), F85.1>A (433''), Y86>V (435'') (369"-473''), CHS (474"-475'')) (244"-475'')]; dimère (234-254": 237-257'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa <i>antineoplasique</i>
pasritamig	inmunoglobulina (H-gamma1_L-kappa)_scFvkh-G1(h-CH2-CH3), anti-[<i>Homo sapiens</i> KLK2 (kalikreína-2, kalikreína peptidasa 2, kalikreína próstática) y anti-[<i>Homo sapiens</i> CD3E (CD3 épsilon, Leu-4)], anticuerpo monoclonal <i>Homo sapiens</i> y humanizado, biespecífico, bivalente; cadena pesada H-gamma1 <i>Homo sapiens</i>, anti-KLK2 (1-455) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV4-59*01 (100%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (94.4%), CDR-IMGT [8.7.19] (26-33.51-57.96-114)) (1-125) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*03v G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, G1v14-67 CH2 A1.3, A1.2, S27, GG1v68 CH3 V6, L22, L79, W81 (CH1 R120>K (222) (126-223), bisagra 1-15 (224-238), CH2 L1.3>A (242), L1.2>A (243), D27>S (273) (239-348), CH3 T6>V (358), E12 (364), M14 (366), T22>L (374), K79>L (400), T81>W (402) (349-453), CHS (454-455)) (126-455)], (228-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa <i>Homo sapiens</i>, anti-KLK2 (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-9*01 (97.9%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; cadena pesada scFvkh-G1(h-CH2-CH3) humanizada, anti-CD3E (1"-475") [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 (86.3%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27"-32".50"-52".89"-97'')) (1"-107'') -20-mer (GGSEKSSGSGSESKSTGGS) linker (108"-127'') -VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-21*01 (89.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.9] (153"-160".178"-185".224"-232'')) (128"-243'') -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*03 h-CH2-CH3, nG1m1 CH3 E12, M14, G1v14-67 CH2 A1.3, A1.2, S27, G1v37 h S5, G1v69 CH3 V6, Y7, A85.1, V86 (bisagra 1-15 C5>S (248'') (244"-258''), CH2 L1.3>A (262''), L1.2>A (263''), D27>S (293'') (259"-368''), CH3 T6>V (378''), L7>Y (379''), E12 (384''), M14 (386''), F85.1>A (433''), Y86>V (435'') (369"-473''), CHS (474"-475'')) (244"-475'')]; dímero (234-254": 237-257'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa <i>antineoplasico</i>

2921676-04-0

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: H-gamma1 anti-KLK2 (H)
QVQLQESGPG LVKPSSETLSL TCTVSGGSIS SYVWSWIRQP PGKGLEWIGY 50
IYYSGSTNYN PSLKSRVTIS VDTSKNQFSL KLSSVTAADT AVYYCAGTTI 100
FGVVTNPNFY GMDVWGQGT VTVSSASTKG PSVFPLAPSS KSTSGGTAAL 150
GCLLVKDYFPE PVTVSWNSGA LTSGVHTFFA VLQSSGLYSL SSVYTPVSSS 200
LGTQTYICNV NHKPSNTKVD KKVEPKSCDK THTCPPCPAP EAAGGPSVFL 250
FPPKPKDTLM ISRTPEVTCV VVSVSHEDPE VKFNWYVDGV EVHNAKTKPR 300
EEQYNSYRV VSVLTVLHQD WLNGKEYCK VSNKALPAPI EKTISKAKGQ 350
PREPQVYVLP PSREEMTKNQ VSLLCVLKGF YPSDIAVEWE SNGQPENNYL 400
TWPPVLDSDG SFFLYSKLTV DKSRWQQGNV FSCSVMHREAL HNHYTQKSL 450
LSPGK 455

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: L-kappa anti-KLK2 (L')
DIQMTQSPSF LSASVGDRTV ITCRASQGIS SYLAWYQQKPK GKAPKFLIYA 50
ASTLQSGVPS RFGSGSGSTE FTLTISSLQP EDFATYYCQQ LNSYPLTFGG 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
LSPVPTKSFN RGEK 214

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: scFvkh anti-CD3E (H")
DIQMTQSPSS LSASVGDRTV ITCRARQSIG TAIHWYQQKPK GKAPKLLIKY 50
ASEISGVPSS RFGSGSGSGTD FTLTISSLQP EDFATYYCQQ SGSWPYTFGG 100
GTKLEIKGGS EGKSSGSGSE SKSTGGSEVQ LVESGGGLVK PGGSLRLSCA 150
ASGFTFSRYN MNWVRQAPGK GLEWVSSIST SSNIYYADS VKGRFTFSRD 200
NAKNSLDLQM SGLRAEDTAI YYCTRGWGPF DYWGQGLTV VSEPKSSDK 250
THTCPPCPAP EAAGGPSVFL FPPKPKDTLM ISRTPEVTCV VVSVSHEDPE 300
VKFNWYVDGV EVHNAKTKPR EEQYNSTYRV VSVLTVLHQD WLNGKEYCKK 350
VSNKALPAPI EKTISKAKGQ PREPQVYVYP PSREEMTKNQ VSLTCLVLKGF 400
YPSDIAVEWE SNGQPENNYK TTPPVLDSDG SFALVSKLTV DKSRWQQGNV 450
FSCSVMHREAL HNHYTQKSL LSPGK 475

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-95 152-208 269-329 375-433
23"-88" 149"-223" 289"-349" 395"-453"
Intra-L (C23-C104) 23"-88" 134'-194'
Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 228-214'
Inter-H-H (h 8, h 11) 234-254" 237-257"

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

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 305, 325"
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 K2:455, 475"

pebezertinibum
pebezertinib

N-[4-fluoro-3-({2-[(1-methyl-1*H*-pyrazol-4-yl)amino]-5-[4-(trifluoromethyl)phenyl]pyrimidin-4-yl)amino]phenyl]prop-2-enamide
epidermal growth factor receptor (EGFR) tyrosine kinase inhibitor, antineoplastic

pébézeritinib

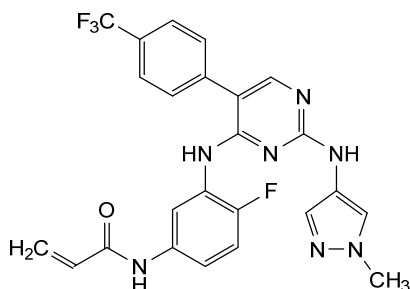
N-[4-fluoro-3-({2-[(1-méthyl-1*H*-pyrazol-4-yl)amino]-5-[4-(trifluorométhyl)phényl]pyrimidin-4-yl)amino]phényl]prop-2-énamide
inhibiteur de la tyrosine kinase du récepteur du facteur de croissance épidermique (EGFR), antinéoplasique

pebezertinib

N-[4-fluoro-3-({2-[(1-metil-1*H*-pirazol-4-il)amino]-5-[4-(trifluorometil)fenil]pirimidin-4-il)amino]fenil]prop-2-enamida
inhibidor de la tirosina kinasa del receptor del factor de crecimiento epidérmico (EGFR), antineoplásico

C₂₄H₁₉F₄N₇O

2769954-39-2



peluntamigum #
peluntamig

immunoglobulin H-gamma1_L-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD47 (CD47 molecule, integrin associated protein, IAP, MER6, OA3) and anti-[*Homo sapiens* DLL3 (delta-like ligand 3, delta like canonical Notch ligand 3)], bispecific; H-gamma1 heavy chain anti-CD47 (1-444) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-46*01 (88.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.7] (26-33.51-58.97-103)) (1-114) -*Homo sapiens*IGHG1*01 G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v74 CH3 C10, G1v32 CH3 W22 (knob) (CH1 K120 (211) (115-212), hinge 1-15 (213-227), CH2 (228-337), CH3 S10>C (351), D12 (353), L14 (355), T22>W (363) (338-442), CHS (443-444)) (115-444)], (217-214')- disulfide with common L-kappa light chain (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3-20*01 (84.4%) -IGKJ1*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; H-gamma1 heavy chain anti-DLL3 (1"-448") [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus*IGHV1-14*02 (71.4%) - (IGHD) -IGHJ2*01 (69.2%) Q120>R (110"), T122>A (112"), T123>P (113"), L124>V (114"))/*Homo sapiens*IGHV1-3*01 (65.3%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (76.9%), CDR-IMGT [8.8.11] (26"-33".51"-58".97"-107")) (1"-118") -*Homo sapiens*IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v75 CH3 C5, G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) (CH1 K120 (215") (119"-216"), hinge 1-15 (217"-231"), CH2 (232"-341"), CH3 Y5>C (350"), D12 (357"), L14 (359"), T22>S (367"), L24>A (369"), Y86>V (408") (342"-446"), CHS (447"-448")) (119"-448")], (221"-214'")-disulfide with common L-kappa light chain (1'"-214'") [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3-20*01 (84.4%) -IGKJ1*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'"-32'"'.50'"'-52'"'.89'"'-97'"')) (1'"-107'"') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'"'), V101 (191'"')) (108'-214'"); dimer (223-227'":226-230'":351-350'")-trisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa antineoplastic

péluntamig

immunoglobuline H-gamma1_L-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD47 (CD47 molécule, protéine associée à l'intégrine, IAP, MER6, OA3)] et anti-[*Homo sapiens* DLL3 (delta-like ligand 3, delta like canonical Notch ligand 3)], bispécifique;

chaîne lourde H-gamma1 anti-CD47 (1-444) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-46*01 (88.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.7] (26-33.51-58.97-103)) (1-114) -*Homo sapiens*IGHG1*01 G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v74 CH3 C10, G1v32 CH3 W22 (knob) (CH1 K120 (211) (115-212), charnière 1-15 (213-227), CH2 (228-337), CH3 S10>C (351), D12 (353), L14 (355), T22>W (363) (338-442), CHS (443-444)) (115-444)], (217-214')-disulfure avec la chaîne légère commune L-kappa anti-CD47 (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3-20*01 (84.4%) -IGKJ1*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; chaîne lourde anti-DLL3 (1"-448") [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus*IGHV1-14*02 (71.4%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (69.2%) Q120>R (110"), T122>A (112"), T123>P (113"), L124>V (114"))/*Homo sapiens*IGHV1-3*01 (65.3%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (76.9%), CDR-IMGT [8.8.11] (26"-33".51"-58".97"-107")) (1"-118") -*Homo sapiens*IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v75 CH3 C5, G1v33 CH3, S22, A24, V86 (hole) (CH1 K120 (215") (119"-216"), charnière 1-15 (217"-231"), CH2 (232"-341"), CH3 Y5>C (350"), D12 (357"), L14 (359"), T22>S (367"), L24>A (369"), Y86>V (408") (342"-446"), CHS (447"-448")) (119"-448")], (221"-214'")-disulfure avec la chaîne légère commune L-kappa (1'"-214'") [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3-20*01 (84.4%) -IGKJ1*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'"-32'" .50'"-52'" .89'"-97'")) (1'"-107'") -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'"), V101 (191'")) (108'"-214'")]; dimère (223-227":226-230":351-350")-trisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa antinéoplásique

peluntamig

inmunoglobulina H-gamma1_L-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD47 (CD47 molécula, proteína asociada a la integrina, IAP, MER6, OA3)] y anti-[*Homo sapiens* DLL3 (delta-like ligando 3, delta like canonical Notch ligand 3)], biespecífico;
cadena pesada H-gamma1 anti-CD47 (1-444) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-46*01 (88.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.7] (26-33.51-58.97-103)) (1-114) -*Homo sapiens*IGHG1*01 G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v74 CH3 C10, G1v32 CH3 W22 (knob) (CH1 K120 (211) (115-212), bisagra 1-15 (213-227), CH2 (228-337), CH3 S10>C (351), D12 (353), L14 (355), T22>W (363) (338-442), CHS (443-444)) (115-444)], (217-214')-disulfuro con la cadena ligera común L-kappa anti-CD47 (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3-20*01 (84.4%) -IGKJ1*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')];
cadena pesada H-gamma1 anti-DLL3 (1"-448") [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus*IGHV1-14*02 (71.4%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (69.2%) Q120>R (110"), T122>A (112"), T123>P (113"), L124>V (114"))/*Homo sapiens*IGHV1-3*01 (65.3%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (76.9%), CDR-IMGT [8.8.11] (26"-33".51"-58".97"-107")) (1"-118") -*Homo sapiens*IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v75 CH3 C5, G1v33 CH3, S22, A24, V86 (hole) (CH1 K120 (215") (119"-216"), bisagra 1-15 (217"-231"), CH2 (232"-341"), CH3 Y5>C (350"), D12 (357"), L14 (359"), T22>S (367"), L24>A (369"), Y86>V (408") (342"-446"), CHS (447"-448")) (119"-448")], (221"-214'")-disulfuro con la cadena ligera común L-kappa (1'"-214'") [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV3-20*01 (84.4%) -IGKJ1*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'"-32'" .50'"-52'" .89'"-97'")) (1'"-107'") -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'"), V101 (191'")) (108'"-214'")]; dímero (223-227":226-230":351-350")-trisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa antineoplásico

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada : H-gamma1 anti-CD47 (knob) (H)
QVQLVQSGAE VVKPGASVKV SCKASGYTFT SYWMHWVRQA PGQGLEWIGN 50
IDPDSSETHY AQKFQGRVTL TVDKSTSTVY MELSSLRSED TAVYCYAGTD 100
LAYWQGQTLV TVSSASTKGP SVFPLAPSSK STSGGTAALG CLVKDYFPPEP 150
VTVSWNSGAL TSGVHTFPAP LQSSGLYSLS SVVTVPSSSL GTQTYICNVN 200
HKPSNTKVDK KVEPKSCDKT HTCPPCPAPE LLGGPSVFLF PPKPKDTLMI 250
SRTPEVTCVV VDVSHEDPEV KFNWYVDGVE VHNAKTKPRE EQNSTYRVV 300
SVLTLVHQDW LNGKEYKCKV SNKALPAPIE KTISKAKGQP REPQVYTLPP 350
CRDELTKNQV SLWCLVKGFY PSDIAVEWES NQGPENNYKT TTPVLDSDGS 400
FFLYSKLTVD KSRWQQGNVF SCSVMHEALH NHYTQKSLSL SPGK 444

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada : H-gamma1 anti-DLL3 (hole) (H")
EVRLSQSGGQ MKKPGESMRL SCRASGYTFT SYVMHWVRQA PGRRPWEWIGY 50
INPYNDATKY ARKFQGRATL TSDKYSDTAF LELRLSLTSD TAVYYCARGG 100
YDYDGDYWGR GAVPTVSSAS TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY 150
FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI 200
CNVNHKPSNT KVDKKVEPKS CDKTHTCPPC PAPELLGGPS VFLFPPKPKD 250
TLMISRTEPV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGEVHNNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVC 350
TLPPSRDEL TKNQVSLSCAV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTPPVLD 400
SDGSFFLVSK LTVDKSRWQQ GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera : L-kappa common (L', L")
EIVLTQSGPT LSLSPGERAT LSCHASQIN VLSWYQKQP GQAPRLLIYK 50
ASNLTHTGIP RFGSGSGSGTD FTLTISRLEP EDFAVYVCQQ GQSYPTFFGQ 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 141-197 258-318 364-422
22"-96" 145"-201" 262"-322" 368"-426"
Intra-L (C23-C104) 23'-88' 134'-194'
23'''-88''' 134'''-199'''
Inter-H-L (h 5-CL 126) 217-214' 221"-214"
Inter-H-H (h 11, h 14) 223-227" 226-230"
Inter-H-H (CH3 C10-C5)* 351-350"
*variants G1v74 (H CH3 C10) and G1v75 (H" CH3 C5) creating an additional inter-H-H disulfide bond.
N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal
Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl) / pyroglutamide (pE, 5-oxoprolyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)
H VH Q1: 1

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 294, 298"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados.

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2:
444, 448"

persicabtagenum lemgedleucelum #

persicabtagene lemgedleucel allogeneic CD4+/CD8+ T lymphocytes obtained from peripheral blood mononuclear cells by leukapheresis of healthy donors, transduced with a lentiviral vector to overexpress CD47 and a CD19-directed chimeric antigen receptor (CAR). The cells have also been gene-edited using CRISPR/Cas12b (clustered regularly interspaced short palindromic repeats/ CRISPR-associated protein 12b) The cells have also been gene-edited using CRISPR/Cas12b (clustered regularly interspaced short

palindromic repeats/CRISPR-associated protein 12b) nuclease introduced as mRNA in combination with single guide RNAs (sgRNAs), to disrupt the T cell receptor alpha constant (*TRAC*), beta-2 microglobulin (*B2M*), and class II major histocompatibility complex transactivator (*CIITA*) gene loci. The lentivirus vector genome is flanked by 5' and 3' long terminal repeats (LTRs) and contains a human immunodeficiency virus (HIV) packaging signal, HIV *gag*, HIV envelope, Rev response element (RRE), and central polyurine tract/central termination sequences, and a mutant Woodchuck hepatitis virus posttranscriptional regulatory element (WPRE). The CD47-CD19 transgene comprises a codon optimised CD47 coding region, a furin cleavage sequence, a *Thomomys asiana* virus 2A (T2A) ribosomal skip sequence, a CD8 α signal peptide, and an anti-CD19 single chain variable fragment (clone FMC63), fused to a CD8 α hinge, CD8 α transmembrane, 4-1BB co-stimulatory and CD3 ζ signaling domain and is under control of the human elongation factor-1 alpha promoter (EF-1 α). The leukapheresis material is enriched for CD4/CD8 T lymphocytes by positive immunoselection, activated by CD3 and CD28 agonists and subject to gene editing. The cells are then expanded in media supplemented with serum replacement and interleukin 2 (IL-2). The cell suspension consists of T lymphocytes ($\geq 90\%$) with greater than 35% of the T lymphocytes expressing the CAR transgene, and with $\geq 70\%$ *B2M* disrupted, and $\geq 70\%$ *CIITA* disrupted cells. The cells exhibit antigen-specific interferon gamma (IFN- γ) secretion when cultured with target cells

cell-based gene therapy (antineoplastic)

persicabtagène lemgedleucel

lymphocytes T allogéniques CD4+/CD8+ obtenus, à partir de cellules du sang périphérique, prélevés chez des donneurs sains par leucaphérèse, transduits avec un vecteur lentiviral pour surexprimer le CD47, et un récepteur portant un antigène chimérique dirigé contre CD19. Les cellules ont également fait l'objet d'une modification génétique à l'aide d'une nucléase CRISPR/Cas12b (répétitions palindromiques courtes régulièrement espacées/protéine associée à CRISPR 12b), introduite sous forme d'ARNm en combinaison avec des ARN guides simples (ARNsg), afin de perturber la chaîne constante alpha du récepteur des lymphocytes T (*TRAC*), la bêta-2-microglobuline (*B2M*) et les loci géniques du transactivateur du complexe majeur d'histocompatibilité de classe II (*CIITA*). Le génome du vecteur lentiviral est flanqué de répétitions terminales longues (LTR) en 5' et 3' et contient un signal d'encapsidation du virus de l'immunodéficience humaine (VIH), la protéine *gag* du VIH, la glycoprotéine d'enveloppe (*Env*) du VIH, un élément de réponse Rev (RRE), une séquence centrale du tractus polypurine (cPPT)/centrale de terminaison (CTS), et un élément régulateur posttranscriptionnel du virus de l'hépatite de la marmotte (WPRE). Le transgène CD47-CD19 comprend une région codante CD47 optimisée par codon, une séquence de clivage de la furine, une séquence de saut ribosomique 2A (T2A) du virus de *Thomomys asiana*, un peptide signal CD8 α et un fragment variable à chaîne unique (scFv) anti-CD19 (clone FMC63), fusionné à une région charnière, un domaine transmembranaire CD8 α , un domaine co-stimulant 4-1BB et un domaine de signalisation CD3 ζ , sous contrôle du promoteur du facteur d'élongation-1 alpha (EF-1 α).

persicabtagén lemgedleucel

Le matériel de leucaphérèse est enrichi en lymphocytes T CD4/CD8 par immunosélection positive, activé par les agonistes CD3 et CD28 et soumis à une modification génétique. Les cellules sont ensuite mises en expansion dans un milieu supplémenté avec un substitut de sérum, et de l'interleukine-2 (IL-2). La suspension cellulaire est constituée de lymphocytes T ($\geq 90\%$), avec plus de 35% de lymphocytes T exprimant le CAR transgène et dont $\geq 70\%$ sont des cellules avec une disruption génique *B2M* et $\geq 70\%$ de cellules avec une disruption génique *C/ITA*. Les cellules sécrètent de l'interféron gamma (IFN- γ) spécifique de l'antigène, lorsqu'elles sont cultivées avec les cellules cibles *thérapie génique à base de cellules (antineoplasique)*

linfocitos T CD4+/CD8+ alogénicos obtenidos de células mononucleares de sangre periférica a partir de leucoaféresis de donantes sanos, transducidos con un vector lentiviral para sobre expresar CD47 y un receptor de antígenos quimérico (CAR) dirigido a CD19. Las células también han sido editadas genéticamente usando la nucleasa CRISPR/Cas12b (repeticiones palindrómicas agrupadas y espaciadas regularmente/proteína asociada a CRISPR 12b) introducida como ARNm en combinación con ARNs de guía únicos (sgARNs), para la ruptura de los loci de los genes de la cadena constante alfa del receptor de linfocitos T (*TRAC*), la beta-2 microglobulina (*B2M*) y el transactivador del complejo principal de histocompatibilidad de clase II (*C/ITA*). El genoma del vector lentiviral está flanqueado por repeticiones terminales largas (LTRs) en 5' y 3' y contiene una señal de empaquetamiento del virus de la inmunodeficiencia humana (HIV), HIV *gag*, envuelta del HIV, un elemento de respuesta Rev (RRE), secuencias de tracto de poli-purina/terminación central y un elemento regulador post-transcripcional mutado del virus de la hepatitis de la marmota (WPRE). El transgén CD47-CD19 consta de una región, con codones optimizados, que codifica para CD47, una secuencia de escisión de furina, una secuencia de salto ribosómico 2A del virus *Thosea asigna*, un péptido señal de CD8 α y un fragmento variable de cadena sencilla (scFv) anti-CD19 (clon FMC63) fusionado a un dominio bisagra de CD8 α , un dominio transmembrana de CD8 α , un dominio coestimulador de 4-1BB y un dominio de señalización de CD3 ζ , y está bajo el control del promotor del factor de elongación-1 alfa (EF-1 α). El material de leucoaféresis se enriquece en linfocitos T CD4/CD8 mediante inmunoselección positiva, se activan mediante agonistas de CD3 y CD28 y se someten a edición genética. Las células se expanden después en medio suplementado con sustituto de suero e interleuquina 2 (IL-2). La suspensión celular consiste en linfocitos T ($\geq 90\%$) con más del 35% de los linfocitos T que expresan el transgén del CAR y con $\geq 70\%$ de las células con el *B2M* eliminado y $\geq 70\%$ el *C/ITA* eliminado. Las células muestran secreción de interferón gamma (IFN- γ) específica de antígeno cuando se cultivan con células diana *terapia génica basada en células (antineoplásico)*

pivicasiranum
pivicasiran

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

pivicasiran

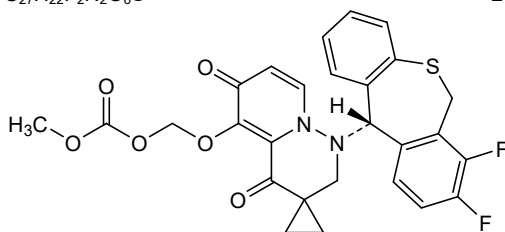
tout-P-ambo-2'-*O*-méthyl-*P*-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyl-*P*-thioadénylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroguanilyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluorouridylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroadénylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthylguanylyl-(3'→5')-hydrogène-2'-*O*-méthyluridylyl de [(2*S*,4*R*)-1-(1-[(2-acétamido-2-désoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]-16,16-bis({3-[(3-{5-[(2-acétamido-2-désoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]pentanamido}propyl)amino]-3-oxopropyl)méthyl)-5,11,18-trioxo-14-oxa-6,10,17-triazanonacosan-29-oyl)-4-hydroxypyrrolidin-2-yl)méthyle duplex avec *tout-P-ambo*-2'-*O*-méthyl-*P*-thioguanilyl-(5'→3')-2'-*O*-méthyl-*P*-thioguanilyl-(5'→3')-2'-*O*-méthylguanylyl-(5'→3')-2'-*O*-méthyluridylyl-(5'→3')-2'-*O*-méthyladénylyl-(5'→3')-2'-*O*-méthyluridylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluorocytidylyl-(5'→3')-2'-*O*-méthylcytidylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluorouridylyl-(5'→3')-2'-*O*-méthyladénylyl-(5'→3')-2'-*O*-méthyluridylyl-(5'→3')-2'-*O*-méthyluridylyl-(5'→3')-2'-*O*-méthyladénylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluorocytidylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoroadénylyl-(5'→3')-2'-*O*-méthylguanylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoroadénylyl-(5'→3')-2'-*O*-méthyladénylyl-(5'→3')-2'-*O*-méthyluridylyl-(5'→3')-2'-*O*-méthyl-*P*-thioadénylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoro-*P*-thiocytidylyl-(5'→3')-2'-*O*-méthyladénosine
réducteur de synthèse d'adiponutrine

pixavir marboxilo

carbonato de ({1'-[(11*S*)-7,8-difluoro-6,11-dihidrobenzo[*b,e*]tiepin-11-*il*]-4',6'-dioxo-1',2',4',6'-tetrahidroespiro[ciclopropano-1,3'-pirido[1,2-*b*]piridazin]-5'-*il*]oxi)metilo y metilo
antiviral

C₂₇H₂₂F₂N₂O₆S

2365473-17-0



produvofuspum #
produvofusp

human complement factor H (H factor 1, CFH) catalytic domain containing fragment (1-305) fused to a humanized heavy chain variable domain only (VHH) immunoglobulin with the CDRs originating from *Lama glama* (306-434) [*Homo sapiens*IGHV3-23*04 -(IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.20] (336-340.355-371.404-423)] fused via peptide linker ⁴³⁵GGGGA⁴³⁹ to the ⁴⁴⁰CRGDRGDRGDRGDC⁴⁵³ peptide containing four RGD (human integrin recognition motif repeats (441-452)) arranged as a cyclic polypeptide (C⁴⁴⁰ disulfide-bridged to C⁴⁵³), produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1SV
complement factor H modulator

produvofusp

fragment du facteur H du complément humain (facteur H 1, CFH) contenant le domaine catalytique (1-305) fusionné à une immunoglobuline humanisée à chaîne lourde qui contient un seul domaine variable (VHH), avec les CDRs provenant de *Lama glama* (306-434) [*Homo sapiens*IGHV3-23*04 -(IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.20] (336-340.355-371.404-423)] fusionné à l'aide du coupleur peptidique ⁴³⁵GGGGA⁴³⁹ au peptide ⁴⁴⁰CRGDRGDRGDRGDC⁴⁵³ contenant quatre RGD (répétition de motif de reconnaissance d'intégrine humaine (441-452)) construit à l'instar d'un polypeptide cyclique (C⁴⁴⁰ étant pontée à C⁴⁵³ par une liaison disulfure), produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1SV
modulateur du facteur H du complément

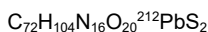
produvofusp

fragmento del factor H del complemento humano (H factor 1, CFH) que contiene el dominio catalítico (1-305) fusionado a una inmunoglobina humanizada de cadena pesada que contiene un dominio variable único (VHH) con el CDRs originado de *Lama glama* (306-434) [*Homo sapiens*IGHV3-23*04 -(IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.20] (336-340.355-371.404-423)] fusionado a través de enlace peptídico ⁴³⁵GGGGA⁴³⁹ al péptido ⁴⁴⁰CRGDRGDRGDRGDC⁴⁵³ que contiene cuatro RGD (repeticiones de motivos de reconocimiento de integrinas humanas (441-452)) dispuesto como un polipéptido cíclico (C⁴⁴⁰ unido a través de puentes disulfuro a C⁴⁵³), producido en células ováricas de hámster Chino (CHO), línea celular CHO-K1SV
modulador del factor H del complemento

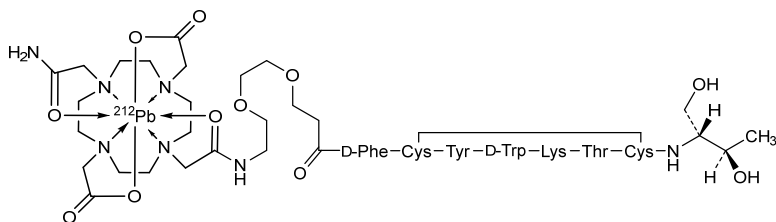
2925698-93-5

Sequence / Séquence / Secuencia	
EDCNELPFRR NTEILTGSWS DQTYPEGTQA IYKCRPGYRS LGNVIMVCRK	50
GEWVALNPLR KCQKRPCGHP GDTFFGFTFL TGGNVFEYGV KAVYTCNEGY	100
QLLGEINYRE CDTDGWTNDI PICEVVKCLP VTAPENGKIV SSAMEPDREY	150
HFGQAVRFVC NSGYKIEGDE EMHCSDDGFW SKEKPKCEVI SKSPDVING	200
SPISQKIYK ENERFQYKCN MGEYSESRGD AVCTESGWRP LPSCEEKSCD	250
NPYIPNGDYS PLRIKHRTGD EITYQCRNGF YPATRGNTAK CTSTGWIPAP	300
RCTLKQVQLV ESGGGLVKPG GSLRLSCAAS GRTFSSYAMG WFRQAPGKER	350
EFVSAISGSG GSTYYADSVK GRFTISRDNK KNSLYLQMNS LRAEDTAVYY	400
CAADLGDSW VDYVNAEPYE YDYWQGQTLV TVSSGGGGAC RGRDGRDGR	450
GDC	453
Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión	
435GGGGA439	
Post-translational modifications	
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro	
Intra chain (predicted): 3-48, 34-62, 67-111, 96-123, 128-174, 160-187, 192-233, 219-244, 249-291, 276-302, 327-401, 440-453	
Oxidation sites / Sites de oxidation / Posiciones de oxidación (predicted)	
M46, M144, M172, M221, M339, M388, W19, W53, W116, W180, W238, W296, W341, W410, W424	
Deamidation sites / Sites de désamidation / Posiciones de desamidación (predicted)	
N11, N136, N161, N199, N256, N278, N287, N382, N389	
Aspartic acid isomerization sites (predicted)	
D72, D112, D114, D177, D367, D395, D407	

plumbum (²¹² Pb) bamzireotidum navoxetanum	[N ^{2.1} -(3-{2-[2-(2-{7-[2-amino-2-(oxo-κO)ethyl]-4,10-bis[(carboxylato-κO)methyl]-1,4,7,10-tetraazacyclododecan-1-yl-κ ⁴ N ¹ ,N ⁴ ,N ⁷ ,N ¹⁰ }acetamido-κO)ethoxy]ethoxy}propanoyl)-S ^{3.2} ,S ^{3.7} -cyclo(D-phenylalanyl-L-cysteinyl-L-tyrosyl-D-tryptophyl-L-lysyl-L-threonyl-L-cysteinyl-L-threoninol)](²¹² Pb)lead <i>antineoplastic</i>
plomb (²¹² Pb) bamziréotide navoxétan	[N ^{2.1} -(3-{2-[2-(2-{7-[2-amino-2-(oxo-κO)éthyl]-4,10-bis[(carboxylato-κO)méthyl]-1,4,7,10-tétraazacyclododécan-1-yl-κ ⁴ N ¹ ,N ⁴ ,N ⁷ ,N ¹⁰ }acétamido-κO)éthoxy]éthoxy}propanoyl)-S ^{3.2} ,S ^{3.7} -cyclo(D-phénylalanyl-L-cystéinyl-L-tyrosyl-D-tryptophyl-L-lysyl-L-thréonyl-L-cystéinyl-L-thréoninol)](²¹² Pb)plomb <i>antineoplasique</i>
plomo (²¹² Pb) bamzireótida navoxetán	[N ^{2.1} -(3-{2-[2-(2-{7-[2-amino-2-(oxo-κO)etil]-4,10-bis[(carboxilato-κO)metil]-1,4,7,10-tetrazaciclododecan-1-il-κ ⁴ N ¹ ,N ⁴ ,N ⁷ ,N ¹⁰ }acetamido-κO)etoxi]etoxi}propanoil)-S ^{3.2} ,S ^{3.7} -ciclo(D-fenilalanil-L-cisteinil-L-tirosil-D-triptofil-L-lisil-L-treonil-L-cisteinil-L-treoninol)](²¹² Pb)plomo <i>antineoplásico</i>



2941523-47-1



plumbum (²¹²Pb) lapemelanotidum zapixetanum

lead (^{212}Pb) lapemelanotide zapixetan

[C^{2,3}, C^{7,6}-(1*H*-1,2,3-triazole-4,1-diyl)-(2*S*)-2-(acetamido)hexanoyl-L-alanyl-L-histidyl-D-phenylalanyl-L-arginyl-L-tryptophyl-(2*S*)-2-aminohexanoyl-N⁶-(2-[2-(2-[2-(7-2-amino-2-(oxo-*κ*O)ethyl]-4,10-bis[(carboxy-*κ*O)methyl]-1,4,7,10-tetraazacyclododec-1-yl-*κ*N¹,*κ*N⁴,*κ*N⁷,*κ*N¹⁰)acetamido-*κ*O)ethoxy]ethoxy]acetyl)-L-lysynamide)](²¹²Pb)lead
antineoplastic

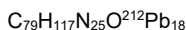
plomb (^{212}Pb) lapémélanotide zapixétan

[C^{2,3}, C^{7,6}-(1*H*-1,2,3-triazole-4,1-diyl)-(2*S*)-2-(acétamido)hexanoyl-L-alanyl-L-histidyl-D-phénylalanyl-L-arginyl-L-tryptophyl-(2*S*)-2-aminohexanoyl-N⁶-(2-[2-(2-[7-(2-amino-2-oxo- κ -O)éthyl]-4,10-bis[(carboxy- κ -O)méthyl]-1,4,7,10-tétrazacyclododéc-1-yl- κ N¹, κ N⁴, κ N⁷, κ N¹⁰)acétamido- κ -O)éthoxy]éthoxy)acétyl)-L-lysinaamide] (²¹²Pb)plomb
antinéoplasique

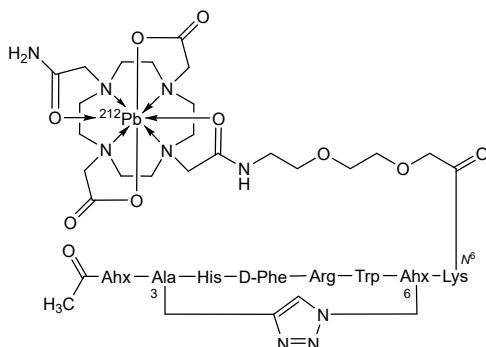
plomo (^{212}Pb) lapemelanotida zapixetán

[C^{2,3}, C^{7,6}-(1*H*-1,2,3-triazolo-4,1-diil)-(2*S*)-2-(acetamido)hexanoil-L-alanil-L-histidil-D-fenilalanil-L-arginil-L-triptofil-(2*S*)-2-aminohexanoil-*N*⁶-(2-{2-[2-(2-{7-[2-amino-2-(oxo-*kO*)etil]-4,10-bis-{[carboxi-*kO*)etil]-1,4,7,10-tetraazaciclododec-1-il-*kN*¹,*kN*⁴,*kN*⁷,*kN*¹⁰]-acetamido-*kO*)etoxi]etoxi]acetil)-L-lisinamida)](²¹²Pb)plomo

antineoplásico



2941523-46-0



Ahx = (2S)-2-aminohexanoic acid

posnafuspum alfa #

posnafusp alfa

humanized immunoglobulin G1-kappa antigen-binding fragment (Fab), anti-[human transferrin receptor 1 (hTfR, p90, CD71)] fused at the C-terminus of the heavy chain via a peptide linker to human *N*-sulphoglucosamine sulphonylhydrolase (SGSH, sulfolglucosamine sulfamidase, sulfamidase, EC:3.10.1.1); gamma 1 heavy Fab chain (1-226) [VH (*Homo sapiens*IGHV5-51*01 -(IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.9] (31-35.50-66.99-107)) (1-118) -*Homo sapiens*IGHG1*01 (CH1 (119-226))] fused via peptide linker ²²⁷GGGGSGGGSGGGGS²⁴¹ to *N*-sulphoglucosamine sulphonylhydrolase (1-482, 242-723 in the current sequence), residue 291 posttranslationally modified to formylglycine (fGly), (221-219')-disulfide with kappa light chain (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV2D-29*02 -IGKJ1*01, CDR-Kabat [16.7.9] (24'-39'.55'-61'.94'-102')) (1'-112') -*Homo sapiens*IGKC*01 (113'-219')]; non-covalent dimer, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa *enzyme replacement therapy (mucopolysaccharidosis type III)*

posnafusp alfa

fragment de liaison à l'antigène (Fab) de l'immunoglobuline G1-kappa humanisée, anti-[récepteur de type 1 de la transferrine humaine (hTfR, p90, CD71)] fusionné sur la partie C-terminale de la chaîne lourde à l'aide d'un coupleur peptidique à la *N*-sulfolglucosamine sulfohydrolase humaine (SGSH, sulfolglucosamine sulfamidase, sulfamidase, EC:3.10.1.1); Fab de la chaîne lourde gamma 1 (1-226) [VH *Homo sapiens*IGHV5-51*01 -(IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.9] (31-35.50-66.107)) (1-118) -*Homo sapiens*IGHG1*01 (119-226) fusionné à l'aide du coupleur peptidique ²²⁷GGGGSGGGSGGGGS²⁴¹ à la *N*-sulfolglucosamine sulfohydrolase (1-482, 242-723 de la séquence en cours), l'acide aminé 291 est modifié post-traductionnellement en formylglycine (fGly), (221-219')-disulfure avec la chaîne légère kappa (1'-112') [VH-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV2D-29*02, CDR-Kabat [16.7.9] (24'-39'.55'-61'.94'-102')) - *Homo sapiens*IGKC*01 (113'-219')]; dimère noncovalent, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa *traitement enzymatique substitutif (mucopolysaccharidose de type III)*

posnafusp alfa

fragmento de unión a antígeno (Fab) de inmunoglobulina G1-kappa humanizado anti-[receptor 1 humano de transferrina (hTfR, p90, CD71)] fusionado al terminal C de la cadena pesada a través de un enlace peptídico a la *N*-sulfolglucosamina sulfhidrolasa humana (SGSH, sulfolglucosamina sulfamidasa, sulfamidasa, EC:3.10.1.1); cadena gamma 1 pesada Fab (1-226) [VH (*Homo sapiens*IGHV5-51*01 -(IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.9] (31-35.50-66.99-107)) (1-118) -*Homo sapiens*IGHG1*01 (CH1 (119-226))] fusionada a través de enlace peptídico ²²⁷GGGGSGGGSGGGGS²⁴¹ a la *N*-sulfolglucosamina sulfhidrolasa (1-482, 242-723 en la secuencia actual, residuo 291 postraduccionalmente modificado a la formoglicina (fGly)), (221-219')-disulfuro con la cadena ligera kappa (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV2D-29*02 -IGKJ1*01, CDR-Kabat [16.7.9] (24'-39'.55'-61'.94'-102')) (1'-112') -*Homo sapiens*IGKC*01 (113'-219')]; dímero no covalente, producido en células ováricas de hámster Chino (CHO), línea celular CHO-K1, glicoforma alfa *terapia de reemplazo enzimático (mucopolisacaridosis de tipo III)*

2797073-53-9

Sequence / Séquence / Secuencia	
Fab heavy chain-hSGSH	
EVQLVQSGAE VKKPGESLKI	50
IYPGGDYPTY SEKFKVQVTI	100
NYDEVAYWGQ GTLVTVSSAS	150
FPEPVTVSWN SGALTSGVHT	200
CNVNHHKPSNT KVDKKVEPKS	250
ADGGGFESGA YNNSAIATPH	300
GLPQHQNGMY GLHQDVHHFN	350
TVYPDFDAYT EENGSVLVQG	400
PHRCGHSQPQ YGTFCEKFGN	450
PAARADLAAQ YTTVGRMDQG	500
SGRTNLYWPG TAEPLLVSSP	550
YPSYAIFGSK TIHLTGRSLL	600
QHRHRLVHN LNFKMPFPID	650
YYRARWELY DRSRDPHETQ	700
VCAPDGVLEE KLSQCQPLH	723

Light chain	
DIVMTQTPLS LSVTPGQPAS	50
LLIYKVSNRN SGVPDRFSGS	100
WTFPGQGTKE IKRTVAAPSV	150
VQWKVDNALQ SGNSQESVTE	200
VTHQGLSSPV TKSFNREGC	219

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión
227GGGGSGGGSGGGG241

Post-translational modifications	
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro	
Intra Fab heavy-chain:	22-96, 145-201, 404-415, 702-716, 22"-96", 145"-201", 404"-415", 702"-716"
Intra light chain:	23"-93", 139"-199", 233"-933", 1393"-1993"
Inter Fab heavy chain-light chain:	221-219', 221"-219"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
N262, N372, N485, N634, N262", N372", N485", N634"

Oxidation sites / Sites de oxidation / Posiciones de oxidación
Posttranslationally generated catalytical oxidation site
IgG1 Fab heavy chain-hSGSH: C291 > formylglycine (fGly)

pritebegenum zepadenovecum #

pritebogene zepadenovec

replication-deficient chimpanzee adenovirus vector (ChAdOx1-ΔE1 ΔE3 E4-modified), encoding a codon-optimized fusion protein containing multiple hepatitis B virus (HBV) antigens, comprising the HBV pre-core antigen, core antigen, a non-functional polymerase, a C-terminal fragment of the HBV Pre-S1 protein and the Pre-S2 protein, all preceded by a shark Invariant (Sli) chain sequence and separated by a self-cleaving foot-and-mouth virus F2A peptide sequence from the leader sequence of human tissue plasminogen activator, followed by an N-terminal fragment of the HBV Pre-S1 protein and the HBV surface antigen (HbSAg), under control of a human cytomegalovirus (CMV) promoter and a bovine growth hormone polyadenylation signal. The transgene is inserted in the deleted E1 region of the viral vector genome
gene therapy (immune response inducer, hepatitis B)

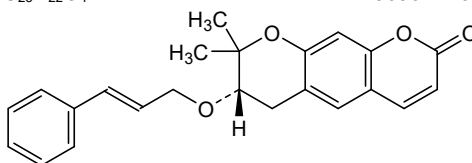
pritébéгене зéпадэновeс

vecteur d'adénovirus de chimpanzé déficient pour la réplication (modifié ChAdOx1-ΔE1 ΔE3 E4), qui code une protéine de fusion optimisée par codon contenant de multiples antigènes du virus de l'hépatite B (VHB), comprenant l'antigène du pré-core du VHB, l'antigène du core, une polymérase non fonctionnelle, un

	fragment C-terminal de la protéine Pré-S1 du VHB, la protéine Pré-S2, tous précédés d'une séquence de la chaîne Invariante de requin (Sli) et séparés par la séquence peptidique auto-clivante F2A du virus de la fièvre aphteuse de la séquence de tête de l'activateur tissulaire humain du plasminogène, suivie d'un fragment N-terminal de la protéine Pré-S1 du VHB et de l'antigène de surface du VHB (HbSAg), sous contrôle du promoteur du cytomégalovirus (CMV) humain et du signal de polyadénylation de l'hormone de croissance bovine. Le transgène est inséré dans la région E1 du génome du vecteur viral <i>thérapie génique (inducteur de réponse immunitaire, hépatite B)</i>
pritebegén zepadenovec	vector de adenovirus de chimpancé deficiente en replicación (ChAdOx1-ΔE1 ΔE3 E4 modificado) que codifica, con codones optimizados, para una proteína de fusión que contiene múltiples antígenos del virus de la hepatitis B (VHB), consta de el antígeno pre núcleo de VHB, antígeno del núcleo, una polimerasa no funcional, un fragmento C-terminal de la proteína Pre-S1 y la proteína Pre-S2, todos precedidos por una secuencia de la cadena Invariable de tiburón (Sli) y separados, mediante una secuencia peptídica F2A de auto-escisión del virus de la fiebre aftosa, de la secuencia líder del activador del plasminógeno tisular humano, un fragmento N-terminal de la proteína pre-S1 del VHB y el antígeno de superficie del VHB (HbSAg), bajo el control de un promotor del citomegalovirus (CMV) humano y una señal de poliadenilación de la hormona de crecimiento bovina. El transgén está insertado en la región delecionada E1 del genoma del vector viral <i>terapia génica (inductor de respuesta inmunitaria, hepatitis B)</i>
	2857059-64-2
progerininum progerinin	(7S)-8,8-dimethyl-7-[[[(2E)-3-phenylprop-2-en-1-yl]oxy]-7,8-dihydro-2H,6H-benzo[1,2-b:5,4-b']dipyran-2-one <i>progerin-lamin A binding inhibitor</i>
progérinine	(7S)-8,8-diméthyl-7-[[[(2E)-3-phénylprop-2-én-1-yl]oxy]-7,8-dihydro-2H,6H-benzo[1,2-b:5,4-b']dipyran-2-one <i>inhibiteur de liaison à la progérine-lamine A</i>
progerinina	(7S)-7-[[[(2E)-3-fenilprop-2-en-1-il]oxi]-8,8-dimetil-7,8-dihidro-2H,6H-benzo[1,2-b:5,4-b']dipiran-2-ona <i>inhibidor de la fijación de la progerin-lamina A</i>

C₂₃H₂₂O₄

2249696-72-6



ranosidenibum

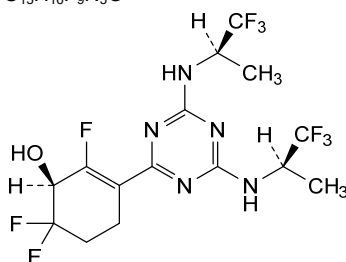
ranosidenib (1S)-3-(4,6-bis[[(2R)-1,1,1-trifluoropropan-2-yl]amino]-1,3,5-triazin-2-yl)-2,6,6-trifluorocyclohex-2-en-1-ol
isocitrate dehydrogenase (IDH) inhibitor, antineoplastic

ranosidérib (1S)-3-(4,6-bis[[(2R)-1,1,1-trifluoropropan-2-yl]amino]-1,3,5-triazin-2-yl)-2,6,6-trifluorocyclohex-2-én-1-ol
inhibiteur de l'isocitrate déshydrogénase (IDH), antinéoplasique

ranosidenib (1S)-3-(4,6-bis[[(2R)-1,1,1-trifluoropropan-2-il]amino]-1,3,5-triazin-2-il)-2,6,6-trifluorociclohex-2-en-1-ol
inhibidor de la isocitrato deshidrogenasa (IDH), antineoplásico

C₁₅H₁₆F₉N₅O

2301974-60-5

**recibokibartum #**

recibokibart immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL1RL2 (interleukin 1 receptor like 2, IL1 receptor-related protein 2, IL1Rrp2, IL1RRP2, IL-36 receptor, IL-36R)], humanized monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain humanized (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*06 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) T123>L (114), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 R120 (216) (120-217), hinge 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237) (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS K2>del (448)) (120-448)], (222-215')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (90.6%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [7.3.9] (27'-33'.51'-53'.90'-98')) (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (154'), V101 (192')) (109'-215')]; dimer (228-228":231-231")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa
interleukin-36 receptor (IL-36R) blocker, anti-inflammatory

récibokibart immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL1RL2 (interleukine 1 récepteur like 2, protéine 2 apparentée au récepteur de l'IL1, IL1Rrp2, IL1RRP2, récepteur de l'IL-36, IL-36R)]; anticorps monoclonal humanisé;
chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*06 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) T123>L (114), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 R120 (216) (120-217), charnière 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237) (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS K2>del (448)) (120-448)], (222-215')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (90.6%) -IGKJ2*02 (100%), CDR-IMGT [7.3.9] (27'-33'.51'-53'.90'-98')) (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (154'), V101 (192')) (109'-215')]; dimère (228-228":231-231")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa
bloqueur du récepteur de l'interleukine-36 (IL-36R), anti-inflammatoire

recibokibart inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL1RL2 (interleukina 1 receptor like 2, proteína 2 parecida al receptor del IL1, IL1Rrp2, IL1RRP2, receptor de la IL-36, IL-36R)]; anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-2*06 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) T123>L (114), CDR-IMGT [8.8.12] (26-33.51-58.97-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v14 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 R120 (216) (120-217), bisagra 1-15 (218-232), CH2 L1.3>A (236), L1.2>A (237) (233-342), CH3 E12 (358), M14 (360) (343-447), CHS K2>del (448)) (120-448)], (222-215')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (90.6%) -IGKJ2*02 (100%), CDR-IMGT [7.3.9] (27-33'.51'-53'.90'-98')) (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (154'), V101 (192')) (109'-215')]; dímero (228-228":231-231")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa
bloqueador del receptor de la interleuquina-36 (IL-36R), antiinflamatorio

2744274-17-5

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada			
QQLVQSGAE	VKKPGASVKV	SKASGYTFT	SSWMHWAKQA PGQGLEWIGE 50
IHPNSAKTNY	NQKFQGRVTM	TRDTSISTAY	MELSRLRSDD TAVYYCARVD 100
YGKPWFAYWG	QGTLVTVSSA	STKGPSVFPL	APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
YFPEPVTVSW	NSGALTSGVH	TFPAVLQSSG	LYSLSSVVTV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHHKPSN	TKVDKRVEPK	SCDKTHTCPP	CPAPEAAGGP SVFLFPPKPK 250
DTLMISRTP	ETCIVVDVSH	EDPEVKFNWY	VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLTV	LHQDWLNGKE	YKCKVSNKAL	PAPIEKTISK AKGQPREPQV 350
YTLPPSREEM	TKNQVSLTCL	VKGFPYPSDIA	VEWESNGQPE NNYKTTTPVL 400
DSGSGFFLYS	KLTVDKSRWQ	QGNVFSCSVM	HEALHNHYTQ KSLSLSPG 448

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera			
QIVLTQSPGT	LSLSPGERAT	LSCRASSVS	SSYLHWYQQK PGQAPRLWIY 50
STSSRATGIP	DRFSGSGSGT	DFTLTISRLE	PEDFATYYCQ QFQSSPLTFG 100
QGTLKLEIKRT	VAAPSVFIFP	PSDEQLKSGT	ASVVCCLNLF YPREAKVQWK 150
VDNALQSGNS	QESVTEQDSK	DSTYLSSTL	TLISKADYEK KVIACEVTHQ 200
GLSSPVTKSF	NRGEC		215

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 146-202 263-323 369-427
22"-96" 146"-202" 263"-323" 369"-427"
Intra-L (C23-C104) 23'-89' 135'-195'
23'''-89''' 135'''-195'''
Inter-H-L (h 5-CL 126) 222-215' 222"-215"
Inter-H-H (h 11, h 14) 228-228" 231-231"

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal
Q > pyroglutamyl (pE, 5-oxoprolyl) / pyroglutamyle (pE, 5-oxoprolyle) / 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: 299, 299"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados

relicpixantum

relicpixant

methyl (2S)-2-[[7-chloro-2-(2,6-difluoro-4-sulfamoylphenyl)imidazo[1,2-a]pyridin-3-yl]methyl]morpholine-4-carboxylate

purinoreceptor (P2X) antagonist

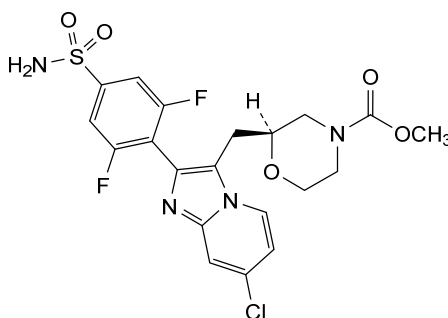
rélicpixant

(2S)-2-[[7-chloro-2-(2,6-difluoro-4-sulfamoylphényl)imidazo[1,2-a]pyridin-3-yl]méthyl]morpholine-4-carboxylate de méthyle
antagoniste des purinorécepteurs (P2X)

relicpixant

(2S)-2-[[7-cloro-2-(2,6-difluoro-4-sulfamoilfenil)imidazo[1,2-a]piridin-3-il]metil]morfolina-4-carboxilato de metilo
*antagonista del purinoreceptor (P2X)*C₂₀H₁₉ClF₂N₄O₅S

2445366-94-7

**rememulgenum arelactibacum #**

rememulgene arelactibac

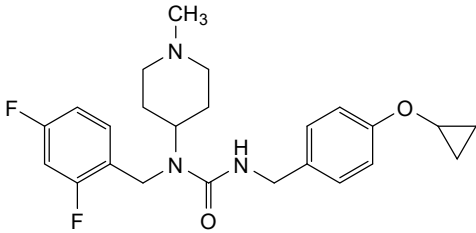
non-pathogenic, food-grade lactic acid bacterium *Lactococcus cremoris* (*L. cremoris*) strain AUC1000, *alr* deletion derivative of *L. cremoris* MG1363, transformed with a plasmid encoding the transgenes for (i) human colony stimulating factor 1 (CSF-1 isoform 3), (ii) human fibroblast growth factor 2 (FGF-2 isoform 3), and (iii) human interleukin 4 (IL-4 isoform-1) whose expression is controlled by a *gad* operon cassette comprising the *gadR* regulator gene and a *gadCB* regulatory region. Each of the three transgenes is optimised for expression in *L. cremoris* and is coupled to the *L. cremoris* Usp45 signal sequence preceded by a ribosome binding site derived from the *gadC* (CSF-1), *atpG* (FGF-2) and *lacA* (IL-4) genes of *L. cremoris*, respectively. The plasmid also contains an alanine racemase (*alr*) gene for plasmid selection
genetically modified bacteria (anti-inflammatory)

rémémulgène arélectibac

bactérie lactique non pathogène de qualité alimentaire *Lactococcus cremoris* (*L. cremoris*), souche AUC1000, dérivée de *L. cremoris* MG1363 par délétion de *alr*, transformée avec un plasmide codant les transgènes pour (i) le facteur de stimulation des colonies de type 1 (CSF-1 isoforme 3) humain, (ii) le facteur de croissance des fibroblastes de type 2 (FGF-2 isoforme 3) humain, (iii) l'interleukine 4 humaine (IL-4 isoforme 1), dont l'expression est contrôlée par une cassette contenant le gène régulateur *gadR* et une région régulatrice *gadCB*. Chacun des trois transgènes est optimisé pour l'expression dans *L. cremoris*, et est couplé à la séquence signal

	de <i>L. cremoris</i> Usp45, précédée d'un site de liaison ribosomique dérivé des gènes <i>gadC</i> (CSF-1), <i>atpG</i> (FGF-2) et <i>lacA</i> (IL-4) de <i>L. cremoris</i>, respectivement. Le plasmide contient également un gène de l'alanine racémase (<i>alr</i>) pour la sélection du plasmide <i>bactérie génétiquement modifiée (anti-inflammatoire)</i>
rememulgén arelactibac	bacteria del ácido láctico <i>Lactococcus cremoris</i> (<i>L. cremoris</i>) cepa AUC1000, de calidad alimentaria, no patogénica, derivada de <i>L. cremoris</i> MG1363 con la deleción <i>alr</i>, transformada con un plásmido que codifica los transgenes para (i) factor estimulador de colonias 1 (CSF-1 isoforma 3) humano, (ii) factor de crecimiento de fibroblastos 2 (FGF-2 isoforma 3) humano, (iii) interleuquina 4 (IL-4 isoforma 1) humana, cuya expresión está controlada por un casete operón <i>gad</i> que consta del gen regulador <i>gadR</i> y una región reguladora <i>gadCB</i>. Cada uno de los tres transgenes está optimizado para su expresión por <i>L. cremoris</i> y está acoplado a la secuencia señal Usp45 de <i>L. cremoris</i> precedido por un sitio de unión a ribosoma derivado de los genes <i>gadC</i> (CSF-1), <i>atpG</i> (FGF-2) y <i>lacA</i> (IL-4) de <i>L. cremoris</i>, respectivamente. El plásmido también contiene un gen de <i>alanina racemasa</i> (<i>alr</i>) para la selección del plásmido <i>bacteria genéticamente modificada (antiinflamatorio)</i>
remlifanserinum remlifanserine	<i>N</i>'-{[4-(cyclopropyloxy)phenyl]methyl}-<i>N</i>'-[(2,4-difluorophenyl)methyl]-<i>N</i>'-(1-methylpiperidin-4-yl)urea <i>serotonin receptor (5-HT2A) inverse agonist</i>
remlifansérine	<i>N</i>'-{[4-(cyclopropyloxy)phényl]méthyl}-<i>N</i>'-[(2,4-difluorophényl)méthyl]-<i>N</i>'-(1-méthylpipéridin-4-yl)uréa <i>agoniste inverse du récepteur de la sérotonine (5-HT2A)</i>
remlifanserina	<i>N</i>'-{[4-(ciclopropiloxi)fenil]metil}-<i>N</i>'-[(2,4-difluorofenil)metil]-<i>N</i>'-(1-metilpiperidin-4-il)urea <i>agonista inverso del receptor de serotonina (5-HT2A)</i>

C₂₄H₂₉F₂N₃O₂ 2289704-13-6



remzistotugum #
remzistotug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* PVRIG (poliovirus receptor (PVR) related immunoglobulin domain containing, NECTIN2 receptor, CD112 receptor, CD112R)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-69*10 (95.9%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112)) (1-123) -*Homo sapiens*IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (220) (124-221), hinge 1-15 (222-236), CH2 (237-346), CH3 D12 (362), L14 (364) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-213')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-39*01 (100%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.8] (27'-32'.50'-52'.89'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213')]; dimer (232-232":235-235")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
immunostimulant, antineoplastic

remzistotug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* PVRIG (apparenté au récepteur du poliovirus (PVR) contenant un domaine immunoglobuline, récepteur de NECTIN2, CD112 récepteur, CD112R)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*; chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-69*10 (95.9%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112)) (1-123) -*Homo sapiens*IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (220) (124-221), charnière 1-15 (222-236), CH2 (237-346), CH3 D12 (362), L14 (364) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-213')- disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-39*01 (100%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.8] (27'-32'.50'-52'.89'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213')]; dimère (232-232":235-235")- bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa
immunostimulant, antinéoplasique

remzistotug

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* PVRIG (relacionado con el receptor del poliovirus (PVR) que contiene un domnio inmunoglobulina, receptor de NECTIN2, CD112 receptor, CD112R)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*;
cadena pesada H-gamma1 *Homo sapiens* (1-453) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-69*10 (95.9%) -(IGHD) -IGHJ5*02 (100%), CDR-IMGT [8.8.16] (26-33.51-58.97-112)) (1-123) -*Homo sapiens*IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (220) (124-221), bisagra 1-15 (222-236), CH2 (237-346), CH3 D12 (362), L14 (364) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)], (226-213')- disulfuro con la cadena ligera L-kappa *Homo sapiens* (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-39*01 (100%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.8] (27'-32'.50'-52'.89'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens*IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (152'), V101 (190')) (107'-213')]; dímero (232-232":235-235")- bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa
inmunoestimulante, antineoplásico

2920425-39-2

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGTFS SAAISWVRQA PGQGLEWMGN 50
IIPIVGIAN Y A QKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSSLRSED TAVYYCARDT 100
GRGYTRHFWF DFWGQGT LVT VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC 150
LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG 200
TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSCDKTH TCPPCPAPPEL LGGGPSVFLFP 250
PKPKDTLMIS RTPEVTCVVV DVSHEDPEVK FNWYVDGVEV HNAKTKPREE 300
QYNSTYRVVS VLTVLHQDWL NGKEYKCKVS NKALPAPIEK TISKAKGQPRE 350
EPQVYTLPPS RDELTKNQVS LTCLVKGFYP SDIAVEWESN GQPENNYKTT 400
PPVLDSGGSF FLYSKLTVDK SRWQQGNVFS CSMVHEALHN HYTQKSLSL 450
PGK 453

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIQMTQSPSS LSASVGDRTV ITCRASQGIS SYLNWYQQKP GKAPKLLIYA 50
ASSLQSGVPS RFGSGSGGTD FTLTISSLQP EDFATYYCQQ SDILYTFGGG 100
TKVEIKRTVA APSVFIFPPS DEQLKSGTAS VVCLLNNFYP REAKVQWKVD 150
NALQSGNSQE SVTEQDSKDS TYSLSSLTTL SKADYEKKHV YACEVTHQGL 200
SSPVTKSFNR GEC 213

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 150-206 267-327 373-431
22"-96" 150"-206" 267"-327" 373"-431"
Intra-L (C23-C104) 23'-88" 133'-193'
23"-88" 133"-193"
Inter-H-L (h 5-CL 126) 226-213' 226"-213"
Inter-H-H (h 11, h 14) 232-232" 235-235"

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal
Q > pyroglutamyl (pE, 5-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: 303, 303"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados

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

repinatrabitum
repinatrabit

(3*R*)-3-[cyclopropyl({[2-fluoro-4-(trifluoromethoxy)phenyl]methyl}carbamoyl)amino]piperidine-1-carboxamide
solute carrier family 6 member 19 (SLC6A19) inhibitor (phenylketonuria)

répinatrabit

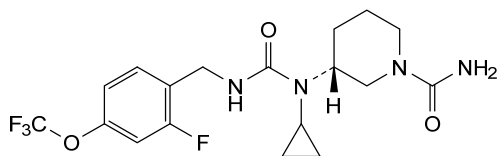
(3*R*)-3-[cyclopropyl({[2-fluoro-4-(trifluorométhoxy)phényl]méthyl}carbamoyl)amino]pipéridine-1-carboxamide
inhibiteur de la famille 6 des transporteurs de solutés, membre 19 (SLC6A19) (phénylcétonurie)

repinatrabit

(3*R*)-3-(*N*-ciclopropil({[2-fluoro-4-(trifluorometoxi)fenil]metil}carbamoyl)amino]piperidina-1-carboxamida
inhibidor del miembro 19 de la familia 6 de portadores de solutos (fnilcetonuria)

C₁₈H₂₂F₄N₄O₃

2837993-05-0

**rescabtagenum autoleuclum**

rescabtagene autoleuclum

autologous T lymphocytes derived from peripheral blood mononuclear cells obtained by leukapheresis, transduced with a self-inactivating, non-replicating lentiviral vector encoding a chimeric antigen receptor (CAR) targeting CD19.

The expressed transgene comprises a CD8 α signal peptide, an anti-CD19 humanised single chain variable fragment (scFv) (clone IC78), a CD8 α hinge and transmembrane region, and a 4-1BB co-stimulatory domain and CD3 ζ signaling domain, under control of the elongation factor-1 alpha (EF-1 α) promoter. The construct is flanked by 5' and 3' long terminal repeats (LTRs) and also contains an HIV-1 ψ packaging signal, part of the HIV-1 *gag* and *env* genes, a Rev response element (RRE), a central polypurine tract/central termination sequence (cPPT/CTS), a Woodchuck hepatitis virus posttranscriptional regulatory element (WPRE) and the *nef* gene. 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 supplemented with serum replacement and interleukin 2 (IL-2). The cell suspension consists of T lymphocytes ($\geq 80\%$) with greater than 10% of the T lymphocytes expressing the CAR transgene, other cell types (expressing CD16, CD14 and CD19) are present at $\leq 20\%$, and memory T lymphocyte subsets are phenotypically determined. The cells exhibit cytotoxicity towards CD19 expressing B lymphocytes upon co-culture

cell-based gene therapy (anti-inflammatory)

résécabtagène autoleuclum

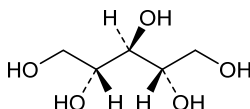
lymphocytes autologues dérivés de cellules mononucléées du sang périphérique (CMSP) obtenues par leucaphérèse, transduits avec un vecteur lentiviral auto-inactivant et non réplicatif codant un récepteur antigénique chimérique (CAR), qui cible le CD19.

Le transgène exprimé comprend un peptide signal CD8 α , un fragment variable à chaîne unique (scFv) humanisée anti-CD19 (clone IC78), une région charnière et transmembranaire CD8 α , un domaine co-stimulant 4-1BB et un domaine de signalisation CD3 ζ , sous contrôle du promoteur du facteur d'élongation-1 alpha (EF-1 α). La construction est flanquée, en 5' et 3', de répétitions terminales longues (LTR) et contient également un signal d'encapsulation ψ , une partie des gènes *gag* et *env* du virus de l'immunodéficience humaine (VIH), un élément de réponse Rev (RRE), une séquence centrale du tractus polypurine (cPPT)/centrale de terminaison (CTS), et un élément régulateur posttranscriptionnel du virus de l'hépatite de la marmotte (WPRE) et le gène *nef*. 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 les antagonistes CD3 et CD28, et transduit avec le vecteur lentiviral. Les cellules sont ensuite mises en expansion dans un milieu supplémenté avec un substitut de sérum, et de l'interleukine-2 (IL-2). La suspension cellulaire est constituée de lymphocytes T (≥80%), avec plus de 10% de lymphocytes T exprimant le transgène CAR, d'autres types cellulaires (exprimant CD16, CD14 et CD19) sont présents à ≤20%, et des sous-ensembles de lymphocytes T à mémoire sont déterminés phénotypiquement. Les cellules montrent une cytotoxicité vis-à-vis les lymphocytes B exprimant CD19, lors d'une coculture <i>thérapie génique à base de cellules (anti-inflammatoire)</i>
rescabtagén autoleucel	linfocitos T autólogos derivados de células mononucleares de sangre periférica obtenidas por leucoaféresis, transducidos con un vector lentiviral auto inactivante, no replicativo, que codifica para un receptor de antígenos quimérico (CAR) dirigido a CD19. El transgén expresado consta de un péptido señal de CD8α, un fragmento variable de cadena sencilla (scFv) humanizado anti-CD19 (clon IC78), una región bisagra y transmembrana de CD8α, un dominio coestimulador de 4-1BB y un dominio de señalización de CD3ζ, bajo el control del promotor del factor de elongación-1 alfa (EF-1α). El constructo está flanqueado por repeticiones terminales largas (LTRs) en 5' y 3' y también contiene una señal de empaquetamiento ψ del HIV-1, parte de los genes <i>gag</i> y <i>env</i> del HIV, un elemento de respuesta Rev (RRE), una secuencia de tracto de poli-purina/terminación central (cPPT/CTS), un elemento regulador post-transcripcional del virus de la hepatitis de la marmota (WPRE) y el gen <i>nef</i>. El vector está pseudotipado con la glicoproteína G del virus de la estomatitis vesicular (VSV). El material de leucoaféresis se enriquece en linfocitos T CD4+/CD8+ mediante inmunoselección positiva, se activa mediante agonistas de CD3 y CD28 y se transduce con el vector lentiviral. Las células después se expanden en medio suplementado con sustituto de suero e interleuquina 2 (IL-2). La suspensión celular consiste en linfocitos T (≥80%), con más del 10% de los linfocitos T que expresan el transgén del CAR, otros tipos celulares (que expresan CD16, CD14 y CD19) están presentes en ≤20% y los subtipos de linfocitos T de memoria se determinan fenotípicamente. Las células muestran citotoxicidad hacia linfocitos B que expresan CD19 cuando se co-cultivan <i>terapia génica basada en células (antiinflamatorio)</i>
ribitolum	
ribitol	<i>meso-ribitol</i> <i>substrate for glycosylation of alpha-dystroglycan</i>
ribitol	<i>mésó-ribitol</i> <i>substrat pour la glycosylation de l'alpha-dystroglycane</i>
ribitol	<i>meso-ribitol</i> <i>sustrato para la glucosilación del alfa-distroglucano</i>



488-81-3



rilogrotugum #
rilogrotug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* GDF15 (growth differentiation factor 15, macrophage inhibitory cytokine-1, MIC-1, MIC1, non-steroidal anti-inflammatory drug (NSAID)-activated gene-1, NAG-1, NSAID-regulated gene 1, NRG-1, prostate differentiation factor, PDF, placental TGF beta, PTGFB)], humanized monoclonal antibody; H-gamma1 heavy chain humanized (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*02 (83.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 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)], (223-214')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-NL1*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, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimer (229-229":232-232")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa *human growth differentiation factor-15 (GDF15) blocker*

rilogrotug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* GDF15 (facteur de croissance et différenciation 15, cytokine-1 inhibitrice des macrophages, MIC-1, MIC1, gène 1 activé par les anti-inflammatoires non stéroïdiens (AINS), NAG-1, gène 1 régulé par les AINS, NRG-1, facteur de différenciation de la prostate, PDF, TGF bêta placentaire, PTGFB)], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*02 (83.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 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)], (223-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-NL1*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, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimère (229-229":232-232")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa *bloqueur du facteur de différenciation de la croissance humaine 15 (GDF15)*

rilogrotug

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* GDF15 (factor de crecimiento y diferenciación 15, citoquina-1 inhibidora de los macrófagos, MIC-1, MIC1, gen 1 activado por los antiinflamatorios no esteroideos (AINES), NAG-1, gen 1 regulado por los AINES, NRG-1, factor de diferenciación de la próstata, PDF, TGF beta placentaria, PTGFB)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*02 (83.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (217) (121-218), bisagra 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-NL1*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, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dímero (229-229":232-232")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa *bloqueador del factor-15 de diferenciación de crecimiento humano (GDF-15)*

2894138-72-6

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada	
QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGYTFS DYNMDWVRQA PGQGLEWMGQ	50
INPNNGLIFF NQKFKGRVTL TADKSTSTAY MELSSLRSED TAVYYCAREA	100
ITTVGAMDYW GQGTLVTVSS ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK	150
DYFPEPTVS WNSGALTSVG HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT	200
YICNVNHKPS NTKVDKRVEP KSCDKTHTCP PCPAPPELLGG PSVFLFPPPK	250
KDTLMISRTPEVTCVVVDVS HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN	300
STYRVVSVLT VLHQDNLNGK EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ	350
VYTLPPSREE MTKNQVSLTC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV	400
LDSDGSFFLY SKLTVDKSRW QQGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPGK	450
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera	
DIQMTQSPSS LSASVGDRVT ITCRTSENLH NYLAWYQQKP GKAPKLLIYD	50
AKTLADGVPS RFGSGSGSTD YTLTISSLQF EDFATYYCQH FWSSPYTFGQ	100
GTKLEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV	150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG	200
LSSPVTKSFN RGEC	214

Post-translational modifications

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro	
Intra-H (C23-C104)	22-96 147-203 264-324 370-428
	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 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: 300, 300"

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

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

rivasteratum

rivasterat

methyl (20*E*)-3β-[(4,6-di-*O*-acetyl-2,3-dideoxy-α-*D*-*erythro*-hex-2-enopyranosyl)oxy]-27-norcholesta-5,20(22)-dien-26-oate
cholesterol-derived steroid, anti-inflammatory

rivastérat

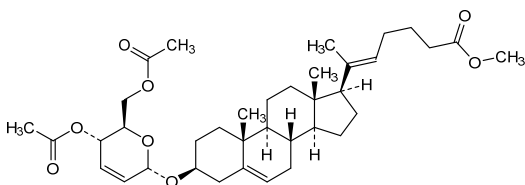
(20*E*)-3β-[(4,6-di-*O*-acétyl-2,3-didésoxy-α-*D*-érythro-hex-2-énopyranosyl)oxy]-27-norcholesta-5,20(22)-dién-26-oate de méthyle
stéroïde dérivé du cholestérol, anti-inflammatoire

rivasterat

(20*E*)-3β-[(4,6-di-*O*-acetil-2,3-didesoxi-α-*D*-*eritro*-hex-2-enopiranosil)oxi]-27-norcolesta-5,20(22)-dien-26-oato de metilo
esteroide derivado del colesterol, antiinflamatorio

C₃₇H₅₄O₈

2446590-96-9

**rosolutamidum**

rosolutamide

(1*E*,6*E*)-4-(cyclobutylmethyl)-1,7-bis(3,4-dimethoxyphenyl)hepta-1,6-diene-3,5-dione
antiandrogen

rosolutamide

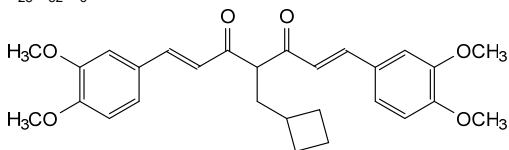
(1*E*,6*E*)-4-(cyclobutylméthyl)-1,7-bis(3,4-diméthoxyphényl)hepta-1,6-diène-3,5-dione
antiandrogène

rosolutamida

(1*E*,6*E*)-4-(ciclobutilmetil)-1,7-bis(3,4-dimetoxifenil)hepta-1,6-dieno-3,5-diona
antiandrógeno

C₂₈H₃₂O₆

1039760-91-2

**ruxoprubartum #**

ruxoprubart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CFB (complement factor B, B-factor properdin, properdin factor B, properdin B, BFD, BF) activated (Bb)],

	H-gamma1 heavy chain (1-451) [VH Musmus/Homsap (<i>Mus musculus</i> IGHV1-7*02 (90.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%) S123>L (116)/<i>Homo sapiens</i> IGHV1-46*01 (74.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v29 CH2 A84.4 (CH1 K120 (218) (122-219), hinge 1-15 (220-234), CH2 N84.4>A (301) (235-344), CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-214')-disulfide with L-kappa light chain (1'-214') [V-KAPPA Musmus/Homsap (<i>Mus musculus</i> IGKV16-104*01 (90.6%) -IGKJ2*03 (90.9%) S120>Q (100')/<i>Homo sapiens</i> IGKV1-9*01 (78.9%) -IGKJ2*02 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'') (1'-107') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214''); dimer (230-230":233-233")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, non-glycosylated complement factor Bb blocker, immunosuppressant
ruxoprubart	immunoglobuline G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> CFB (facteur B du complément, properdine B-facteur, properdine facteur B, properdine B, BFD, BF) activé (Bb)]; chaîne lourde H-gamma1 (1-451) [VH Musmus/Homsap (<i>Mus musculus</i> IGHV1-7*02 (90.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%) S123>L (116)/<i>Homo sapiens</i> IGHV1-46*01 (74.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v29 CH2 A84.4 (CH1 K120 (218) (122-219), charnière 1-15 (220-234), CH2 N84.4>A (301) (235-344), CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa (1'-214') [V-KAPPA Musmus/Homsap (<i>Mus musculus</i> IGKV16-104*01 (90.6%) -IGKJ2*03 (90.9%) S120>Q (100')/<i>Homo sapiens</i> IGKV1-9*01 (78.9%) -IGKJ2*02 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'') (1'-107') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214''); dimère (230-230":233-233")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), non-glycosylé bloqueur du facteur complémentaire Bb, immunosuppresseur
ruxoprubart	immunoglobulina G1-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> CFB (factor B del complemento, properdina B-factor, properdina factor B, properdina B, BFD, BF) activado (Bb)]; cadena pesada H-gamma1 (1-451) [VH Musmus/Homsap (<i>Mus musculus</i> IGHV1-7*02 (90.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%) S123>L (116)/<i>Homo sapiens</i> IGHV1-46*01 (74.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-33.51-58.97-110)) (1-121) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v29 CH2 A84.4 (CH1 K120 (218) (122-219), bisagra 1-15 (220-234), CH2 N84.4>A (301) (235-344), CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa (1'-214') [V-KAPPA Musmus/Homsap (<i>Mus musculus</i> IGKV16-104*01 (90.6%) -IGKJ2*03 (90.9%) S120>Q (100')/<i>Homo sapiens</i> IGKV1-9*01 (78.9%) -IGKJ2*02 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'') (1'-107') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214''); dímero (230-230":233-233")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), no glicosilado bloqueador del factor Bb del complemento (Bb), inmunosupresor

2842046-67-5

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QVQLVQSGAE VAKPGASVKM SCKASGYTFT NYWIHWVKQR PGQGLEWIGY 50
INPNTGYNDY NQKFQDKATL TADKSSSTVY MQLSSLTSED TAVYYCARGG 100
QLGLRRAMDY WQGGLTLVTVS SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAAAGCLV 150
KDYFFPEPTV SWNSGALTSG VHTFPAVLQS SGLYSLSVV TVPSSSLGTQ 200
TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSCDKHTHC PPCPAPELLG GPSVFLFPFK 250
PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
ASTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKGPREEP 350
QVYTLPPSRD ELTKNQVSLT CLVKGFYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTPP 400
VLDSDSGSFFL YSKLTVDKSR WQQGNVFSCS VMHEALHNY TQKSLSLSPG 450
K 451

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DVQITQSPSY LSASPGDTIT ITCRASKSIS KYLAWYQDKP GKTNKLIIYS 50
GSTLQSGIPS RFGSGSGSTE FTLTISSLQP DDFAMYQCQ HDEYPWTFGQ 100
GTKLEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKGVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22"-96" 148"-204" 265"-325" 371"-429"
22"-96" 148"-204" 265"-325" 371"-429"
Intra-L (C23-C104) 23'"-88'" 134'"-194'"
23'"-88'" 134'"-194'"
Inter-H-L (h 5-CL 126) 224"-214" 224"-214"
Inter-H-H (h 11, h 14) 230"-230" 233"-233"

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

No N-glycosylation sites / pas de sites de N-glycosylation / ningùn posició de N-glycosilació
H CH2 N84,4>A (G1v29): 301, 301"

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

safimestomigum #
safimestomig

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD47 (CD47 molecule, integrin associated protein, IAP, MER6, OA3)] and anti-[*Homo sapiens* CD274 (programmed cell death 1 ligand 1, PDL1, PD-L1, B7 homolog 1, B7H1, B7-H1, PDCD1LG1)], humanized monoclonal antibody, bispecific, bivalent; H-gamma4 heavy chain anti-CD47 humanized (1'-451') [VH (*Homo sapiens* IGHV1-3*01 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113))] (1'-124')-*Homo sapiens* IGHG4*01 *nG4m(a)* CH2 L92, G4v5 h P10, G4v6 CH3 K88, G4v11CH1 Q100, CH2 Y84.3, G4v12 CH3 K12, R115 (CH1 K100>Q (203) (125-222), hinge 1-12 S10>P (232) (223-234), CH2 F84.3>Y (300), L92 (313) (235-344), CH3 E12>K (360), R88>K (413), H115>R (439) (345-449), CHS (450-451)) (125-451)], (138-214')-disulfide with common L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-NL1*01 (88.4%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; H-gamma4 heavy chain anti-PD-L1 humanized (1"-446") [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69-2*01 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%) L123>T (114), CDR-IMGT [8.8.12] (26"-33".51"-58".97"-108")) (1"-119")]-*Homo sapiens* IGHG4*01 *nG4m(a)* CH2 L92, G4v5 h P10, G4v6 CH3 K88, G4v11 CH1 Q100, CH2 Y84.3,

	G4v13 CH3 E119 (CH1 K100>Q (198") (120"-217"), hinge 1-12 S10>P (227") (218"-229"), CH2 F84.3>Y (295"), L92 (308") (230"-339"), CH3 R88>K (408"), K119>E (438") (340"-444"), CHS (445"-446")) (120"-446")), (133"-214")-disulfide with common L-kappa light chain humanized (1"-214") [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-NL1*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, V101 (C-KAPPA A45.1 (153"), V101 (191")) (108"-214"))]; dimer (230-225":233-228")-bisdisulfide, produced in a cell line from Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, glycoform alfa <i>immunostimulant, antineoplastic</i>
safimestimig	immunoglobuline G4-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> CD47 (CD47 molécule, protéine associée à l'intégrine, IAP, MER6, OA3)] et anti-[<i>Homo sapiens</i> CD274 (ligand 1 de mort cellulaire programmée 1, PDL1, PD-L1, B7 homologue 1, B7H1, B7-H1, PDCD1LG1)], anticorps monoclonal humanisé, bispécifique, bivalent; chaîne lourde H-gamma4 anti-CD47 humanisée (1-451) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-3*01 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124)-<i>Homo sapiens</i> IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10, G4v6 CH3 K88, G4v11 CH1 Q100, CH2 Y84.3, G4v12 CH3 K12, R115 (CH1 K100>Q (203) (125-222), charnière 1-12 S10>P (232) (223-234), CH2 F84.3>Y (300), L92 (313) (235-344), CH3 E12>K (360), R88>K (413), H115>R (439) (345-449), CHS (450-451)) (125-451)], (138-214')-disulfure avec la chaîne légère commune L-kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-NL1*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, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; chaîne lourde H-gamma4 anti-PD-L1 humanisée (1"-446") [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-69-2*01 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%) L123>T (114), CDR-IMGT [8.8.12] (26"-33".51"-58".97"-108")) (1"-119")-<i>Homo sapiens</i> IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10, G4v6 CH3 K88, G4v11 CH1 Q100, CH2 Y84.3, G4v13 CH3 E119 (CH1 K100>Q (198") (120"-217"), charnière 1-12 S10>P (227") (218"-229"), CH2 F84.3>Y (295"), L92 (308") (230"-339"), CH3 R88>K (408"), K119>E (438") (340"-444"), CHS (445"-446")) (120"-446")), (133"-214")-disulfure avec la chaîne légère commune L-kappa humanisée (1"-214") [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-NL1*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, V101 (C-KAPPA A45.1 (153"), V101 (191")) (108"-214"))]; dimère (230-225":233-228")-bisdisulfure, produit dans une lignée cellulaire des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa <i>immunostimulant, antinéoplasique</i>
safimestimig	inmunoglobulina G4-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> CD47 (CD47 molécula, proteína asociada con la integrina, IAP, MER6, OA3)] y anti-[<i>Homo sapiens</i> CD274 (ligando 1 de muerte celular programada 1, PDL1, PD-L1, B7 homólogo 1, B7H1, B7-H1, PDCD1LG1)], anticuerpo monoclonal humanizado, biespecífico, bivalente; cadena pesada H-gamma4 anti-CD47 humanizada (1-451) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV1-3*01 (85.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124)-<i>Homo sapiens</i> IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10, G4v6 CH3 K88, G4v11 CH1 Q100, CH2 Y84.3, G4v12 CH3 K12, R115 (CH1 K100>Q (203) (125-222), bisagra 1-12 S10>P (232) (223-234), CH2 F84.3>Y (300), L92 (313) (235-344), CH3 E12>K (360), R88>K (413), H115>R (439) (345-449), CHS (450-451)) (125-451)], (138-214')-disulfuro con la cadena ligera común L-kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-NL1*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, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')];

cadena pesada H-gamma4 anti-PD-L1 humanizada (1"-446") [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69-2*01 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%) L123>T (114), CDR-IMGT [8.8.12] (26"-33".51"-58".97"-108")) (1"-119")-*Homo sapiens* IGHG4*01, *nG4m(a)* CH2 L92, G4v5 h P10, G4v6 CH3 K88, G4v11 CH1 Q100, CH2 Y84.3, G4v13 CH3 E119 (CH1 K100>Q (198") (120"-217"), bisagra 1-12 S10>P (227") (218"-229"), CH2 F84.3>Y (295"), L92 (308") (230"-339"), CH3 R88>K (408"), K119>E (438") (340"-444"), CHS (445"-446")) (120"-446"))], (133"-214")-disulfuro con la cadena ligera común L-kappa humanizada (1"-214") [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-NL1*01 (88.4%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27"-32".50"-52".89"-97")) (1"-107")-*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153"), V101 (191")) (108"-214")];dímero (230-225":233-228")-bisdisulfuro, producido en una línea celular de las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, forma glicosilada alfa *inmunoestimulante, antineoplásico*

2911590-72-0

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada : H-gamma4 anti-CD47 (H)
EVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYKFT NYVMSWVRQA PGQRLEWMGY 50
INFYNDAIKY NEKFTGRVTI TRDTSASTAY MELSSLRSED TAVYYCAREG 100
DFYANYGRGL FAYWGQGLTV TVSSASTKGP SVFPLAPCSR STSESTAALG 150
CLVKDYFFPEP VTVSWNSGAL TSGVHTFPAV LQSSGLYSLS SVTVTPSSSL 200
GTQTYTCNVD HKPSNTKVDK RVESKYGPFC PPCPAPEFLG GPSVFLFPPK 250
PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SQEDPEVQFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK GLPSSIEKTI SKAKGQPREP 350
QVYTLPPSQK EMTRKQVSLT CLVKGFIYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTTTP 400
VLDSGDSFFL YSKLTVDKSR WQEGNVFSCS VMHEALHNRY TQKSLSLSLG 450
K 451

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada : H-gamma4 anti-CD274 (H")
EVQLVQSGAE VKKPGATVKI SCKVSGFNK DIYMHVWQQA PGKGLEWMGR 50
IDPANANTKY DPKFQDRVTI TADTSTNTAY MELSSLRSED TAVYYCASGQ 100
LGPLGFDYWG QGTTVTVSSA STKGPSVFPL APCSRSTSES TAALGCLVKD 150
YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFPVAVLQSSG LYSLSSTVTV PSSSLGTQTY 200
TCNVDHKPSN TKVDKRVESK YGPPCPPCPA PEFLLGGPSVF LFPPKPKDTL 250
MISRTPEVTC VVVDVQEDP EVQFNWYVDG VEVHNAKTKP REEQYNSTYR 300
VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC KVSNGKLPSS IEKTIKAKG QPREPQVYTL 350
PPSQEEMTKN QVSLTCLVKG FYPSDIAVEW ESNQGPENNY KTTPPVLDSD 400
GSFFLYSKLT VDKSRWQEGN VFSCSVMHEA LHNHYTQESL SLSLKG 446

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera : L-kappa common (L', L")
DIQMTPSPSS LSASVGDRTV ITCRASQDIS NYLNWYQKP GKAPKLLLYY 50
TSRLHSGVPS RFGSGSGSTD YTLTISLQP EDFATYFCQQ GAGFPYTFGG 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEC 214

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 151-207 265-325 371-429
22"-96" 146"-202" 260"-320" 366"-424"
Intra-L (C23-C104) 23'-88' 134'-194'
23"'-88"' 134"'-194"
Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 138-214' 133"-214"
Inter-H-H (h 8, h 11) 230-225" 233-228"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 301, 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: 451, 446"

salanersenum

salanersen

all-P-ambo-5-methyl-2'-O-[2-(methylamino)-2-oxoethyl]-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-O-[2-(methylamino)-2-oxoethyl]adenylyl-(3'→5')-5-methyl-2'-O-[2-(methylamino)-2-oxoethyl]-P-thiocytidylyl-(3'→5')-5-methyl-2'-O-[2-(methylamino)-2-oxoethyl]uridylyl-(3'→5')-5-methyl-2'-O-[2-(methylamino)-2-oxoethyl]-P-thiouridylyl-(3'→5')-5-methyl-2'-O-[2-(methylamino)-2-oxoethyl]-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-O-[2-(methylamino)-2-oxoethyl]-P-thioadenylyl-(3'→5')-5-methyl-2'-O-[2-(methylamino)-2-oxoethyl]-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-[2-(methylamino)-2-oxoethyl]-P-thioadenylyl-(3'→5')-2'-O-[2-(methylamino)-2-oxoethyl]-P-thioadenylyl-(3'→5')-5-methyl-2'-O-[2-(methylamino)-2-oxoethyl]-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-[2-(methylamino)-2-oxoethyl]-P-thioguanilyl-(3'→5')-5-methyl-2'-O-[2-(methylamino)-2-oxoethyl]-P-thiocytidylyl-(3'→5')-5-methyl-2'-O-[2-(methylamino)-2-oxoethyl]-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-[2-(methylamino)-2-oxoethyl]-P-thioguanilyl-(3'→5')-2'-O-[2-(methylamino)-2-oxoethyl]-P-thioguanilyl-(3'→5')-5-methyl-2'-O-[2-(methylamino)-2-oxoethyl]cytidine
survival motor neuron 2 (SMN2) synthesis inducer

salanersen

tout-P-ambo-5-méthyl-2'-O-[2-(méthylamino)-2-oxoéthyl]-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-O-[2-(méthylamino)-2-oxoéthyl]adénylyl-(3'→5')-5-méthyl-2'-O-[2-(méthylamino)-2-oxoéthyl]-P-thiocytidylyl-(3'→5')-5-méthyl-2'-O-[2-(méthylamino)-2-oxoéthyl]uridylyl-(3'→5')-5-méthyl-2'-O-[2-(méthylamino)-2-oxoéthyl]-P-thiouridylyl-(3'→5')-5-méthyl-2'-O-[2-(méthylamino)-2-oxoéthyl]-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-O-[2-(méthylamino)-2-oxoéthyl]-P-thioadénylyl-(3'→5')-5-méthyl-2'-O-[2-(méthylamino)-2-oxoéthyl]-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-[2-(méthylamino)-2-oxoéthyl]-P-thioadénylyl-(3'→5')-2'-O-[2-(méthylamino)-2-oxoéthyl]-P-thioadénylyl-(3'→5')-5-méthyl-2'-O-[2-(méthylamino)-2-oxoéthyl]-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-[2-(méthylamino)-2-oxoéthyl]-P-thioguanilyl-(3'→5')-5-méthyl-2'-O-[2-(méthylamino)-2-oxoéthyl]-P-thiocytidylyl-(3'→5')-5-méthyl-2'-O-[2-(méthylamino)-2-oxoéthyl]-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-[2-(méthylamino)-2-oxoéthyl]-P-thioguanilyl-(3'→5')-2'-O-[2-(méthylamino)-2-oxoéthyl]-P-thioguanilyl-(3'→5')-5-méthyl-2'-O-[2-(méthylamino)-2-oxoéthyl]cytidine
inducteur de synthèse de la protéine de survie du motoneurone 2 (SMN2)

salanersén

todo-P-ambo-5-metil-2'-O-[2-(metilamino)-2-oxoetil]-P-tiocitidilil-(3'→5')-2'-O-[2-(metilamino)-2-oxoetil]adenilil-(3'→5')-5-metil-2'-O-[2-(metilamino)-2-oxoetil]-P-tiocitidilil-(3'→5')-5-metil-2'-O-[2-(metilamino)-2-oxoetil]uridilil-(3'→5')-5-metil-2'-O-[2-(metilamino)-2-oxoetil]-P-tiouridilil-(3'→5')-5-metil-2'-O-[2-(metilamino)-2-oxoetil]-P-tiocitidilil-(3'→5')-2'-O-[2-(metilamino)-2-oxoetil]-P-tioadenilil-(3'→5')-5-metil-2'-O-[2-(metilamino)-2-oxoetil]-P-tiouridilil-(3'→5')-2'-O-[2-(metilamino)-2-oxoetil]-P-tioadenilil-(3'→5')-5-metil-2'-O-[2-(metilamino)-2-oxoetil]-P-tiouridilil-(3'→5')-2'-O-[2-(metilamino)-2-oxoetil]-P-tioguanilil-(3'→5')-5-metil-2'-O-[2-(metilamino)-2-oxoetil]-P-tiocitidilil-(3'→5')-5-metil-2'-O-[2-(metilamino)-2-oxoetil]-P-tiouridilil-(3'→5')-2'-O-[2-(metilamino)-2-oxoetil]-P-tioguanilil-(3'→5')-5-metil-2'-O-[2-(metilamino)-2-oxoetil]citidina
inductor de la síntesis de la proteína de supervivencia de la motoneurona 2 (SMN2)

C₂₃₄H₃₂₃O₁₂₉N₈₀P₁₇S₁₅

2701584-16-7

(3'-5')m⁵C=A-m⁵C=m⁵U-m⁵U=m⁵U=m⁵C=A=m⁵U=A=A=m⁵U=G=m⁵C=m⁵U=G=m⁵C

N : nucleoside / nucléoside / nucleósido

m⁵N : 5-methyl-N / 5-méthyl-N / 5-metil-N

N : 2'-O-[2-(methylamino)-2-oxoethyl]-N / 2'-O-[2-(méthylamino)-2-oxoéthyl]-N / 2'-O-[2-(metilamino)-2-oxoetil]-N

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

sapecmeranum autogenum
sapecmeran autogene

self-amplifying messenger RNA (samRNA), 5' capped, based on Venezuelan equine encephalitis virus (VEEV) (wildtype Trinidad donkey strain) genomic RNA in which the coding sequences for the VEEV structural proteins have been deleted and replaced by a patient-specific cassette expressing 20 tumour-specific neoantigens (TSNAs). The expression cassette comprises coding sequences for methionine, alanine and glycine (MAG), the 20 patient-specific TSNAs, and an MHC class II helper domain consisting of two universal CD4+ T helper lymphocyte epitopes, PADRE (pan HLA DR-binding epitope) and tetanus toxoid P2 (amino acids 830-844 of tetanus toxin Tc), linked by glycine-proline linkers (GPGPG). The expression cassette is under the control of the VEEV subgenomic 26S promoter located 5' of the inserted TSNA cassette. The samRNA also encodes codon-optimized VEEV non-structural proteins 1-4 (nsP1-4) plus the 5' and 3' RNA sequences required for RNA replication

immune response inducer, antineoplastic

sapecméran autogène

ARN messenger auto-amplifiant (ARNaa), avec une coiffe en 5', basé sur l'ARN génomique du virus de l'encéphalite équine vénézuélienne (VEEV) (souche sauvage asinienne de Trinidad), dans lequel les séquences codant les protéines structurales ont été éliminées et remplacées par une cassette, propre au patient, exprimant 20 néoantigènes spécifiques de tumeur (NAST). La cassette d'expression contient les séquences pour la méthionine, l'alanine et la glycine (MAG), les 20 NAST spécifiques du patient, un domaine auxiliaire du CMH de classe II composé de deux épitopes universels des lymphocytes T CD4+ helper, PADRE (épitope de liaison pan HLA-DR), et l'anatoxine tétanique P2 (acides aminés 830-844 de la tétanospasmine), reliés par des coupleurs glycine-proline (GPGPG). La cassette d'expression est sous le contrôle du promoteur sous-génomique 26S de VEEV situé en 5' de la cassette NAST insérée. L'ARNaa code également les protéines non structurales du VEEV optimisées par le codon 1-4 (nsP1-4), ainsi que les séquences d'ARN 5' et 3' requises pour la réplication de l'ARN

inducteur de réponse immunitaire, antinéoplasique

sapecmerán autogén

ARN mensajero auto amplificante (samARN), protegido en 5', basado en el ARN genómico del virus de la encefalitis equina venezolana (VEEV) (cepa silvestre de burro de Trinidad) en el que se han delecionado las secuencias que codifican para las proteínas estructurales del VEEV y se reemplazan por un casete específico de paciente que expresa 20 neoantígenos específicos de tumor (TSNAs). El casete de expresión consta

de secuencias que codifican para metionina, alanina y glicina (MAG), los 20 TSNA's específicos de paciente, y un dominio ayudante de clase II que consiste en dos epítomos universales de linfocitos T CD4+ helper, PADRE (epítomo de unión a pan HLA DR) y el epítomo P2 del toxoide tetánico (aminoácidos 830-844 de la toxina tetánica Tc), ligados mediante enlazadores de glicina-prolina (GPGPG). El casete de expresión está bajo el control del promotor subgenómico 26S de VEEV localizado 5' del casete TSNA insertado. El samARN también codifica, con codones optimizados, para las proteínas no estructurales 1-4 (nsP1-P4) del VEEV más las secuencias de ARN en 5' y 3' requeridas para la replicación del ARN

inductor de la respuesta inmunitaria, antineoplásico

2805319-17-7

selonabantum

selonabant

N-tert-butyl-3-{{(R)-(4-chlorophenyl)[2-(trifluoromethyl)phenyl]methoxy}azetidine-1-carboxamide
cannabinoid receptor 1 (CB1) antagonist

sélonabant

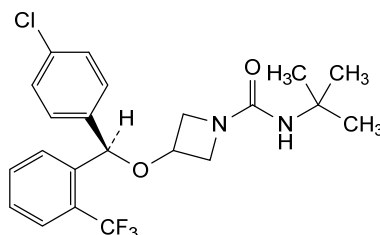
N-tert-butyl-3-{{(R)-(4-chlorophényl)[2-(trifluorométhyl)phényl]méthoxy}azétidine-1-carboxamide
antagoniste du récepteur cannabinoïde 1 (CB1)

selonabant

N-terc-butil-3-{{(R)-(4-clorofenil)[2-(trifluorometil)fenil]metoxi}azetidina-1-carboxamida
antagonista del receptor cannabinoide 1 (CB1)

C₂₂H₂₄ClF₃N₂O₂

791848-71-0



senacnagenum enfaleucelum

senacnagene enfaleucel

allogeneic natural killer (NK) cells derived from peripheral blood mononuclear cells (PBMC) obtained by leukapheresis from healthy donors, transduced with a replication deficient murine stem cell virus (MSCV) derived γ-retroviral vector encoding (i) an activating chimeric receptor (ACR) composed of a CD8α signal peptide, the extracellular domain of the natural killer group 2, member D (NKG2D) receptor (also known as killer cell lectin-like receptor K1 (KLRK1)), fused to a CD8α transmembrane domain, an OX40 costimulatory domain and a CD3ζ signalling domain, and (ii) interleukin-15 (IL-15) preceded by a CD8α signal peptide and fused to a CD8α hinge and transmembrane domain, which creates a membrane bound form of IL-15 (mbIL-15), separated by a self-cleaving T2A peptide. The vector is pseudotyped with RD-114 virus envelope glycoprotein. The CD56+ CD3- NK cells are isolated by leukapheresis and co-cultured with a modified and irradiated K562 cell line.

Specifically, the NK cells are isolated through a series of steps, first to reduce platelets and red blood cells, followed by a CD3+ depletion step, and lastly a positive selection using CD56+ enrichment. The cells are cultured in serum replacement media containing interleukin-2 (IL-2) and co-cultured with a modified and irradiated K562 cell line. The cells are then transduced with the retroviral vector, and the transduced NK cells are further expanded in media containing IL-2.

The final substance consists of ≥90% CD56+CD3-NK cells with ≥20% CD56+ cells expressing the transgene. Cells secrete granulocyte-macrophage colony-stimulating factor (GM-CSF), interferon gamma (IFN-γ), and tumor necrosis factor alpha (TNF-α) when co-cultured with anti-NKG2D-beads
cell-based gene therapy (antineoplastic)

sénacnagène enfaleucl

cellules tueuses naturelles (NK) allogéniques dérivées de cellules mononucléées du sang périphérique (CMSP) obtenues par leucaphérèse de donneurs sains, transduites avec le virus de cellules souches murines (MSCV), déficient pour la réplication, dérivé d'un vecteur γ-rétroviral codant: i) un récepteur antigénique chimérique (CAR), composé d'un peptide signal CD8α, le domaine extracellulaire du récepteur de cellules tueuses naturelles du groupe 2, membre D (NKG2D), (également connu sous le nom de récepteur K1 de cellules tueuses, de type lectine (KLRK1)), fusionné à un domaine transmembranaire de CD8α, un domaine de costimulation OX40, et un domaine de signalisation de CD3ζ; et, ii) l'interleukine-15 (IL-15) précédée d'un peptide signal CD8α, fusionnée avec un domaine charnière CD8α, un domaine transmembranaire, qui crée une forme d'IL-15 liée à la membrane (mbIL-15), séparée par un peptide T2A, autoclivable. Le vecteur est pseudotypé avec la glycoprotéine d'enveloppe du virus RD-114.

Les cellules NK CD56+CD3- sont isolées par leucaphérèse et cocultivées avec une lignée cellulaire K562 modifiée et irradiée. Plus précisément, les cellules NK sont isolées à travers une série d'étapes, d'abord la réduction des plaquettes et des globules rouges, puis une étape de déplétion des CD53+ et, enfin, une sélection positive par enrichissement en CD56+. Les cellules sont cultivées dans un milieu de substitution contenant de l'interleukine-2 (IL-2) et cocultivées avec une lignée cellulaire K562 modifiée et irradiée. Les cellules sont transduites avec le vecteur rétroviral, et les cellules NK transduites sont ensuite mises en expansion dans un milieu contenant de l'IL-2.

La substance final est constitué de ≥90% de cellules NK CD56+CD3- avec ≥20% de cellules NK CD56+ exprimant le transgène. Ces cellules sécrètent le facteur de stimulation des colonies de granulocytes et de macrophages (GM-CSF), l'interféron gamma (IFN-γ), et le facteur de nécrose tumorale alpha (TNF-α), lorsqu'elles sont cocultivées avec des billes anti-NKG2D

thérapie génique à base de cellules (antinéoplasique)

senacnagén enfaleucl

células natural killer (NK) alogénicas derivadas de células mononucleares de sangre periférica (PBMK) obtenidas por leucoaféresis de donantes sanos, transducidas con un vector γ-rétroviral derivado del virus de células troncales murino (MSCV) deficiente en replicación, que codifica para (i) un receptor quimérico activador (ACR) compuesto por un péptido señal de CD8α, el dominio extracelular del receptor de natural killer grupo 2, miembro D (NKG2D) (también conocido como receptor K1 de

célula killer similar a lectina (KLRK-1)), fusionado a un dominio transmembrana de CD8 α , un dominio coestimulador de OX40 y un dominio de señalización de CD3 ζ , y (ii) interleuquina- 15 (IL-15) precedido por un péptido señal de CD8 α y fusionado a un dominio bisagra y transmembrana de CD8 α , lo cual genera una forma unida a membrana de IL-15 (mbIL-15), separados por un péptido de autoexcisión T2A. El vector está pseudotipado con una glicoproteína de la envuelta del virus RD-114.

Las células NK CD56+ CD3- se aíslan por leucoaféresis y se co-cultivan con una línea celular K562 modificada e irradiada. Específicamente, las células NK se aíslan a través de una serie de pasos, primero para reducir plaquetas y eritrocitos, seguido de un paso de depleción de CD3+ y finalmente una selección positiva usando enriquecimiento de CD56+. Las células se cultivan en medio con sustituto de suero que contiene interleuquina-2 (IL-2) y se co-cultivan con una línea K562 modificada e irradiada. Las células se transducen después con el vector retroviral y las células NK transducidas se expanden en medio que contiene IL-2.

La substancia final consiste en $\geq 90\%$ de células NK CD56+CD3- con $\geq 20\%$ de las células CD56+ que expresan el transgén. Las células secretan factor estimulador de colonias de granulocitos-macrófagos (GM-CSF), interferón gamma (IFN- γ) y factor de necrosis tumoral alfa (TNF- α) cuando se co-cultivan con bolas anti-NKG2D

terapia génica basada en células (antineoplásico)

senvesiranum

senvesiran

[(2S,4R)-1-(1-[(2-acetamido-2-deoxy- β -D-galactopyranosyl)oxy]-16,16-bis{[3-[(3-{5-[(2-acetamido-2-deoxy- β -D-galactopyranosyl)oxy]pentanamido)propyl]amino]-3-oxopropyl}methyl)-5,11,18-trioxo-14-oxa-6,10,17-triazanonacosan-29-oyl)-4-hydroxypyrrolidin-2-yl)methyl hydrogen

*all-P-ambo-2'-O-methyl-P-thioguanlyl-(3'→5')-2'-O-methyl-P-thiocytidyl-(3'→5')-2'-O-methyladenyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenyl-(3'→5')-2'-O-methyladenyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorocytidyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroadenyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorocytidyl-(3'→5')-2'-O-methyluridyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenyl-(3'→5')-2'-O-methyluridyl-(3'→5')-2'-O-methyluridyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylate duplex with *all-P-ambo-2'-O-methyl-P-thiocytidyl-(5'→3')-2'-O-methyl-P-thioadenyl-(5'→3')-2'-O-methylcytidyl-(5'→3')-2'-O-methylguanylyl-(5'→3')-2'-O-methyluridyl-(5'→3')-2'-O-methylcytidyl-(5'→3')-2'-O-methyluridyl-(5'→3')-2'-O-methyluridyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluorocytidyl-(5'→3')-2'-O-methylguanylyl-(5'→3')-thymidyl-(5'→3')-2'-O-methylguanylyl-(5'→3')-2'-O-methyladenyl-(5'→3')-2'-O-methylcytidyl-(5'→3')-2'-O-methyluridyl-(5'→3')-2'-deoxycytidyl-(5'→3')-2'-O-methyluridyl-(5'→3')-2'-deoxyadenyl-(5'→3')-2'-O-methyladenyl-(5'→3')-2'-O-methyl-P-thioguanlyl-(5'→3')-2'-deoxy-P-thiocytidyl-(5'→3')-2'-O-methyladenosine*
*ketohehexokinase synthesis reducer**

senvésiran

tout-P-ambo-2'-O-méthyl-P-thioguanlyl-(3'→5')-2'-O-méthyl-P-thiocytidyl-(3'→5')-2'-O-méthyladényl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladényl-(3'→5')-2'-O-méthyladényl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluorocytidyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroadényl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluorocytidyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladényl-(3'→5')-2'-O-méthyluridyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-hydrogène-2'-O-méthyluridylate de

[2(S,4R)-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
duplex avec *tout-P-ambo-2'-O-méthyl-P-thiocytidyl-(5'→3')-2'-O-méthyl-P-thioadényl-(5'→3')-2'-O-méthylcytidyl-(5'→3')-2'-O-méthylguanylyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridyl-(5'→3')-2'-O-méthylcytidyl-(5'→3')-2'-O-méthylcytidyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluorocytidyl-(5'→3')-2'-O-méthylguanylyl-(5'→3')-thymidyl-(5'→3')-2'-O-méthylguanylyl-(5'→3')-2'-O-méthyladényl-(5'→3')-2'-O-méthylcytidyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridyl-(5'→3')-2'-désoxycytidyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridyl-(5'→3')-2'-désoxyadényl-(5'→3')-2'-O-méthyladényl-(5'→3')-2'-O-méthyl-P-thioguanlyl-(5'→3')-2'-désoxy-P-thiocytidyl-(5'→3')-2'-O-méthyladénosine*
réducteur de synthèse de cétohexokinase

senvesirán

*todo-P-ambo-2'-O-metil-P-tioguanilil-(3'→5')-2'-O-metil-P-tiocitidilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorocitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroadenilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorocitidilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-hidrógeno-2'-O-metiluridilato de [(2S,4R)-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-ol)-4-hidroxi-pirrolidin-2-il]metilo dúplex con *todo-P-ambo-2'-O-metil-P-tiocitidilil-(5'→3')-2'-O-metil-P-tioadenilil-(5'→3')-2'-O-metilcitidilil-(5'→3')-2'-O-metilguanilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-2'-O-metilcitidilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluorocitidilil-(5'→3')-2'-O-metilguanilil-(5'→3')-timidilil-(5'→3')-2'-O-metilguanilil-(5'→3')-2'-O-metiladenilil-(5'→3')-2'-O-metilcytidilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-2'-desoxicitidilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-2'-desoxiadenilil-(5'→3')-2'-O-metiladenilil-(5'→3')-2'-O-metil-P-tioguanilil-(5'→3')-2'-desoxi-P-tiocitidilil-(5'→3')-2'-O-metiladenosina*
*reductor de la síntesis de cetohehexokinasa**

$$\text{C}_{533}\text{H}_{728}\text{F}_4\text{N}_{177}\text{O}_{322}\text{P}_{43}\text{S}_6$$

2894810-55-8

(3'-5')G=C=A-G-G-A-A-G-C-A-C-U-G-A-G-A-U-U-C-G-U-R

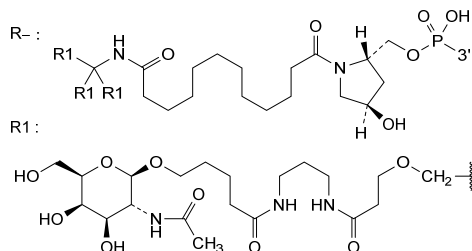
 (5'-3')C=A=C-G-U-C-C-U-U-C-G-T-G-A-C-U-C-U-A-A-G=C=A

N: A.C.G.T.U

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

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

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

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


sevabertinibum
sevabertinib

(7²S)-1³-chloro-1²-methoxy-3¹,3⁵,3⁶,3⁷-tetrahydro-3⁴H-5-oxa-2-aza-3(3,2)-pyrrolo[3,2-c]pyridina-4(4,3)-pyridina-7(2)-[1,4]dioxana-1(1)-benzenaheptaphan-3⁴-one
epidermal growth factor receptor (EGFR) tyrosine kinase inhibitor, antineoplastic

sévabertinib

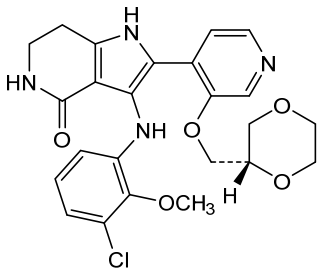
(7²S)-1³-chloro-1²-méthoxy-3¹,3⁵,3⁶,3⁷-tétrahydro-3⁴H-5-oxa-2-aza-3(3,2)-pyrrolo[3,2-c]pyridina-4(4,3)-pyridina-7(2)-[1,4]dioxana-1(1)-benzénaheptaphan-3⁴-one
inhibiteur de la tyrosine kinase du récepteur du facteur de croissance épidermique (EGFR), antinéoplasique

sevabertinib

(7²S)-1³-cloro-1²-metoxi-3¹,3⁵,3⁶,3⁷-tetrahydro-3⁴H-5-oxa-2-aza-3(3,2)-pirrolo[3,2-c]piridina-4(4,3)-piridina-7(2)-[1,4]dioxana-1(1)-bencenaheptafan-3⁴-ona
inhibidor de la tirosina kinasa del receptor del factor de crecimiento epidérmico (EGFR), antineoplásico

C₂₄H₂₅ClN₄O₅

2521285-05-0



solabafuspum alfa #
solabafusp alfa

humanized immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD274 (programmed cell death 1 ligand 1, PDL1, PD-L1, B7 homolog 1, B7H1, B7-H1, PDCD1LG1)] fused at the C-terminus of each heavy chain via a (G4S)₃ linker to human lipocalin-2 (neutrophil gelatinase-associated lipocalin, NGAL, oncogene 24p3, siderocalin) engineered (23 exchanged residues) to bind CD137 (tumor necrosis factor receptor superfamily member 9, TNFRSF9, 4-1BB); gamma 4 heavy chain (1-446) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-4*01 -(IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.16.12] (31-35.50-65.98-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG4*01 (CH1 (121-218), hinge S²²⁸>P (219-230), CH2 F²³⁴>A, L²³⁵>A (231-340), CH3 (341-445), CHS K⁴⁴⁷>del (446)) (122-447)] fused via peptide linker ⁴⁴⁷GGGGSGGGSGGGGS⁴⁶¹ to human lipocalin-2 [mutant Q²⁸>H⁴⁸⁹, L³⁶>Q⁴⁹⁷, ⁴⁰AI⁴¹, ⁵⁰¹IR⁵⁰², ⁴⁹Q>^I⁵¹⁰, Y⁵²>M⁵¹³, N⁶⁵>D⁵²⁶, S⁶⁸>M⁵²⁹, L⁷⁰>K⁵³¹, ⁷²RK⁷³>⁵³³DD⁵³⁴, D⁷⁷>M⁵³⁸, W⁷⁹>D⁵⁴⁰, R⁸¹>W⁵⁴², C⁸⁷>S⁵⁴⁸, N⁸⁶>K⁵⁵⁷, Y¹⁰⁰>F⁵⁶¹, L¹⁰³>H⁵⁶⁴, Y¹⁰⁶>S⁵⁶⁷, K¹²⁵>F⁵⁸⁶, S¹²⁷>F⁵⁸⁸, Y¹³²>E⁵⁹³, K¹³⁴>Y⁵⁹⁵ (1-178)] (462-639 in the current sequence), (134-214')-disulfide with kappa light chain (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV6-21*02 -IGKJ2*01, CDR-Kabat [11.7.9] (24'-34'.50'-56'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (108'-214')]; dimer (226-226'':229-229'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa
antineoplastic

solabafusp alfa

immunoglobuline G4-kappa humanisée, anti-[*Homo sapiens* CD274 (ligand 1 de la protéine 1 de mort cellulaire programmée, PDL1, PD-L1, homologue B7.1, PDCD1LG1)], fusionnée à la partie C-terminale de chaque chaîne lourde, à l'aide d'un coupleur peptidique (GGGGS)₃, à la lipocaline-2 humaine (lipocaline associée à la gélatinase des neutrophiles, NGAL, oncogène 24p3, sidérocaldine) modifiée (par échange de 23 résidus) pour se lier au CD137 (membre 9 de la superfamille des récepteurs du facteur de nécrose tumorale, TNFRSF9, 4-1BB);

chaîne lourde de gamma 4 (1-446) [VH (*Homo sapiens*IGHV4-4*01 -(IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.16.12] (31-35.50-65.98-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG4*01 (CH1 (121-218), charnière S²²⁸>P (219-230), CH2 F²³⁴>A, L²³⁵>A (231-340), CH3 (341-445), CHS K⁴⁴⁷>del (446)) (122-447)], fusionnée à l'aide d'un coupleur peptidique ⁴⁴⁷GGGSGGGSGGGSGGGGS⁴⁶¹ à la lipocaline-2 humaine [mutant Q²⁸>H⁴⁸⁹, L³⁶>Q⁴⁹⁷, ⁴⁰AI⁴¹>⁵⁰¹IR⁵⁰², ⁴⁹Q>⁵¹⁰, Y⁵²>M⁵¹³, N⁶⁵>D⁵²⁶, S⁶⁸>M⁵²⁹, L⁷⁰>K⁵³¹, ⁷²RK⁷³>⁵³³DD⁵³⁴, D⁷⁷>M⁵³⁸, W⁷⁹>D⁵⁴⁰, R⁸¹>W⁵⁴², C⁸⁷>S⁵⁴⁸, N⁹⁶>K⁵⁵⁷, Y¹⁰⁰>F⁵⁶¹, L¹⁰³>H⁵⁶⁴, Y¹⁰⁶>S⁵⁶⁷, K¹²⁵>F⁵⁸⁶, S¹²⁷>F⁵⁸⁸, Y¹³²>E⁵⁹³, K¹³⁴>Y⁵⁹⁵ (1-178)] (462-639 (dans la séquence en cours), (134-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV6-21*02 -IGKJ2*01, CDR Kabat [11.7.9] (24'-24'.50'-56'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (108'-214')]; dimère (226-226":229-229")-bisdisulfure, produite dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

antineoplasique

solabafusp alfa

inmunoglobulina G4-kappa humanizada, anti-[*Homo sapiens* CD274 (ligando 1 de la proteína de muerte celular programada 1, PDL1, PD-L1, B7 homólogo 1, B7H1, B7-H1, PDCD1LG1)] fusionado en la parte C-terminal de cada cadena pesada a través de un enlace (G4S)₃ a la lipocalina-2 humana (lipocalina asociada a la gelatinasa de neutrófilos, NGAL, oncogén 24p3, siderocalina) diseñada (23 residuos intercambiados) para unirse a CD137 (miembro 9 de la superfamilia de receptores del factor de necrosis tumoral, TNFRSF9, 4-1BB);

cadena pesada gamma 4 (1-446) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-4*01 -(IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.16.12] (31-35.50-65.98-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG4*01 (CH1 (121-218), bisagra S²²⁸>P (219-230), CH2 F²³⁴>A, L²³⁵>A (231-340), CH3 (341-445), CHS K⁴⁴⁷>del (446)) (122-447)] fusionada a través de enlace peptídico ⁴⁴⁷GGGSGGGSGGGSGGGGS⁴⁶¹ a la lipocalina-2 humana [mutante Q²⁸>H⁴⁸⁹, L³⁶>Q⁴⁹⁷, ⁴⁰AI⁴¹>⁵⁰¹IR⁵⁰², ⁴⁹Q>⁵¹⁰, Y⁵²>M⁵¹³, N⁶⁵>D⁵²⁶, S⁶⁸>M⁵²⁹, L⁷⁰>K⁵³¹, ⁷²RK⁷³>⁵³³DD⁵³⁴, D⁷⁷>M⁵³⁸, W⁷⁹>D⁵⁴⁰, R⁸¹>W⁵⁴², C⁸⁷>S⁵⁴⁸, N⁹⁶>K⁵⁵⁷, Y¹⁰⁰>F⁵⁶¹, L¹⁰³>H⁵⁶⁴, Y¹⁰⁶>S⁵⁶⁷, K¹²⁵>F⁵⁸⁶, S¹²⁷>F⁵⁸⁸, Y¹³²>E⁵⁹³, K¹³⁴>Y⁵⁹⁵ (1-178)] (462-639 en la secuencia actual), (134-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV6-21*02 -IGKJ2*01, CDR-Kabat [11.7.9] (24'-34'.50'-56'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (108'-214')]; dímero (226-226":229-229")-bisdisulfuro, producido en células ováricas de hámster Chino (CHO), glicoforma alfa

antineoplásico

2918752-58-4

Sequence / Séquence / Secuencia	
Heavy chain-lipocalin-2	
QVQLQESGPG LVKPFSETLSI TCTVSGFSLs NYDISWIRQP PGKGLEWLGV	50
IWTGGATNYN PALKSRLTIS RDNSKNQVSL KMSSVTAADT AVYYCVRDSN	100
YRYDEPFTYW QGGTLVTVSS ASTKGPSVFP LAPCSRSTSE STAAALGLVK	150
DYFPEPVTYS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTKT	200
YTCNVDHKPS NTKVKDRVES KYGPPCP P APEAAAGGPSV FLFPFKPKDT	250
LMISRTPEVT CVVVDVSQED PEVQFNWYVD GVEVHNAKTK PREEQFNSTY	300
RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKGLPS SIEKTISKAK GQPREPQVYT	350
LPPSQEEMTK NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTTTPVLDs	400
DGSFFLYSRL TVDKSRWQEG NVFSCSVME ALHNHYTQKS LSLSLGGGGG	450
<u>SGGGSGGGG</u> <u>QDSTSDLIP</u> <u>APPLSKVPLQ</u> <u>QNFQDNQFHG</u> <u>KWYFVVGAGN</u>	500
<u>IRLR</u> <u>REDKPI</u> <u>KMMATIIYELK</u> <u>EDKSYDVTMV</u> <u>KFDDKKCMYD</u> <u>IWTFVPGSQP</u>	550
<u>GEFTLGKIKS</u> <u>FPGHTSSLVR</u> <u>VVSTNYNQHA</u> <u>MVFFKFEVQN</u> <u>REEFYITLYG</u>	600
<u>RTKELTSELK</u> <u>ENFIRFSKSL</u> <u>GLPENHIVFP</u> <u>VPIDQCIDG</u>	639
Light chain	
EIVLTQSPDT LSVTPKEKVT LTCRASQSIG TNIHWFQKQP GQSPKLLIKY	50
ASESISGVPS RFGSGSGGTD FTLTINSVEA EDAATYYCQQ SNSWPFYTFGQ	100
GTKLEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNRFY PREAKVQWKV	150
DNAIQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG	200
LSSPVTKSFN RGEQ	214

Mutations / Mutations / Mutaciones
Heavy chain: S²²⁸>P, F²³⁴>A, I²³⁵>A, K447>del
lipocalin-2: Q²⁸>H¹⁸⁹, I³⁶>Q⁴⁹⁷, 40A¹¹¹>IR⁵⁰², 49Q>I⁵¹⁰, Y⁵²>M⁵¹³, N⁶⁵>D⁵²⁶, S⁶⁸>M⁵²⁹,
L⁷⁰>K⁵³¹, 72R^K⁷³>DD⁵³⁴, D⁷⁷>M⁵³⁸, W⁷⁹>D⁵⁴⁰, R⁸¹>W⁵⁴², C⁸⁷>S⁵⁴⁸, N⁹⁶>K⁵⁵⁷,
Y¹⁰⁰>E⁵⁶¹, I¹⁰³>H⁶⁴, Y¹⁰⁶>S⁵⁶⁷, K¹²⁵>E⁵⁸⁶, S¹²⁷>E⁵⁸⁸, Y¹³²>E⁵⁹³, K¹³⁴>Y⁵⁹⁵.

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión
447GGGGGGGGGGGG461

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra heavy chain-lipocalin-2: 22-95, 147-203, 261-321, 367-425, 537-636,
22"-95", 147"-203", 261"-321", 367"-425", 537"-636"
Intra light chain: 23"-88", 134"-194", 23"-88", 134"-194"
Inter heavy chain-heavy chain: 226-226", 229-229"
Inter heavy chain-light chain: 134-214', 134"-214"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
N297, N297"

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutamínilo N-terminal
Heavy chain: Q1.Q1'" > pyroglutamyl (pE, 5-oxo-L-prolyl)

solnerstotugum #
solnerstotug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* VSIR (V-set immunoregulatory receptor, B7H5, B7-H5, PDCD1 homolog, PD-1H, stress induced secreted protein 1, SIS1, V-domain Ig suppressor of T cell activation, VISTA)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-48*01 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) -*Homo sapiens* IGHG1*03v (100%) G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (219) (123-220), hinge 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 E12 (361), M14 (363) (346-450), CHS (451-452)) (123-452)], (225-215')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (94.7%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.10] (27'-32'.50'-52'.89'-98'')) (1'-108') - *Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (154'), V101 (192')) (109'-215'')]; dimer (231-231'':234-234'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa
immunostimulant, antineoplastic

solnerstotug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* VSIR (récepteur immunorégulateur du V-set, B7H5, B7-H5, homologue du PD-1H, protéine 1 sécrétée induite par le stress, SISP1, suppresseur d'activation de cellule T du V-set Ig, VISTA)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;
chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens* (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-48*01 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) -*Homo sapiens* IGHG1*03v (100%) G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (219) (123-220), charnière 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 E12 (361), M14 (363) (346-450), CHS (451-452)) (123-452)], (225-215')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (94.7%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.10] (27'-32'.50'-52'.89'-98')) (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (154'), V101 (192')) (109'-215')]; dimère (231-231":234-234")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa
immunostimulant, antinéoplastique

solnerstotug

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* VSIR (receptor inmunoregulador del V-set, B7H5, B7-H5, homólogo del PD-1H, proteína secretada 1 inducida por el estrés, SISP1, supresor de la activación de células T del V-set Ig, VISTA)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*;
cadena pesada H-gamma1 *Homo sapiens* (1-452) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-48*01 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.15] (26-33.51-58.97-111)) (1-122) -*Homo sapiens* IGHG1*03v (100%) G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (219) (123-220), bisagra 1-15 (221-235), CH2 (236-345), CH3 E12 (361), M14 (363) (346-450), CHS (451-452)) (123-452)], (225-215')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa *Homo sapiens* (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*01 (94.7%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.10] (27'-32'.50'-52'.89'-98')) (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (154'), V101 (192')) (109'-215')]; dímero (231-231":234-234")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa
inmunostimulante, antineoplásico

2927399-38-8

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFD DYSMNWVRQA PGKGLEWVSY 50
ISSDADTIYY ADSVKGRFTI SRDANKNSLY LQMNSLRAED TAVYYCAREA 100
GGVLGRVDFQ HWGGQTLVTV SSASTKGPSV FPLAPSSKST SGGTAALGCL 150
VKDYFPEPVT VSWNSGALTS GVHTFPAVLQ SSGLYSLSSV VTPVSSSLGT 200
QTYICNVNHK PSNTKVDKKV EPKSCDKTHT CPFCPAPELL GGPSVFLFPP 250
KPKDTLMISR TPEVTCVVVD VSHEDPEVKF NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ 300
YNSTYRVVSV LTVLHQDWLNL GKEYKCKVSN KALPAPIEKT ISKAKGQPRE 350
PQVYTLPPSR EEMTKNQVSL TCLVKGFYPS DIAVEWESNG QPENNYKTTT 400
PVLDSGGSFF LYSKLTVDKS RWQQGNVFSC SVMHEALHNNH YTQKSLSLSP 450
GK 452

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIQLTQSPSS LSASVGDRTV ITCQASQDIS NYLNWYQQKPK GKAPKLLIYD 50
ASNLGTGVPS RFSGSGSGTD FTFITSSLPQ EDIATYYCQQ ADFVPPWTFG 100
GGTKVEIKRT VAAPSVEIFP PSDEQLKSGT ASVVCLLNPF YPREAKVQWK 150
VDNALQSGNS QESVTEQDSK DSTYLSSTLT TLSKADYEKH KVIACEVTHQ 200
GLSSPVTKSF NRGEK 215

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 149-205 266-326 372-430
22"-96" 149"-205" 266"-326" 372"-430"
Intra-L (C23-C104) 23"-88" 135"-195"
23'''-88''' 135'''-195'''
Inter-H-L (h 5-CL 126) 225-215' 225"-215"
Inter-H-H (h 11, h 14) 231-231" 234-234"

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

sonesitatugum #
sonesitatug

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudin 18, claudin-18, surfactant associated protein J, SFTPJ) isoform 2], humanized monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain humanized (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-59*11 (94.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [9.7.11] (26-34.52-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (215) (119-216), hinge 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 E12 (357), M14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-220')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (92.1%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')]; dimer (227-227":230-230")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from CHO-K1 cell line, lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, glycoform alfa *anti-claudin*, *antineoplastic*

sonésitatug

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudine 18, claudine-18, protéine J associée au surfactant, SFTPJ) isoforme 2], anticorps monoclonal humanisé;
chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-59*11 (94.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [9.7.11] (26-34.52-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (215) (119-216), charnière

1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 E12 (357), M14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-220')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (92.1%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103'')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197'')) (114'-220')]; dimère (227-227'':230-230'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, ne présentant pas le gène de la glutamine synthétase (GS-KO), glycoforme alfa *anti-claudine, antinéoplasique*

sonesitatug

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudina 18, claudina-18, proteína J asociada con surfactante, SFTPJ) isoforma 2], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-59*11 (94.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [9.7.11] (26-34.52-58.97-107'')) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (215) (119-216), bisagra 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 E12 (357), M14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-220')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (92.1%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103'')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197'')) (114'-220')]; dímero (227-227'':230-230'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, en ausencia del gen glutamina sintetasa (GS-KO), forma glicosilada alfa *anticlaudina, antineoplásico*

2883771-43-3

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QVQLQESGPG LVKPSSETLSL TCTVSGGSIS SNYAWNIRQ PPGKGLEWIG 50
YIYYSGNTNY NPSLKSRTVI SRDTSKNQFS LKLSVTAAD TAVYYCATSY 100
YGNSEFIYWG GTLVTVSSAS TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY 150
FPEPVTYWSN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL YSLSSVTVTP SSSLGTQTYI 200
CMVNHKPSNT KVDKRVPEKS CDKTHTCPPC PABELLGGPS VFLFPPKPKD 250
TLMISRTPEV TCVVVDVSH EDEVKENNYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY 350
TLPPSREEMT KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPFVLD 400
SDGSFFFLYSK LTVDKSRWQQ GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIVMTQSPDS LAVSLGERAT INCKSSQSLL NSGNQKNYLT WYQQKPGQP 50
KLLIYWASTR ESGVPDRFSG SGSGTDFTLT ISSLQAEDVA VYYCQNAYSF 100
PWTFGQGTKV EIKRTVAAPS VFIFPPSDEQ LKSGTASVVC LLNFEYPREA 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) 22-96 145-201 262-322 368-426
22"-96" 145"-201" 262"-322" 368"-426"
Intra-L (C23-C104) 23'-94' 140'-200'
23'''-94''' 140'''-200'''
Inter-H-L (h 5-CL 126) 221-220' 221"-220"
Inter-H-H (h 11, h 14) 227-227" 230-230"

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

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

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

sonesitatugum vedotinum #

sonesitatug vedotin

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudin 18, claudin-18, surfactant associated protein J, SFTPJ) isoform 2], humanized monoclonal antibody, conjugated on an average of four cysteinyl residues to *vedotin*, comprising a cleavable linker and monomethylauristatin E (MMAE); H-gamma1 heavy chain humanized (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-59*11 (94.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [9.7.11] (26-34.52-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (215) (119-216), hinge 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 E12 (357), M14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-220')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (92.1%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')]; dimer (227-227":230-230")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, glycoform alfa; substituted at the sulfur atoms of four L-cysteinyl residues on an average among 221, 227, 230, 220', 221", 227", 230" and 220"" with a group consisting of (3*RS*)-1-(6-(((2*S*)-1-(((2*S*)-5-(carbamoylamino)-1-(4-(((2*S*)-1-(((2*S*)-1-(((3*R*,4*S*,5*S*)-1-((2*S*)-2-(((1*R*,2*R*)-3-(((1*S*,2*R*)-1-hydroxy-1-phenylpropan-2-yl)amino)-1-methoxy-2-methyl-3-oxopropyl)pyrrolidin-1-yl)-3-methoxy-5-methyl-1-oxoheptan-4-yl)(methyl)amino)-3-methyl-1-oxobutan-2-yl)amino)-3-methyl-1-oxobutan-2-yl)(methyl)carbamoyl)oxy)methyl)anilino)-1-oxopentan-2-yl)amino)-3-methyl-1-oxobutan-2-yl)amino)-6-oxohexyl)-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (*vedotin*) *anti-claudin, antineoplastic*

sonésitatug védotine

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudine 18, claudine-18, protéine J associée au surfactant, SFTPJ) isoforme 2], anticorps monoclonal humanisé, conjugué, par quatre résidus cystéinyle en moyenne à la *védotine*, comprenant un linker clivable et monométhylauristatine E (MMAE); chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-59*11 (94.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [9.7.11] (26-34.52-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (215) (119-216), charnière 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 E12 (357), M14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-220')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (92.1%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')]; dimère (227-227":230-230")-bisdisulfure, produit dans des cellules

ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, ne présentant pas le gène de la glutamine synthétase (GS-KO), glycoforme alfa; substitué sur l'atome de soufre de quatre résidus L-cystéinyle en moyenne parmi 221, 227, 230, 220', 221'', 227'', 230'' et 220''' avec un groupe (3*RS*)-1-(6-(((2*S*)-1-(((2*S*)-5-(carbamoylamino)-1-(4-(((2*S*)-1-(((2*S*)-1-(((3*R*,4*S*,5*S*)-1-((2*S*)-2-((1*R*,2*R*)-3-(((1*S*,2*R*)-1-hydroxy-1-phénylpropan-2-yl]amino)-1-méthoxy-2-méthyl-3-oxopropyl]pyrrolidin-1-yl)-3-méthoxy-5-méthyl-1-oxoheptan-4-yl](méthyl)amino)-3-méthyl-1-oxobutan-2-yl]amino)-3-méthyl-1-oxobutan-2-yl](méthyl)carbamoyl]oxy)méthyl]anilino)-1-oxopentan-2-yl]amino)-3-méthyl-1-oxobutan-2-yl]amino)-6-oxohexyl)-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (*vedotine*)
anti-claudine, antinéoplasique

sonesitatug vedotina

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudina 18, claudina-18, proteína J asociada con surfactante, SFTPJ) isoforma 2], anticuerpo monoclonal humanizado, conjugado, en una media de cuatro residuos cisteinilo a la vedotina, que comprende un enlace escindible y monometilauristatina E (MMAE); cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-59*11 (94.8%) - (IGHD) - IGHJ4*01 (92.9%), CDR-IMGT [9.7.11] (26-34.52-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%) G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (215) (119-216), bisagra 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 E12 (357), M14 (359) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-220')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (92.1%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') - *Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')]; dímero (227-227'':230-230'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, en ausencia del gen glutamina sintetasa (GS-KO), forma glicosilada alfa; sustituido en el átomo de azufre de cuatro residuos L-cisteinilo en una media entre 221, 227, 230, 220', 221'', 227'', 230'' y 220''' con un grupo (3*RS*)-1-(6-(((2*S*)-1-(((2*S*)-5-(carbamoylamino)-1-(4-(((2*S*)-1-(((3*R*,4*S*,5*S*)-1-((2*S*)-2-((1*R*,2*R*)-3-(((1*S*,2*R*)-1-hidroxi-1-fenilpropan-2-yl]amino)-1-metoxi-2-metil-3-oxopropil]pirrolidin-1-il)-3-metoxi-5-metil-1-oxoheptan-4-il](metil)amino)-3-metil-1-oxobutan-2-il]amino)-3-metil-1-oxobutan-2-il](metil)carbamoyl]oxi)metil]anilino)-1-oxopentan-2-il]amino)-3-metil-1-oxobutan-2-il]amino)-6-oxohexil)-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo (*vedotina*)
anticlaudina, antineoplásico

2813237-93-1

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QVQLQESGPG LVKPSSETLSL TCTVSGGSIS SNYAWNIRQ PPGKGLEWIG 50
YIYYSGNTNY NPSLRSRVTI SRDTSKNQFS LKLSSTVTAAD TAVYYCATSY 100
YGNSTFIYWQQ GTLVTSSAS TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY 150
FPEFVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL YSLSSVTVTP SSSLGTQTYI 200
CNVNHKPSNT KVDKRVEPKS CDKHTTCPPC PAPELLGGPS VFLFPPKPKD 250
TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY 350
TLPPSREEMT KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD 400
SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPGK 448

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIVMTQSPDS LAVSLGERAT INCKSSQSLL NSGNQKNYLT WYQQKPGQPP 50
KLLIYWASTR ESGVPDRFSG SGSGTDFTLT ISSLQAEDVA VYYCQAYSF 100
PWTFGQGTKV EIKRTVAAPS VFIFPPSDEQ LKSGTASVVC LLNNFYPREA 150
KVQWKVDNAL QSGNSQESVT EQDSKSTYS LSSTLTLSKA DYEEKHVYAC 200
EVTHQGLSSP VTKSFNRGEC 220

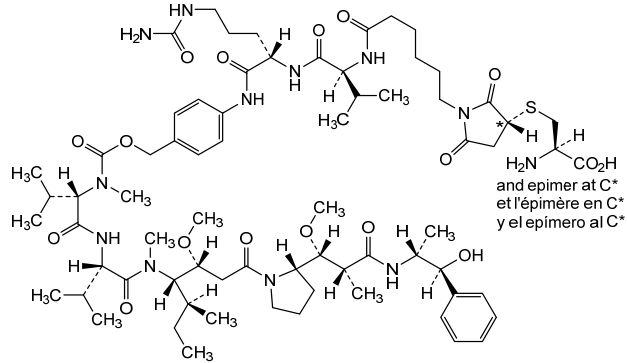
Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 145-201 262-322 368-426
22"-96" 145"-201" 262"-322" 368"-426"
Intra-L (C23-C104) 23"-94" 140"-200"
23"-94" 140"-200"
Inter-H-L (h 5-CL 126) * 221-220' 221"-220"
Inter-H-H (h 11, h 14) * 227-227" 230-230"
*At least two of the four inter-chain disulfide bridges are not present, an average of four 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, quatre cystéinyl en moyenne étant chacun conjugué via une liaison thioéther à un linker-principe actif.
*Al menos dos de los cuatro puentes disulfuro inter-catenarios no estan presentes, una media de cuatro 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-oxoprollyl) / pyroglutamide (pE, 5-oxoprolyle) / piroglutamilo (pE, 5-oxoprolilo)
H VH Q1: 1, 1"

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

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

Potential modified residues / résidus modifiés potentiels / restos modificados potenciales*
C (221, 227, 230, 220', 221", 227", 230", 220")
*(vedotin:mAb ~ 4:1)



sonruvetcelum

sonruvetcel feline allogeneic mesenchymal stem cells (MSCs) isolated from the abdominal cavity of donor cats. The allogeneic mesenchymal stem cells are isolated from excised minced uterine tissue by enzymatic digestion, washed and then cryopreserved as a master cell bank. The MSCs are expanded in media containing heparin, fetal bovine serum (FBS), human insulin, hydrocortisone, human transferrin, fibroblast growth factor 2 (FGF-2), tumour necrosis factor alpha (TNF- α) and platelet-derived growth factor containing two B subunits (PDGF-BB).
The cells are negative (<10%) for CD34, CD45, and major histocompatibility complex class II (MHC II) molecules (HLA-DR/HLA-DP/HLA-DQ) and are comprised of both stromal ($\geq$ 60%) and epithelial ($\leq$ 40%) precursor cells. The stromal progenitor cell population is CD105 (60-100%) and CD44 positive (90-100%), while the epithelial progenitor cell population is CD105 negative and a mixture of CD44 positive and negative. The cells secrete anti-inflammatory and immune modulating cytokines (prostaglandin E2 (PGE2) and demonstrate expression of indoleamine 2,3-dioxygenase 1 (IDO-1) and CXC-motif chemokine ligand-9 (CXCL-9)
cell therapy (veterinary use)

sonruvetcel cellules souches mésenchymateuses allogéniques (CSM) de félin isolées de la cavité abdominale de chats donneurs. Les cellules souches mésenchymateuses allogéniques sont isolées à partir du tissu utérin émincé par digestion enzymatique, lavées, puis cryoconservées en tant que banque maîtresse de cellules. Les CSM sont mises en expansion dans un milieu contenant de l'héparine, du sérum bovin fœtal (SBF), de l'insuline humaine, de l'hydrocortisone, de la transferrine humaine, du facteur de croissance des fibroblastes de type 2 (FGF-2), du facteur de nécrose tumorale alpha (TNF- α) et du facteur de croissance dérivé des plaquettes contenant deux sous-unités B (PDGF-BB).
Les cellules sont négatives (<10%) pour CD34, CD45, et les molécules du complexe majeur d'histocompatibilité de classe II (MHC II) (HLA-DR/HLA-DP/HLA-DQ) et sont des cellules précurseurs stromales ($\geq$ 60%) et épithéliales ($\leq$ 40%). La population de cellules progénitrices stromales est CD105+ (60-100%) et CD44+ (90-100%), tandis que la population de cellules progénitrices épithéliales est CD105- et un mélange de CD44+ et CD44-. Les cellules sécrètent des cytokines anti-inflammatoires et immunomodulatrices (prostaglandine E2 (PGE2)) et démontrent l'expression de l'indoléamine-2,3-dioxygénase 1 (IDO-1) et du ligand 9 de la chimiokine à motif CXC (CXCL-9)
thérapie cellulaire (usage vétérinaire)

sonruvetcel células madre mesenquimales (CMM) alogénicas felinas aisladas de la cavidad abdominal de gatos donantes. Las células madre mesenquimales alogénicas se aíslan de tejido uterino extirpado y picado mediante digestión enzimática, se lavan y después se criopreservan en un banco de células maestro. Las CMM se expanden en medio que contiene heparina, suero bovino fetal (FBS), insulina humana, hidrocortisona, transferrina humana, factor de crecimiento de fibroblastos 2 (FGF-2), factor de necrosis tumoral alfa (TNF- α) y factor de crecimiento derivado de plaquetas que contiene dos subunidades B (PDGF-BB).
Las células son negativas (<10%) para CD34, CD45 y moléculas del complejo principal de histocompatibilidad de clase II (MHC II) (HLA-DR/HLA-DP/HLA-DQ) y constan de células precursoras estromales ($\geq$ 60%) y epiteliales ($\leq$ 40%). La población de células progenitoras estromales es positiva para CD105 (60-100%) y CD44 (90-100%), mientras que la población de células progenitoras epiteliales es negativa para CD105 y una mezcla de positivas y negativas para CD44. Las células secretan citoquinas anti-inflamatorias e inmunomoduladoras (prostaglandina E2 (PEG2) y demuestran expresión de indoleamina 2,3-dioxygenasa 1 (IDO-1) y ligando de quimioquina con motivo CXC 9 (CXCL-9)
terapia celular (uso veterinario)

sovipostobartum beta #

sovipostobart beta immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CTLA4 (cytotoxic T-lymphocyte associated protein 4, CTLA-4, CD152)], *Homo sapiens* monoclonal antibody with a cleavable prodomain of 44 amino acids fused at the N-terminal end of the L-kappa light chains; H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*01 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*01v, G1m17,1>G1m3,1 CH1 R120, CH3 D12, L14 (CH1 R120 (215) (119-216), hinge 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 D12 (357), L14 (359) (342-446), CHS K2>del (447)) (119-447)], (221-259')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* fused at its N-terminal end to a cleavable prodomain (1'-259') [prodomain (1'-44') -*Homo sapiens* V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (97.9%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [7.3.9] (71'-77'.95'-97'.134'-142')) (45'-152') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (198'), V101 (236')) (153'-259')]; dimer (227-227'':230-230'')-bisdisulfide, produced in a Chinese hamster ovary (CHO) cell line lacking the enzyme alpha-(1,6)-fucosyltransferase (FUT8), glycoform beta
immunostimulant, antineoplastic

sovipostobart bêta immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CTLA4 (protéine 4 associée aux lymphocytes T cytotoxiques, CTLA-4, CD152)], anticorps monoclonal *Homo sapiens* avec un prodomaine clivable de 44 acides aminés fusionné à l'extrémité N-terminale des chaînes légères L-kappa; chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens* (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*01 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*01v, G1m17,1>G1m3,1 CH1 R120, CH3 D12, L14 (CH1 R120 (215) (119-216), charnière 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 D12 (357), L14 (359) (342-446), CHS K2>del (447)) (119-447)], (221-259')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* fusionnée à son extrémité N-terminale à un prodomaine clivable (1'-259') [prodomaine (1'-44') -*Homo sapiens* V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (97.9%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [7.3.9] (71'-77'.95'-97'.134'-142')) (45'-152') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (198'), V101 (236')) (153'-259')]; dimère (227-227'':230-230'')-bisdisulfure, produit dans une lignée cellulaire des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO) ne présentant pas l'enzyme alpha-(1,6)-fucosyltransferase (FUT8), glycoforme bêta
immunostimulant, antinéoplasique

sovipostobart beta inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* CTLA4 (proteína 4 asociada con los linfocitos T citotóxicos, CTLA-4, CD152)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens* con un prodominio escindible de 44 ácidos amino fusionado a la extremidad N-terminal de las cadenas ligeras L-kappa; cadena pesada H-gamma1 *Homo sapiens* (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-30*01 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*01v, G1m17,1>G1m3,1 CH1 R120, CH3 D12, L14 (CH1 R120 (215) (119-216), bisagra 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 D12 (357), L14 (359) (342-446), CHS K2>del (447)) (119-447)], (221-259')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa *Homo sapiens* fusionada a su extremidad N-terminal con un prodominio escindible (1'-259') [prodominio (1'-44') -*Homo sapiens* V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (97.9%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [7.3.9] (71'-77'.95'-97'.134'-142')) (45'-152')]

-Homo sapiens IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (198'), V101 (236')) (153'-259')]; dímero (227-227":230-230")-bisdisulfuro, producido en una línea celular de las células ováricas de hámster chino (CHO) en ausencia de la enzima alfa-(1,6-fucosiltransferasa (FUT8), forma glicosilada beta
inmunoestimulante, antineoplásico

2649371-20-8

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada

QVQLVESGGG VVQPGRSRLR SCAASGFTFS SYTMHWVRQA PGKGLEWVTF 50
ISYDGNKKYY ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAIYYCARTG 100
WLGPPFDYWQQ GTLVTVSSAS TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY 150
FPEPVTVSWN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL YSLSSVVTVP SSSLGTQTYI 200
CNVNHKPSNT KVDKRVEPKS CDKTHTCPPC PAPELLGGPS VFLFPPKPKD 250
TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY 350
TLPPSRDEL T KNQVSLTCLV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD 400
SDGSFFLYSK LTVDKSRWQQ GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPG 447

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera

QQSGSGCRTQ LYGYNLCPYG GSSSGGSISS GLLSGRSDNP GGGSEIVLTQ 50
SPGTLTSLSPG ERATLSCRAS QSVGSSYLAW YQKPGQAPR LLIYGAFSRA 100
TGIPDRFSGS GSGTDFTLTI SRLEPEDFAV YYCQYQGSSP WTFGQGTKVE 150
IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVVCL LNNFYPREAK VQWKVDNALQ 200
SGNSQESVTE QDSKSTYSL SSTLTLSKAD YEKHKVYACE VTHQGLSSPV 250
TKSFNRGEC 259

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-prodomain 7'-17' 7"-17"
Intra-L (C23-C104) 67'-133' 179"-239'
67"-133" 179"-239"
Inter-H-L (h 5-CL 126) 221-259' 221"-259"
Inter-H-H (h 11, h 14) 227-227" 230-230"

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

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

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

H CH2 N84.4: 298, 298"

Afucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes afucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos afucosilados

soxataltinibum
soxataltinib

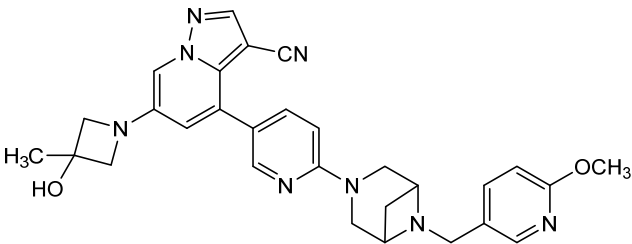
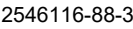
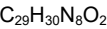
6-(3-hydroxy-3-methylazetidin-1-yl)-4-(6-{6-[(6-methoxypyridin-3-yl)methyl]-3,6-diazabicyclo[3.1.1]heptan-3-yl}pyridin-3-yl)pyrazolo[1,5-a]pyridine-3-carbonitrile
RET-kinase inhibitor, antineoplastic

soxataltinib

6-(3-hydroxy-3-méthylazétidin-1-yl)-4-(6-{6-[(6-méthoxypyridin-3-yl)méthyl]-3,6-diazabicyclo[3.1.1]heptan-3-yl}pyridin-3-yl)pyrazolo[1,5-a]pyridine-3-carbonitrile
inhibiteur de la kinase RET, antinéoplasique

soxataltinib

6-(3-hidroxi-3-metilazetidin-1-il)-4-(6-{6-[(6-metoxipiridin-3-il)metil]-3,6-diazabicyclo[3.1.1]heptan-3-il}piridin-3-il)pirazolo[1,5-a]piridina-3-carbonitrilo
inhibidor de la kinasa RET, antineoplásico



spevatamigum #
spevatamig

immunoglobulin (H-gamma1_L-kappa)_ (H-gamma1_L-kappa), anti-
[*Homo sapiens* CD47 (CD47 molecule, integrin associated protein, IAP, MER6, OA3) and anti-*Homo sapiens* CLDN18 (claudin 18, claudin-18, SFTPJ, surfactant associated protein J) isoform 2], bispecific;
H-gamma1 heavy chain anti-CD47 (1-444), G1v92-1 VH E44, CH1 E77 [VH E44 (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (87.6%) Q44>E (39') - (IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.7] (26-33.51-58.97-103)) (1'-114') -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17.1 CH1 K120, CH3 D12, L14, CH1 E77, G1v93 CH1 C12, G1v37 h S5, G1v74 CH3 C10, G1v32 CH3 W22 (knob) (CH1 K12>C (130), G77>E (163), K120 (211) (115-212), hinge 1-15 C5>S (217) (213-227), CH2 (228-337), CH3 S10>C (351), D12 (353), L14 (355), T22>W (363) (338-442), CHS (443-444)) (115-444)], (130-209')- disulfide with L-kappa light chain anti-CD47 (1'-214') Kv92-1 V-KAPPA K44, C-KAPPA K3 [V-KAPPA K44 (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (83.3%) Q44>K (38') -IGKJ1*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (98.1%) Km3 A45.1, V101, K3, KCv37 C121, S126 (C-KAPPA S3>K (114'), A45.1 (153'), V101 (191'), F121>C (209'), C126>S (214')) (108'-214')];
H-gamma1 heavy chain anti-CLDN18 (1-449), G1v92-2 VH K44, CH1 K77 [VH K44 (*Homo sapiens* IGHV3-48*01 (87.8%) Q44>K (39') - (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, CH3 D12, L14, CH1 K77, G1v75 CH3 C5, G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) (CH1 G77>K (168"), K120 (216") (120"-217"), hinge 1-15 (218"-232"), CH2 (233"-342"), CH3 Y5>C (351"), D12 (358"), L14 (360"), T22>S (368"), L24>A (370"), Y86>V (409") (343"-447"), CHS (448"-449")) (120"-449")], (222"-220'")-disulfide with L-kappa light chain anti-CLDN18 (1'""-220'") Kv92-2 V-KAPPA E44, C-KAPPA E3 [V-KAPPA E44 (*Mus musculus* IGKV8-19*01 (79.2%) Q44>E (44'"")-IGKJ2*03 (81.8%) S120>Q (106'""), L124>V (110'""))/*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (78.2%) Q44>E (44'"")-IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'""-38'""-56'""-58'""-95'""-103'"")) (1'""-113'"")-*Homo sapiens* IGKC*01 (99.1%) Km3 A45.1, V101, E3 (C-KAPPA S3>E (120'""), A45.1 (159'""), V101 (197'"")) (114'""-220'")]; dimer (223-228":226-231":351-351'")-trisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa
antineoplastic

spévatamig

immunoglobuline (H-gamma1_L-kappa)_(H-gamma1_L-kappa), anti-[*Homo sapiens* CD47 (CD47 molécule, protéine associée à l'intégrine, IAP, MER6, OA3)] et anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudine 18, claudine-18, SFTPJ, protéine J associée au surfactant) isoforme 2], bispécifique;

chaîne lourde H-gamma1 anti-CD47 (1-444) G1v92-1 VH E44, CH1 E77 [VH E44 (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (87.6%) Q44>E (39') - (IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.7] (26-33.51-58.97-103)) (1-114) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, CH1 E77, G1v93 CH1 C12, G1v37 h S5, G1v74 CH3 C10, G1v32 CH3 W22 (knob) (CH1 K12>C (130), G77>E (163), K120 (211) (115-212), charnière 1-15 C5>S (217) (213-227), CH2 (228-337), CH3 S10>C (351), D12 (353), L14 (355), T22>W (363) (338-442), CHS (443-444)) (115-444)], (130-209')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa anti-CD47 (1'-214') Kv92-1 V-KAPPA K44, C-KAPPA K3 [V-KAPPA K44 (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (83.3%) Q44>K (38') - IGKJ1*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (98.1%) Km3 A45.1, V101, K3, KCv37 C121, S126 (C-KAPPA S3>K (114'), A45.1 (153'), V101 (191'), F121>C (209'), C126>S (214')) (108'-214')];

chaîne lourde H-gamma1 anti-CLDN18 (1-449) G1v92-2 VH K44, CH1 K77 [VH K44 (*Homo sapiens* IGHV3-48*01 (87.8%) Q44>K (39') - (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, CH3 D12, L14, CH1 K77, G1v75 CH3 C5, G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) (CH1 G77>K (168"), K120 (216") (120"-217"), charnière 1-15 (218"-232"), CH2 (233"-342"), CH3 Y5>C (351"), D12 (358"), L14 (360"), T22>S (368"), L24>A (370"), Y86>V (409") (343"-447"), CHS (448"-449")) (120"-449")], (222"-220")-disulfure avec la chaîne légère L-kappa anti-CLDN18 (1'''-220''') Kv92-2 V-KAPPA E44, C-KAPPA E3 [V-KAPPA E44 (*Mus musculus*/Homsap (*Mus musculus* IGKV8-19*01 (79.2%) Q44>E (44''') - IGKJ2*03 (81.8%) S120>Q (106'''), L124>V (110''')/*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (78.2%) Q44>E (44''') - IGKJ1*01 (100%), CDR -IMGT [12.3.9] (27'''-38'''-56'''-58'''-95'''-103''')) (1'''-113''') -*Homo sapiens* IGKC*01 (99.1%) Km3 A45.1, V101, E3 (C-KAPPA S3>E (120'''), A45.1 (159'''), V101 (197''')) (114'''-220'''); dimère (223-228":226-231":351-351")-trisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa antinéoplasique

espevatamig

inmunoglobulina (H-gamma1_L-kappa)_(H-gamma1_L-kappa), anti-[*Homo sapiens* CD47 (CD47 molécula, proteína asociada a la integrina, IAP, MER6, OA3)] y anti-[*Homo sapiens* CLDN18 (claudina 18, claudina-18, SFTPJ, proteína J asociada al surfactante) isoforma 2], anticuerpo monoclonal humanizado y quimérico, biespecífico;

cadena pesada H-gamma1 anti-CD47 (1-444) G1v92-1 VH E44, CH1 E77 [VH E44 (*Homo sapiens* IGHV1-46*01 (87.6%) Q44>E (39') - (IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.7] (26-33.51-58.97-103)) (1-114) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, CH1 E77, G1v93 CH1 C12, G1v37 h S5, G1v74 CH3 C10, G1v32 CH3 W22 (knob) (CH1 K12>C (130), G77>E (163), K120 (211) (115-212), bisagra 1-15 C5>S (217) (213-227), CH2 (228-337), CH3 S10>C (351), D12 (353), L14 (355), T22>W (363) (338-442), CHS (443-444)) (115-444)], (130-209')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa anti-CD47 (1'-214') Kv92-1 V-KAPPA K44, C-KAPPA K3 [V-KAPPA K44 (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (83.3%) Q44>K (38') - IGKJ1*01 (91.7%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (98.1%) Km3 A45.1, V101, K3, KCv37 C121, S126 (C-KAPPA S3>K (114'), A45.1 (153'), V101 (191'), F121>C (209'), C126>S (214')) (108'-214')];

cadena pesada H-gamma1 anti-CLDN18 (1-449) G1v92-2 VH K44, CH1 K77 [VH K44 (*Homo sapiens* IGHV3-48*01 (87.8%) Q44>K (39") -(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, CH3 D12, L14, CH1 K77, G1v75 CH3 C5, G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) (CH1 G77>K (168"), K120 (216") (120"-217"), bisagra 1-15 (218"-232"), CH2 (233"-342"), CH3 Y5>C (351"), D12 (358"), L14 (360"), T22>S (368"), L24>A (370"), Y86>V (409") (343"-447"), CHS (448"-449")) (120"-449")], (222"-220")-disulfuro con la cadena ligera L-kappa anti-CLDN18 (1"-220") Kv92-2 V-KAPPA E44, C-KAPPA E3 [V-KAPPA E44 (Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGV8-19*01 (79.2%) Q44>E (44") -IGKJ2*03 (81.8%) S120>Q (106"), L124>V (110"))/*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (78.2%) Q44>E (44") -IGKJ1*01 (100%), CDR -IMGT [12.3.9] (27"-38".56"-58".95"-103")) (1"-113") -*Homo sapiens* IGKC*01 (99.1%) Km3 A45.1, V101, E3 (C-KAPPA S3>E (120")), A45.1 (159"), V101 (197")) (114"-220")]; dímero (223-228":226-231":351-351")-trisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa antineoplásico

2928515-36-8

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada : H-gamma1 anti-CD47 (knob) (H)
QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT SYMHWVREA PGQGLEWIGN 50
IDVSDSETHY AQKFGQGRVTL TVDKSTSTVY MELSSLASED TAVVYCASTD 100
LAYWQCGTLV TVSSASTKGP SVFPLAPSSC STSGGTAALG CLVKDYFPEP 150
VTVSWNSGAL TSEVHTFFAV LQSSGLYSL SSVTVPSSSL GTQTYICNVN 200
HKPSNTKVDK KVEPKSSDKT HTCPFCFAPE LLGGPSVFLF PPKPKDTLMI 250
SRTPETVCV VDVSHDEPEV KFNWYVDGVE VHNAKTKPRE EQYNSTYRVV 300
SVLTVLHQDW LMGKEYKCKV SNKALPAFIE KTISKARQGP REPQVYTLPP 350
CRDELTKNQV SLWCLVKGYF PSDIAVEWES NGQFENNMYT TFPVLDSDGS 400
FFLYSKLTVD KSRWQQGNVF SCVSMHEALH NHYTQKSLSL SPKG 444

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera : L-kappa anti-CD47 (L)
EIVLTQSPGT LSLSPGERAT LSCASQNN VLSWYQKPK QAPRLLIYK 50
ASNLHTGIDP RFSGSGSGTD FTLTISRLEP EDFAVYYCQ QGSYPFTFG 100
GTKVEIKRTV AAPKVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNMY PREAKVQWKV 150
DNLQSGNSQ ESVTQDQSKD STYLSSTLT LSKADYKHK VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSCN RGES 214

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada : H-gamma1 anti-CLDN18 (hole) (H*)
EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFIFS SFGMHWVREA PGKGLEWVAY 50
ISSGRSTMY ADSVGRFTI SRDNSKNTLY LQMSNLTAED TAVVYCARGG 100
FYGNSLDYWG QGTLVTVSSA STKGPSVFLP APSKSTSGG TAALGCLVKD 150
YFPEPVTVS NGALTSKRV TFPVAVLQSSG LYSLSVVTV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHNKPSN TKVDKKVEPK SCDKTHCTCP CPAPELLGGP SVFLFPPKPK 250
DTLMISRTPE VTCVVVDVSH EDPEVKFNMY VDGVEVHNK TKPREEQVNS 300
TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKAL PAPIETISK AKGQPREPQV 350
CTLPPSRDEL TRNQVSLSCA VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTPPVL 400
DSDGSFFLV S KLTVDKSRWQ QGNVFSCVM HEALHNHYTQ KSLSLSPKG 449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera : L-kappa anti-CLDN18 (L")
DIQMTQSPSS LSASVGRVT ITCKSSLSLL NSGNQKNYLT WYQEKPGKAP 50
KLLIYWASTR ESGVPSRFSG SGSSTDFTLT ISSLPQEDFA TYSCQNAYS 100
PLTFQGQTKV EIKRTVAAPV VFIFPPSDEQ LKSGTASVVC LLNNFYPREA 150
KVQWKVDNAL QSGNSQESVT EQDSKDSITY LSSTLTLSKA DYKHKVYAC 200
EVTHQGLSSP VTKSFNRGEC 220

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 141-197 258-318 364-422
22"-96" 146"-202" 263"-323" 369"-427"
Intra-L (C23-C104) 23'-88" 134'-194'
23"-94" 140"-200"
Inter-H-L (h 5-CL 126) no H-L 222"-220"
Inter-H-L (CH1 C12-CL 121)* 130-209'
Inter-H-H (h 11, h 14) 223-228" 226-231"
Inter-H-H (CH3 C10-C5)** 351-351"
*variants G1v93 (H CH1 C12) and KcV37 (L' C-KAPPA C121, S126) creating a novel inter-H-L disulfide bond to promote H-L' heteropairing.
**variants G1v74 (H CH3 C10) and G1v75 (H* CH3 C5) creating an additional inter-H-H disulfide bond.

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

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 294, 299"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados.

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2:
444, 449"

suricapavirum

suricapavir

N-[(1*S*)-1-[(3*P*)-3-[4-chloro-3-(methanesulfonamido)-1-methyl-1*H*-indazol-7-yl]-4-oxo-7-[6-(trifluoromethyl)pyridin-2-yl]-3,4-dihydroquinazolin-2-yl]-2-(3,5-difluorophenyl)ethyl]-2-[(3*bS*,4*aR*)-3-(difluoromethyl)-5,5-difluoro-3*b*,4,4*a*,5-tetrahydro-1*H*-cyclopropa[3,4]cyclopenta[1,2-*c*]pyrazol-1-yl]acetamide
inhibitor of viral replication, antiviral

suricapavir

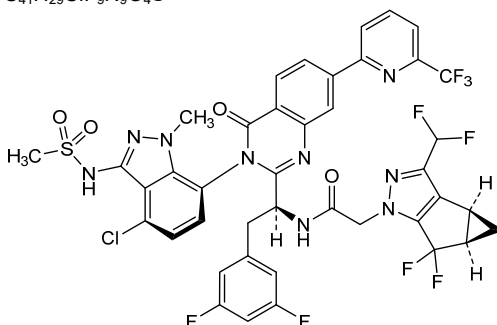
N-[(1*S*)-1-[(3*P*)-3-[4-chloro-3-(méthanesulfonamido)-1-méthyl-1*H*-indazol-7-yl]-4-oxo-7-[6-(trifluorométhyl)pyridin-2-yl]-3,4-dihydroquinazolin-2-yl]-2-(3,5-difluorophényl)éthyl]-2-[(3*bS*,4*aR*)-3-(difluorométhyl)-5,5-difluoro-3*b*,4,4*a*,5-tétrahydro-1*H*-cyclopropa[3,4]cyclopenta[1,2-*c*]pyrazol-1-yl]acétamide
inhibiteur de la réplication virale, antiviral

suricapavir

N-[(1*S*)-1-[(3*P*)-3-[4-cloro-3-(metanosulfonamido)-1-metil-1*H*-indazol-7-il]-4-oxo-7-[6-(trifluorometil)piridin-2-il]-3,4-dihidroquinazolin-2-il]-2-(3,5-difluorofenil)etil]-2-[(3*bS*,4*aR*)-3-(difluorometil)-5,5-difluoro-3*b*,4,4*a*,5-tetrahydro-1*H*-ciclopropa[3,4]ciclopenta[1,2-*c*]pirazol-1-il]acetamida
inhibidor de la replicación vírica, antiviral

C₄₁H₂₉ClF₉N₉O₄S

2417270-21-2

**surovatamigum #**

surovatamig

immunoglobulin (H-gamma4_L-kappa)_VH-G4(h-CH2-CH3), anti-[*Homo sapiens* CD3D (CD3 delta) and CD3E (CD3 epsilon, Leu-4) dimer] and anti-[*Homo sapiens* CD19 (B lymphocyte surface antigen B4, Leu-12)], *Homo sapiens* and humanized monoclonal antibody asymmetric, bispecific, bivalent; H-gamma4 heavy chain anti-CD3D/CD3E dimer, *Homo sapiens* (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-9*01 (100%) -(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 L-kappa light chain anti-CD3D-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* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')];

	VH-G4(h-CH2-CH3) heavy chain anti-CD19, humanized and <i>Homo sapiens</i> (1"-345") [humanized VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-7*01 (91.8%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%) W118>R (106"), CDR-IMGT [8.8.9] (26"-33".51"-58".97"-105")) (1"-116")-<i>Homo sapiens</i> IGHG4*01 h-CH2-CH3, G4v5 h P10, nG4m(a) CH2 L92, G4v4 CH2 A1.3, A1.2, G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) (hinge 1-12 S10>P (126") (117"-128"), CH2 F1.3>A (132"), L1.2>A (133"), L92 (207") (129"-238"), CH3 T22>S (264"), L24>A (266"), Y86>V (305") (239"-343"), CHS (344"-345") (117"-345")]; dimer (229-124":232-127")-bisdisulfide, produced in a cell line from Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, glycoform alfa <i>immunostimulant, antineoplastic</i>
surovatamig	immunoglobuline (H-gamma4_L-kappa)_VH-G4(h-CH2-CH3), anti-[<i>Homo sapiens</i> CD3D (CD3 delta) et CD3E (CD3 epsilon, Leu-4) dimère] et anti-[<i>Homo sapiens</i> CD19 (antigène de surface B4 des lymphocytes B, Leu-12)], anticorps monoclonal <i>Homo sapiens</i> et humanisé asymétrique, bispécifique, bivalent; chaîne lourde H-gamma4 anti-CD3D/CD3E dimer, <i>Homo sapiens</i> (1-450) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-9*01 (100%) - (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 L-kappa anti-CD3D-CD3E <i>Homo sapiens</i> (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV3-15*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, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; chaîne lourde VH-G4(h-CH2-CH3) anti-CD19, humanisée et <i>Homo sapiens</i> (1"-345") [VH humanisé (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-7*01 (91.8%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%) W118>R (106"), CDR-IMGT [8.8.9] (26"-33".51"-58".97"-105")) (1"-116")-<i>Homo sapiens</i> IGHG4*01 h-CH2-CH3, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10, G4v4 CH2 A1.3, A1.2, G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) (charnière 1-12 S10>P (126") (117"-128"), CH2 F1.3>A (132"), L1.2>A (133"), L92 (207") (129"-238"), CH3 T22>S (264"), L24>A (266"), Y86>V (305") (239"-343"), CHS (344"-345") (117"-345")]; dimère (229-124":232-127")-bisdisulfure, produit dans une lignée cellulaire des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa <i>immunostimulant, antinéoplasique</i>
surovatamig	immunoglobulina (H-gamma4_L-kappa)_VH-G4(h-CH2-CH3), anti-[<i>Homo sapiens</i> CD3D (CD3 delta) y CD3E (CD3 épsilon, Leu-4) dímero] y anti-[<i>Homo sapiens</i> CD19 (antígeno de superficie B4 de los linfocitos B, Leu-12)], anticuerpo monoclonal <i>Homo sapiens</i> y humanizado asimétrico, biespecífico, bivalente; cadena pesada H-gamma4 anti-CD3D/CD3E dímero, <i>Homo sapiens</i> (1-450) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-9*01 (100%) - (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), 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 L-kappa anti-CD3D-CD3E <i>Homo sapiens</i> (1'-214') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV3-15*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, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')];

cadena pesada VH-G4(h-CH2-CH3) anti-CD19, humanizada y *Homo sapiens* (1"-345") [VH humanizado (*Homo sapiens* IGHV3-7*01 (91.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.9%) W118>R (106"), CDR-IMGT [8.8.9] (26"-33".51"-58".97"-105")) (1"-116")-*Homo sapiens* IGHG4*01 h-CH2-CH3, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10, G4v4 CH2 A1.3, A1.2, G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) (bisagra 1-12 S10>P (126") (117"-128"), CH2 F1.3>A (132"), L1.2>A (133"), L92 (207") (129"-238"), CH3 T22>S (264"), L24>A (266"), Y86>V (305") (239"-343"), CHS (344"-345")) (117"-345")];dímero (229-124":232-127")-bisdisulfuro, producido en una línea celular de las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, forma glicosilada alfa
inmunoestimulante, antineoplásico

2892667-02-4

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada : H-gamma4 anti-CD3D/CD3E (knob) (H)

```
EVQLVESGGG LVQPGRSLRL SCAASGFTFD DYAMHWVRQA PGKGLEWVSG 50
ISWNSGSIGY ADSVKGRFTI SRD NAKNSLY LQMNSLRAED TALYYCAKDS 100
RGYGDYRLGG AYWGQGT LVT VSSASTKGPS VFPLAPCSRS TSESTAALGC 150
LVKDYFFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFFPAVL QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG 200
TKTYTCNVDH KPSNTKVDKR VESKYGPFCP PCPAPEAAGG PSVFLFPFKP 250
KDTLMISRTP EVTCVVVDVS QEDPEVQFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQFN 300
STYRVVSVLT VLHQDWLNGK EYKCKVSNKG LPSSIEKTIS KAKGQPREPQ 350
VYTLPPSQEE MTKNQVSLWC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV 400
LDSDGSEFFLY SRLTVDKSRW QEGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSLGK 450
```

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera : L-kappa anti-CD3D/CD3E (L')

```
EIVMTQSPAT LSVSPGERAT LSCRASQSVS SNLAWYQQKP GQAPRLLIYG 50
ASTRATGIPA RFGSGSGSTE FTLTISSLQS EDFAVYVCQQ YNNPWFTEGQ 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSSSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEC 214
```

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada : H-gamma4 anti-CD19 (hole) (H")

```
EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFSFS DFWMWVRQA PGKGLEWVAT 50
ISQAGSEKDY VDSVKGRFTI SRD NAKKSLY LQMNSLRAED TAVYYCASGV 100
YSFDYRQGQT LVTVSSESKY GPPCPPCPAP EAAGGPSVFL FPPKPKDTLM 150
ISRTPEVTCV VVDVSQEDPE VQFNWYVDG EVHNAKTKPR EEQFNSTYRV 200
VSVLTVLHQD WLNKEYKCK VSNKGLPSSI EKTISKAKGQ PREPQVYTLF 250
PSQEEMTKNQ VSLSCAVKGF YPSDIAVEWE SNGQPENNYK TTPPVLDSDG 300
SFFLVSRITV DKSRWQEGNV FSCSVMHEAL HNHYTKSLS LSLGK 345
```

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" no CH1 159"-219" 265"-323"

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

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

Inter-H-H (h 8, h 11) 229-124" 232-127"

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

H CH2 N84.4: 300, 195"

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: 450, 345"

sutacimigum #

sutacimig

immunoglobulin (H-gamma4_L-kappa)_ (H-gamma4_L-kappa), anti-[*Homo sapiens* F7 (coagulation factor 7, blood coagulation factor VII, coagulation serum prothrombin conversion accelerator) activated (F7a, F7A, FVIIa, FVIIA)] and anti-[*Homo sapiens* TREML1 (triggering receptor expressed on myeloid cells like 1, TREM-like transcript 1, TLT1, TLT-1)], humanized monoclonal antibody, bispecific, bivalent;
H-gamma4 heavy chain anti-F7a humanized (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-30-2*07 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [9.7.15] (26-34.52-58.97-111)) (1-122)-*Homo sapiens* IGHG4*01 nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10, G4v10 CH3 L85.1, K88 (CH1 (123-220), hinge 1-12 S10>P (230) (221-232), CH2 L92 (311) (233-342), CH3 F85.1>L (407), R88>K (411) (343-447), CHS K2>del (448)) (123-448)], (136-214')-disulfide with L-kappa light chain humanized anti-F7a (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3D-11*01 (88.8%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')];
H-gamma4 heavy chain anti-TREML1 humanized (1"-440") [VH (*Homo sapiens* IGHV3-74*01 (89.7%) -(IGHD) -IGHJ5*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 K2>del (440")) (115"-440")], (128"-219")-disulfide with L-kappa light chain, anti-TREML1 humanized (1""-219""") [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-24*02 (91.0%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27""-37""-55""-57""-94""-102""") (1""-112""") -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158""", V101 (196""") (113""-219""")];dimer (228-220":231-223")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa
blood coagulation factor VIIa inhibitor

sutacimig

immunoglobuline (H-gamma4_L-kappa)_ (H-gamma4_L-kappa), anti-[*Homo sapiens* F7 (facteur de coagulation 7, facteur de coagulation VII du sang, accélérateur de la conversion de la prothrombine sérique de coagulation) activé (F7a, F7A, FVIIa, FVIIA)] et anti-[*Homo sapiens* TREML1 (apparenté 1 du récepteur déclencheur exprimé sur les cellules myéloïdes, transcrit 1 TREM-like, TLT1, TLT-1)], anticorps monoclonal humanisé, bispécifique, bivalent;
chaîne lourde H-gamma4 anti-F7a humanisée (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-30-2*07 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [9.7.15] (26-34.52-58.97-111)) (1-122)-*Homo sapiens* IGHG4*01 nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10, G4v10 CH3 L85.1, K88 (CH1 (123-220), hinge 1-12 S10>P (230) (221-232), CH2 L92 (311) (233-342), CH3 F85.1>L (407), R88>K (411) (343-447), CHS K2>del (448)) (123-448)], (136-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée anti-F7a (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3D-11*01 (88.8%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')];

sutacimig

chaîne lourde H-gamma4 anti-TREML1 humanisée (1"-440") [VH (*Homo sapiens* IGHV3-74*01 (89.7%) -(IGHD) -IGHJ5*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 K2>del (440")) (115"-440")], (128"-219")-disulfure avec la chaîne légère L-kappa, anti-TREML1 humanisée (1"-219") [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-24*02 (91.0%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27"-37".55"-57".94"-102")) (1"-112")-*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158"), V101 (196")) (113"-219")]; dimère (228-220":231-223")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

inhibiteur du facteur VIIa de coagulation sanguine

inmunoglobulina (H-gamma4_L-kappa)_ (H-gamma4_L-kappa), anti-[*Homo sapiens* F7 (factor de coagulación 7, factor VII de coagulación sanguínea, acelerador de la conversión de la protombina sérica de coagulación) activado (F7a, F7A, FVIIa, FVIIA)] y anti-[*Homo sapiens* TREML1 (expresado en el receptor desencadenante expresado en células mieloides de tipo 1, transcrito 1 TREM-like, TLT1, TLT-1)], anticuerpo monoclonal humanizado, biespecífico, bivalente; cadena pesada H-gamma4 anti-F7a humanizada (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-30-2*07 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [9.7.15] (26-34.52-58.97-111)) (1-122)-*Homo sapiens* IGHG4*01 nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10, G4v10 CH3 L85.1, K88 (CH1 (123-220), hinge 1-12 S10>P (230) (221-232), CH2 L92 (311) (233-342), CH3 F85.1>L (407), R88>K (411) (343-447), CHS K2>del (448)) (123-448)], (136-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada anti-F7a (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3D-11*01 (88.8%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107')-*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; cadena pesada H-gamma4 anti-TREML1 humanizada (1"-440") [VH (*Homo sapiens* IGHV3-74*01 (89.7%) -(IGHD) -IGHJ5*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 K2>del (440")) (115"-440")], (128"-219")-disulfuro con la cadena ligera L-kappa, anti-TREML1 humanizada (1"-219") [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-24*02 (91.0%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27"-37".55"-57".94"-102")) (1"-112")-*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158"), V101 (196")) (113"-219")]; dímero (228-220":231-223")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa

inhibidor del factor de coagulación sanguínea VIIa

2933972-64-4

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: H-gamma4 anti-F7a (H)
QVQLQESGGP LVKPSQTLSSL TCTVSGYSIS SDSAWSWIRQ PPGKGLEWIG 50
YIQYSGSTNY NPSLKSRTVI SRDTSKNQFS LKLSSTVTAAD TAVYYCARSV 100
NYYGNSFAVG YWQGQTLVTV SSASTKGPSV FPLAPCSRST SESTAALGCL 150
VKDYFFPEPT VSWNSGALTS GVHTFFPAVLQ SSGLYSLSSV VTPVSSSLGT 200
KTYTCNVDPK PSNTKVKDKRV ESKYGPCCPP CPAPEFLGGP SVFLFPKPK 250
DTLMISRTPE VTCVVVDVSQ EDPEVQFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQFNS 300
TYRVVSVLTV LHQDWLNGKE YKCKVSNKGL PSSIEKTISK AKGQPREPV 350
YTLPPSQEEM TKNQVSLTCL VKGFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTPPV 400
DSDGSFLLYS KLTVDKSRWQ EGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSLG 448

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: L-kappa anti-F7a (L')
EIVLTQSPAT LSLSPGERAT LSCRASQGIS DYLHWYQQKPE GEAPRLLIKY 50
TSQPATGIPA RFSGSGSGTD FTLTISLLEP EDFAVYYCQN GHSFPLTFGQ 100
GTGLEIKRTV AAPSVFIIPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEC 214

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: H-gamma4 anti-TREML1 (H'')
EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS RYWMTWVRQA PGKGLVWVGE 50
INPDSSITNY APSVKGRFTI SRDNAKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCASGV 100
FTSWGQGTIV TVSSASTKGP SVFPLAPCSR STSESTAALG CLVKDYFFPEP 150
VTVSWNSGAL TSGVHTFFAV LQSSGLYSLV SVVTVPSSSL GTKTYTCNVD 200
HKPSNTKVDK RVESKYGPPC PPCPAPEFLG GPSVFLFPPK PKDTLMISRT 250
PEVTCVVVDV SQEDPEVQFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQF NSTYRVVSVL 300
TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK GLPSSIEKTI SKAKGQPREP QVYTLPPSQE 350
EMTKNQVSLT CLVKGFYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTPPP VLDSGGSFFL 400
YSRLTVDKSR WQEGNVFSCS VMHEALHNHY TQKSLSLSLG 440

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: L-kappa anti-TREML1 (L''')
DIWMTQTPLS SPVTLGQPAS ISCRSSQSLV HRQGNTRYFHW LQORPGQPPR 50
LLIYKVSNNR SGVPDRFSGS GAGTDFTLKI SRVEADVGV YYCSQSTHVP 100
YTFGQGTGLE IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVVCL LNNFYPREAK 150
VQWKVDNALQ SGNQSQESVTE QDSKDSSTYSL SSTLTLSKAD YEKKHVVYACE 200
VTHQGLSSPV TKSFNRGEC 219

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 149-205 263-323 369-427
22"-96" 141"-197" 255"-315" 361"-419"
Intra-L (C23-C104) 23'-88' 134'-194'
23'''-93''' 139'''-199'''
Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 136-214' 128"-219"
Inter-H-H (h 8, h 11) 228-220" 231-223"

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-oxoprofilo)
H VH Q1: 1

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 299, 291"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarijos complejos fucosilados

tabirafuspum alfa #
tabirafusp alfa

human vascular endothelial growth factor receptor 1 (VEGFR-1) fragment containing immunoglobulin-like extracellular domain 2 (103-206, 1-104 in the current sequence) fused to a human vascular endothelial growth factor receptor 2 (VEGFR-2) fragment containing immunoglobulin-like extracellular domain 3 (208-308, 105-205 in the current sequence) fused via peptide linker ²⁰⁶GGGGSGGGGS²¹⁵ to

tabirafusp alfa

the gamma 1 heavy chain of anti-[human interleukin 6 (IL-6)] (216-664) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*03 -(IGHD) -IGHJ3*02, CDR-Kabat [5.17.10] (246-250.265-281.314-323)) (216-334) -*Homo sapiens*IGHG1*03 R⁴³¹>K (CH1 (335-432), hinge (433-447), CH2 L⁴⁵¹>A, L⁴⁵²>A, G⁴⁵⁴>A (448-557), CH3 L⁶⁶⁰>C (558-662), CHS (663-664)) (433-664)], (437-213')-disulfide with kappa light chain anti-[human interleukin 6 (IL-6)] (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-13*02 -IGKJ1*01, CDR-Kabat [10.7.9] (24'-33'.49'-55'.88'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens*IGKC*01 (107'-213'')]; dimer (443-443'':446-446'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1SV, glycoform alfa; *angiogenesis inhibitor*

tabirafusp alfa

fragment du récepteur 1 du facteur de croissance endothéliale vasculaire (VEGFR-1) humain contenant le domaine extracellulaire 2 de type immunoglobuline (103-206, 1-104 dans la séquence en cours) fusionné au fragment du récepteur 2 du facteur de croissance endothéliale vasculaire humain (VEGFR-2) contenant le domaine extracellulaire 3 de type immunoglobuline (208-308, 105-205 dans la séquence en cours) fusionné avec l'aide du coupleur peptidique ²⁰⁶GGGGSGGGGS²¹⁵ à la chaîne lourde gamma 1 de l'anti-[interleukine-6 humaine (IL-6)] (216-334) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*03 -(IGHD) -IGHJ3*02, CDR-Kabat [5.17.10] (246-250.265-281.314-323)) (216-334) -*Homo sapiens*IGHG1*03 R⁴³¹>K (CH1 (335-432), charnière (433-447), CH2 L⁴⁵¹>A, L⁴⁵²>A, G⁴⁵⁴>A (448-557), CH3 L⁶⁶⁰>C (558-662), CHS (663-664)) (433-664)], (437-213')-disulfure avec la chaîne légère kappa anti-[interleukine-6 humaine (IL-6)] (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-13*02 -IGKJ1*01, CDR-Kabat [10.7.9] (24'-33'.49'-55'.88'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens*IGKC*01 (107'-213'')]; dimère (443-443'':446-446'')-bis-disulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1SV, glycoforme alfa *inhibiteur de l'angiogenèse*

fragmento del receptor 1 del factor de crecimiento endotelial vascular humano (VEGFR-1) que contiene el dominio extracelular 2 similar a la inmunoglobulina (103-206, 1-104 en la secuencia actual) fusionado a un fragmento del receptor 2 del factor de crecimiento endotelial vascular humano (VEGFR-2) que contiene el dominio extracelular 3 similar a la inmunoglobulina (208-308, 105-205 en la secuencia actual) fusionado a través de enlace peptídico ²⁰⁶GGGGSGGGGS²¹⁵ a la cadena pesada gamma 1 de anti-[interleukina 6 (IL-6) humana] (216-664) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*03 -(IGHD) -IGHJ3*02, CDR-Kabat [5.17.10] (246-250.265-281.314-323)) (216-334) -*Homo sapiens*IGHG1*03 R⁴³¹>K (CH1 (335-432), bisagra (433-447), CH2 L⁴⁵¹>A, L⁴⁵²>A, G⁴⁵⁴>A (448-557), CH3 L⁶⁶⁰>C (558-662), CHS (663-664)) (433-664)], (437-213')-disulfuro con la cadena ligera kappa anti-[interleukina 6 humana (IL-6)] (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-13*02 -IGKJ1*01, CDR-Kabat [10.7.9] (24'-33'.49'-55'.88'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens*IGKC*01 (107'-213'')]; dímero (443-443'':446-446'')-bisdisulfuro, producido en células ováricas de hámster Chino (CHO) K1SV, glicofoma alfa *inhibidor de la angiogénesis*

2839527-15-8

Sequence / Séquence / Secuencia	
VEGFR1/2-IgG1 heavy chain	
SDTGRFFVEM YSEIPEIIHM TEGRELVIPC RVTSPNITVT LKKFPLDTLI	50
PDGKRIIWDS RKGFIISNAT YKEIGLLTCE ATVNGHLYKT NYLTHRQTNT	100
IDDVLSPSH GIELSVGEKL VLNCTARTEL NVGIDFNWEY PSSKHQHKKL	150
VNRDLKTQSG SEMKKFLSTL TIDGVTRSDQ GLYTCAASSG LMTKKNSTFV	200
RVHEKGGGGS GGGGSEVQLV ESGGGLVQPG GSLRLSCAAS GFTFSPFAMH	250
WVRQAPGKGL EWVAKISPGG SWTYYSDTVT DRFTFSLDTS KSTAYLQMNS	300
LRAEDTAVYY CARQAWGYA LDIWGQGTLLV TVSSASTKGP SVFPLAPSSK	350
STSGGTAALG CLVKDYFPEP VTVSWNSGAL TSGVHTFPAV LQSSGLYSLS	400
SVVTVPSSSL GTQTYICNVN HKPSNTKVDK KVEPKSCDKT HTCPCCPAPE	450
AAQAPSVFLF PPKPKDTLMI SRTPEVTCVV VDVSHEDPEV KFNWYVDGVE	500
VHNAKTKPRE EQYNSTYRVV SVLTVLHQDW LNKKEYKCKV SNKALPAPIE	550
KTISKAKGQP REPQVYTLPP SREEMTKNQV SLTCLVKGFY PSDIAVEWES	600
NGQPENNYKT TPPVLDSGGS FFLYSKLTVD KSRWQQGNVF SCSVMHEALH	650
NHYTQKSLSC SPGK	664

Light chain	
DIQLTQSPSS LSASVGDRVT ITCASISVS YLYWYQQKPG KAPKLLIYDD	50
SSLASGVPSR FSGSGSGTDF TLTISSLQPE DFATYYCQQW SGYPYTFGQG	100
TKVEIKRTVA APSVFIFPPS DEQLKSGTAS VVCLLNNFYP REAKVQWKVD	150
NALQSGNSQE SVTEQDSKDS TYSLSTLTLL SKADYEKHKV YACEVTHQGL	200
SSPVTKSFNR GEC	213

Mutations / Mutations / Mutaciones

L⁴⁵¹>A, L⁴⁵²>A, G⁴⁵⁴>A, I⁶⁶⁰>C

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión

²⁰⁶GGGSGGGGS²¹⁵

Post-translational modifications

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

Intra VEGFR1/2-heavy chain: 30-79, 124-185, 237-311, 361-417, 478-538, 584-642
30"-79", 124"-185", 237"-311", 361"-417", 478"-538", 584"-642"

Intra kappa light chain: 23'-87', 133'-193', 23'''-87"', 133'''-193'''

Inter VEGFR1/2-heavy chain: 443-443", 446-446"

Inter heavy chain-light chain: 437-213', 437'''-437'''

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

N36, N68, N123, N196, N514, N36", N68", N123", N196", N514"

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

664, 664"

tabirafuspum alfa tedromerum #

tabirafusp alfa tedromer

human vascular endothelial growth factor receptor 1 (VEGFR-1) fragment containing immunoglobulin-like extracellular domain 2 (103-206, 1-104 in the current sequence) fused to a human vascular endothelial growth factor receptor 2 (VEGFR-2) fragment containing immunoglobulin-like extracellular domain 3 (208-308, 105-205 in the current sequence) fused via peptide linker ²⁰⁶GGGSGGGGS²¹⁵ to the gamma 1 heavy chain of anti-[human interleukin 6 (IL-6)] (216-664) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*03 - (IGHD) -IGHJ3*02, CDR-Kabat [5.17.10] (246-250.265-281.314-323)) (216-334) -*Homo sapiens*IGHG1*03 R⁴³¹>K (CH1 (335-432), hinge (433-447), CH2 L⁴⁵¹>A, L⁴⁵²>A, G⁴⁵⁴>A (448-557), CH3 L⁶⁶⁰>C (558-662), CHS (663-664)) (433-664)], (437-213')-disulfide with kappa light chain anti-[human interleukin 6 (IL-6)] (1'-213') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-13*02 -IGKJ1*01, CDR-Kabat [10.7.9] (24'-33'.49'-55'.88'-96')) (1'-106') -*Homo sapiens*IGKC*01 (107'-213')]; dimer (443-443":446-446")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1SV, glycoform alfa;

substituted at an average of one sulfur atom of cysteine residues 660 and 660" with (3RS)-1-[1,1,1-tris({3-[2-(2,2,2-tris({2-(α -bromoethoxy/hydro/hydroxy)poly[1-(10,10-dimethyl-6-oxido-6-oxo-2,5,7-trioxa-10-aza-6 λ^5 -phosphaundecan-10-ium-1-oyl)-1-methylethane-1,2-diyl]- ω -yl)-2-methylpropanoyl]oxy)methyl]ethoxy]acetamido]propanamido)methyl]-16,32-dioxo-3,6,9,12,19,22,25,28-octaoxa-15,31-diazatetratricontan-34-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (*tedromer*) *angiogenesis inhibitor*

tabirafusp alfa tédomère

fragment du récepteur 1 du facteur de croissance endothéliale vasculaire (VEGFR-1) humain contenant le domaine extracellulaire 2 de type immunoglobuline (103-206, 1-104 dans la séquence en cours) fusionné au fragment du récepteur 2 du facteur de croissance endothéliale vasculaire humain (VEGFR-2) contenant le domaine extracellulaire 3 de type immunoglobuline (208-308, 105-205 dans la séquence en cours) fusionné avec l'aide du coupleur peptidique ²⁰⁶GGGGSGGGGS²¹⁵ à la chaîne lourde gamma 1 de l'anti-[interleukine-6 humaine (IL-6)] (216-334) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*03 -(IGHD) -IGHJ3*02, CDR-Kabat [5.17.10] (246-250.265-281.314-323)) (216-334) -*Homo sapiens*IGHG1*03 R⁴³¹>K (CH1 (335-432), charnière (433-447), CH2 L⁴⁵¹>A, L⁴⁵²>A, G⁴⁵⁴>A (448-557), CH3 L⁶⁶⁰>C (558-662), CHS (663-664)) (433-664)], (437-213')-disulfure avec la chaîne légère kappa anti-[interleukine-6 humaine (IL-6)] (1'-213')] [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-13*02 -IGKJ1*01, CDR-Kabat [10.7.9] (24'-33'.49'-55'.88'-96'')) (1'-106') -*Homo sapiens*IGKC*01 (107'-213'')]; dimère (443-443":446-446")-bis-disulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1SV, glycoforme alfa; substitué à une moyenne d'un atome de soufre des résidus cystéine 660 et 660" par (3RS)-1-[1,1,1-tris({3-[2-(2,2,2-tris({2-(α -bromoéthoxy/hydro/hydroxy)poly[1-(10,10-diméthyl-6-oxido-6-oxo-2,5,7-trioxa-10-aza-6 λ^5 -phosphaundécane-10-ium-1-oyl)-1-méthyléthane-1,2-diyl]- ω -yl)-2-méthylpropanoyl]oxy)méthyl]éthoxy]acétamido]propanamido)méthyl]-16,32-dioxo-3,6,9,12,19,22,25,28-octaoxa-15,31-diazatétratriacontan-34-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (*tédromère*) *inhibiteur de l'angiogenèse*

tabirafusp alfa tetrómero

fragmento del receptor 1 del factor de crecimiento endotelial vascular humano (VEGFR-1) que contiene el dominio extracelular 2 similar a la inmunoglobulina (103-206, 1-104 en la secuencia actual) fusionado a un fragmento del receptor 2 del factor de crecimiento endotelial vascular humano (VEGFR-2) que contiene el dominio extracelular 3 similar a la inmunoglobulina (208-308, 105-205 en la secuencia actual) fusionado a través de enlace peptídico ²⁰⁶GGGGSGGGGS²¹⁵ a la cadena pesada gamma 1 de anti-[interleukina 6 (IL-6) humana] (216-664) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-23*03 -(IGHD) -IGHJ3*02, CDR-Kabat [5.17.10] (246-250.265-281.314-323)) (216-334) -*Homo sapiens*IGHG1*03 R⁴³¹>K (CH1 (335-432), bisagra (433-447), CH2 L⁴⁵¹>A, L⁴⁵²>A, G⁴⁵⁴>A (448-557), CH3 L⁶⁶⁰>C (558-662), CHS (663-664)) (433-664)], (437-213')-disulfuro con la cadena ligera kappa anti-[interleukina 6 humana (IL-6)] (1'-213')] [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-13*02 -IGKJ1*01, CDR-Kabat [10.7.9] (24'-33'.49'-55'.88'-96'')) (1'-106') -*Homo sapiens*IGKC*01 (107'-213'')]; dímero (443-443":446-446")-bisdisulfuro, producido en células ováricas de hámster Chino (CHO) K1SV, glicofoma alfa;

sustituido en una media de un átomo de azufre de residuos de cisteína 660 y 660" con (3RS)-1-[1,1,1-tris({3-[2-(2,2,2-tris({(2-{α-(bromo / etoxi / hidro / hidroxil)poli[1-(10,10-dimetil-6-oxido-6-oxo-2,5,7-trioxa-10-aza-6λ⁶-fosfaundecan-10-ium-1-ol)-1-metiletano-1,2-diil]-ω-il)-2-metilpropanoil]oxil]metil]etoxi]acetamido]propanamido}metil)-16,32-dioxo-3,6,9,12,19,22,25,28-octa-15,31-diazatetratricontan-34-il]-2,5-dioxopirrolidin-3-il (tedrómero)
inhibidor de la angiogénesis

2839527-16-9

Sequence / Séquence / Secuencia	
VEGFR1/2-IgG1 heavy chain	
SDTGRPFVEM YSEIPEIIHM TEGRELVIPC RVTSPNITVT LKKFPLDTLI	50
PDGKRIIWDS RKGFIISNAT YKEIGLLTCE ATVNGHLYKT NYLTHRQNT	100
IIDVVLSPSH GIELSVGEKL VLNCTARTEL NVGIDFNWEY PSSKHQHKKL	150
VNRDLKTQSG SEMKFSLSTL TIDGVTRSDQ GLYTCAASSG LMTKKNSTFV	200
RVHEKGGGGS GGGGSEVQLV ESGGGLVQPG GSLRLSCAAS GFTFSPFAMH	250
WVRQAPGGKL EWWAKISPGG SWTYSDTDT DRFTFSLDTS KSTAYLQMNS	300
LRAEDTAVYY CARQAWGYA LDIWQGGLTV TVSSASTKGP SVFPLAPSSK	350
STSGGTAALG CLVKDYFPEP VTVSWNSGAL TSGVHTFPAV LQSSGLYSL	400
SVTVTPSSSL GTQTYICNVN HKPSNTKVDK KVEPKSCDKT HTCPCPCAPE	450
AAAPSFLF PPKPKDTLMI SRTPEVTCVV VDVSHEDPEV KFNWYVDGVE	500
VHNAKTKPRE EQYNSTYRVV SVLTVLHQDW LNGKEYKCKV SNKALPAPIE	550
KTISKAKGQP REPQVYTLPP SREEMTKNQV SLTCLVKGFY PSDIAVEWES	600
NQQPENNYKT TTPVLDSGGS FFLYSKLTV D KSRWQQGNVF SCSVMHEALH	650
NHYTQKSLSC SPGK	664

Light chain	
DIQLTQSPSS LSASVGDRTV ITCSASISVS YLYWYQKPG KAPKLLIYDD	50
SSLASGVPSR FSGSGSGTDF TLTISSLQPE DFATYYCQQW SGYPYTFGGG	100
TKVEIKRTVA APSVFIFPPS DEQLKSGTAS VVCLLNNEFY REAKVQWQVD	150
NALQSGNSQE SVTEQDSKDS TYSLSSLTTL SKADYEKKHV YACEVTHQGL	200
SSPVTKSFNR GEC	213

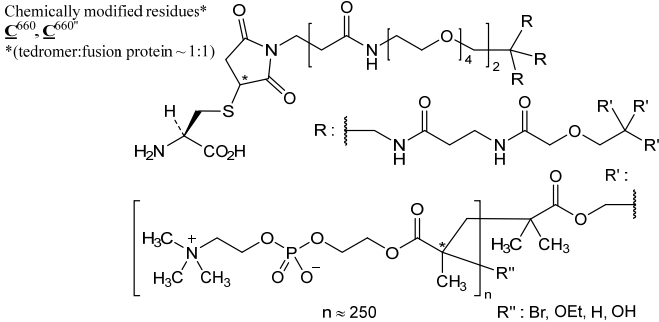
Mutations / Mutations / Mutaciones
L⁴⁵¹>A, L⁴⁵²>A, G⁴⁵⁴>A, L⁶⁶⁰>C

Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión
²⁰⁶GGGSGGGGS²¹⁵

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra VEGFR1/2-heavy chain: 30-79, 124-185, 237-311, 361-417, 478-538, 584-642
30"-79", 124"-185", 237"-311", 361"-417", 478"-538", 584"-642"
Intra kappa light chain: 23'-87', 133'-193', 23'''-87''', 133'''-193'''
Inter VEGFR1/2-heavy chain: 443-443'', 446-446"
Inter heavy chain-light chain: 437-213', 437''-437'''

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
N36, N68, N123, N196, N514, N36'', N68'', N123'', N196'', N514''

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
664, 664''



telikibartum #
telikibart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL4R (interleukin 4 receptor, IL4RA, IL-4RA, interleukin 13 receptor, CD124)], *Homo sapiens* monoclonal antibody;
H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-455) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (82.4%), CDR-IMGT [8.8.18] (26-33.51-58.97-114)) (1-125) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116 (CH1 R120 (222) (126-223), hinge 1-15 (224-238), CH2 L1.3>F (242), L1.2>E (243), P116>S (339) (239-348), CH3 E12 (364), M14 (366) (349-453), CHS (454-455)) (126-455)], (228-219')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-28*01 (92.0%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102')) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')]; dimer (234-234":237-237")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa
interleukin-4-receptor alpha (IL-4Ra) blocker, anti-inflammatory

télikibart

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL4R (récepteur de l'interleukine 4, IL4RA, IL-4RA, récepteur de l'interleukine 13, CD124)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*;
chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens* (1-455) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (82.4%), CDR-IMGT [8.8.18] (26-33.51-58.97-114)) (1-125) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116 (CH1 R120 (222) (126-223), charnière 1-15 (224-238), CH2 L1.3>F (242), L1.2>E (243), P116>S (339) (239-348), CH3 E12 (364), M14 (366) (349-453), CHS (454-455)) (126-455)], (228-219')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-28*01 (92.0%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102')) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')]; dimère (234-234":237-237")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa
bloqueur du récepteur alpha de l'interleukine-4 (IL-4Ra), anti-inflammatoire

telikibart

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL4R (receptor de la interleukina 4, IL4RA, IL-4RA, receptor de la interleukina 13, CD124)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*;
cadena pesada H-gamma1 *Homo sapiens* (1-455) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*04 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (82.4%), CDR-IMGT [8.8.18] (26-33.51-58.97-114)) (1-125) -*Homo sapiens* IGHG1*03, G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116 (CH1 R120 (222) (126-223), bisagra 1-15 (224-238), CH2 L1.3>F (242), L1.2>E (243), P116>S (339) (239-348), CH3 E12 (364), M14 (366) (349-453), CHS (454-455)) (126-455)], (228-219')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa *Homo sapiens* (1'-219') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV2-28*01 (92.0%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [11.3.9] (27'-37'.55'-57'.94'-102')) (1'-112') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (158'), V101 (196')) (113'-219')]; dímero (234-234":237-237")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa
bloqueador del receptor alfa de la interleuquina-4 (IL-4Ra), antiinflamatorio

2618667-96-0

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAVSGFTFS SYAMSWVRQA PGKGLEWVSS 50
ITGGGGGIYY ADSVKGRFTI SRDNSKNTVY LQMNSLRAED TAVYYCAKDR 100
ISITIRPRYF GLDFWQGQTT VTVSSASTKG PSVFPLAPSS KSTSGGTAAL 150
GCLVKDYFPE PVTVSWNSGA LTSGVHTFPA VLQSSGLYSL SSVTVPPSSS 200
LGTQTYICNV NHKPSNTKVD KRVEPKSCDK THTCPPCPAP EFEGGPSVFL 250
FPPKPKDTLM ISRTPEVTCV VVDVSHEDPE VKFNWYVDGV EVHNAKTKPR 300
EEQYNSTYRV VSVLTVLHQD WLNGKEYKCK VSNKALPASI EKTISKAKGQ 350
PREPQVYTLF PSREEMTKNQ VSLTCLVKGF YPSDIAVEWE SNGQPENNYK 400
TTPPVLDSDG SFFLYSKLTV DKSRWQQGNV FSCSVMHEAL HNHYTQKSL 450
LSPGK 455

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIVMTQSPPLS LPVTPGEPAS ISCRSSQSLL YSIGYNYLDW YLQKSGQSPQ 50
LLIYLGSNRA SGVPDRFSGS GSGTDFTLKI SRVEAEDVGF YYCMQSFKAP 100
YTFGQGTKLE IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL KSGTASVCL LNNFYPREAK 150
VQWKVDNALQ SGNSQESVTE QDSKDSTYSL SSTLTLSKAD YEKKHVYACE 200
VTHQGLSSPV TKSFNRGEC 219

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 152-208 269-329 375-433
22"-96" 152"-208" 269"-329" 375"-433"
Intra-L (C23-C104) 23'-93' 139'-199"
23'''-93''' 139'''-199'''
Inter-H-L (h 5-CL 126) 228-219' 228"-219"
Inter-H-H (h 11, h 14) 234-234" 237-237"

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 biantenarios complejos fucosilados

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 455, 455"

teprosulvosum
teprosulvose

3-(octadecanoyloxy)propyl 6-deoxy-6-sulfo-α-D-glucopyranoside
radiosensitizer (veterinary use)

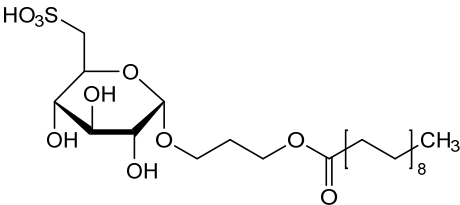
téprosulvose

6-désoxy-6-sulfo-α-D-glucopyranoside de 3-
(octadécanoyloxy)propyle
radiosensibilisateur (usage vétérinaire)

teprosulvosa

6-desoxi-6-sulfo-α-D-glucopiranosido de 3-(1octadecanoiloxi)propilo
radiosensibilizante (uso veterinario)

C₂₇H₅₂O₁₀S 1983131-47-0



tigemocoxibum
tigemocoxib

(2S)-7-tert-butyl-6-chloro-2-(trifluoromethyl)-2H-1-benzopyran-3-
carboxylic acid
cyclo-oxygenase 2 (COX-2) inhibitor, anti-inflammatory

tigémocoxib

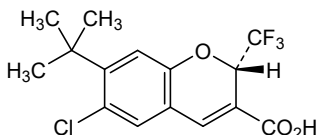
acide (2S)-7-*tert*-butyl-6-chloro-2-(trifluorométhyl)-2H-1-benzopyrane-3-carboxylique
inhibiteur de la cyclo-oxygénase 2 (COX-2), anti-inflammatoire

tigemocoxib

ácido (2S)-7-*terc*-butil-6-cloro-2-(trifluorometil)-2H-1-benzopirano-3-carboxílico
inhibidor de la ciclooxigenasa 2 (COX-2), antiinflamatorio

C₁₅H₁₄ClF₃O₃

215122-74-0



tizetatumum #

tizetatum

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; H-gamma1 heavy chain humanized (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*02 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-35.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (218) (122-219), hinge 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-214')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (84.3%) -IGKJ4*01 (91.7%) G120>A (100'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimer (230-230":233-233")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1SV lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, glycoform alfa
antineoplastic

tizétatum

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TACSTD2 (transducteur 2 de signaux calciques associé aux tumeurs, composant membranaire du chromosome 1 marqueur de surface 1, M1S1, antigène GA7331 associé aux tumeurs gastrointestinales, protéine GA733-1 marqueur de carcinomes pancréatiques, glycoprotéine épithéliale 1, EGP-1, antigène 2 du trophoblaste, glycoprotéine Trop-2 à la surface des cellules, TROP2)], anticorps monoclonal humanisé;

chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*02 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-35.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17.1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (218) (122-219), charnière 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (84.3%) -IGKJ4*01 (91.7%) G120>A (100'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimère (230-230":233-233")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1SV ne présentant pas le gène de la glutamine synthétase (GS-KO), glycoforme alfa *antineoplasique*

tizetatug

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TACSTD2 (transductor 2 de señales cálcicas asociado a los tumores, componente de membrana del cromosoma 1 marcador de superficie 1, M1S1, antígeno GA7331 asociado con los tumore 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;
cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*02 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-35.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17.1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (218) (122-219), bisagra 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (84.3%) -IGKJ4*01 (91.7%) G120>A (100'), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dímero (230-230":233-233")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1SV en ausencia del gen de la glutamina sintetasa (GS-KO), forma glicosilada alfa *antineoplasico*

2938864-87-8

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada	
EVQLVQSGSE LKKPGASVKV SCKASGYTFT NYGMNWKVQA PGQGLKWMGW	50
INTYTGPEPTY TQDFKGRFAF SLDTSVSTAY LQISLKAED TAVYYCARGG	100
FGSSYWYFVDW WGGTLTIVTS SASTKGPSVF PLAPSSKSTS GGTAALGCLV	150
KDYFPEPVTV SNWNGALTSV VHTFPAVLQS SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ	200
TYICNVNHKP SNTKVDKKVE PKSCDKTHTC PPCPAPELLG GPSVFLFPFK	250
PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQY	300
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIEKTI SKAKGQPREP	350
QVYTLPPSRD ELTKNQVSLT CLVKGFYPSD IAVEWESNGQ PENNYKTPPP	400
VLDSDGGSFFL YSKLTVDKSR WQQGNVFSCS VMHEALHNNH TQKSLSLSPG	450
K	451

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera	
DIQLTQSPSS LSASVGDRVS ITCKASQDVS IAWAWYQQKP GKAPKLLIYS	50
ASYRYTGVPD RFGSGSGSTD FTLTISSLQP EDFAVYYCQQ HYITPLTFGA	100
GTKVEIKRTV AAPSVEIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV	150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSSTLT 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"

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"

tizetatumab rezetecanum #

tizetatumab rezetecan

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TACSTD2 (tumor-associated calcium signal transducer 2, membrane component chromosome 1 surface marker 1, M1S1, gastrointestinal tumor-associated antigen GA7331, pancreatic carcinoma marker protein GA733-1, epithelial glycoprotein-1, EGP-1, trophoblast antigen-2, cell surface glycoprotein Trop-2, TROP2)], humanized monoclonal antibody; conjugated on an average of four cysteinyl residues to *rezetecan*;

H-gamma1 heavy chain humanized (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*02 (88.8%) -(IGHD) - IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-35.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (218) (122-219), hinge 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-214')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (84.3%) -IGKJ4*01 (91.7%) G120>A (100), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimer (230-230":233-233")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1SV lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, glycoform alpha; substituted at the sulfur atoms of four L-cysteinyl residues on an average among 224, 230, 233, 214', 224", 230", 233" and 214" with (3RS)-1-[(2R,10S)-10-benzyl-2-cyclopropyl-1-[(1S,9S)-9-ethyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-methyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1H,12H-benzo[de]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-b]quinolin-1-yl]amino)-1,6,9,12,15,18-hexaoxo-3-oxa-5,8,11,14,17-pentaazatricosan-23-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (*rezetecan*) groups
antineoplastic

tizetatumab rézetécan

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; conjuguée par quatre résidus cystéinyles en moyenne au *rézetécan*;
chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*02 (88.8%) -(IGHD) - IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-35.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (218) (122-219), charnière 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-214')-disulfure avec la chaîne légère

légère L-kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (84.3%) -IGKJ4*01 (91.7%) G120>A (100), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimère (230-230":233-233")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1SV ne présentant pas le gène de la glutamine synthétase (GS-KO), glycoforme alfa; substitué, sur les atomes de soufre de quatre résidus L-cystéinyle en moyenne parmi 224, 230, 233, 214', 224", 230", 233" and 214"', avec des groupes (3RS)-1-[(2R,10S)-10-benzyl-2-cyclopropyl-1-[(1S,9S)-9-éthyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-méthyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1*H*,12*H*-benzo[de]pyrano[3',4':6',7']indolizino[1,2-*b*]quinoléin-1-yl]amino]-1,6,9,12,15,18-hexaoxo-3-oxa-5,8,11,14,17-pentaazatricosan-23-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (*rezetecán*)
antineoplasique

tizetaturg rezetecán

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* TACSTD2 (transductor 2 de señales cálcicas asociado con tumores, componente de membrana del cromosoma 1 marcador de superficie 1, M1S1, antígeno GA7331 asociado con 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, por cuatro residuos de cisteinilo, por término medio a *rezetecán*; cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*02 (88.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.8.14] (26-35.51-58.97-110)) (1-121) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (100%) G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14 (CH1 K120 (218) (122-219), bisagra 1-15 (220-234), CH2 (235-344), CH3 D12 (360), L14 (362) (345-449), CHS (450-451)) (122-451)], (224-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*03 (84.3%) -IGKJ4*01 (91.7%) G120>A (100), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dímero (230-230":233-233")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1SV en ausencia del gen de la glutamina sintetasa (GS-KO), forma glicosilada alfa; sustituido, en los átomos de azufre de cuatro residuos de L-cisteinilo en promedio de 224, 230, 233, 214', 224", 230", 233" y 214", con grupos (3RS)-1-[(2R,10S)-10-bencil-2-ciclopropil-1-[(1S,9S)-9-etil-5-fluoro-9-hidroxi-4-metil-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahidro-1*H*,12*H*-benzo[de]pirano[3',4':6',7']indolizino[1,2-*b*]quinolein-1-il]amino]-1,6,9,12,15,18-hexaoxo-3-oxa-5,8,11,14,17-pentaazatricosan-23-il]-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo (*rezetecán*)
antineoplásico

2938864-88-9

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada			
EVQLVQSGSE	LKKPGASVKV	SKKASGYTFT	NYGMNWKQA PGQGLKWMGW 50
INTYTGEPY	TQDFKGRFAF	SLDTSVSTAY	LQISSSLKAED TAVYYCARGG 100
FGSSYWFYFDV	WGQGTLLTVS	SASTKGPSVF	PLAPSSKSTS GGTAALGCLV 150
KDYFPEPVTV	SWNSGALTSG	VHTFPAVLQS	SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ 200
TYICNVNHKP	SNTKVDKKVE	PKSCDKHTHC	PPCPAPELLG GPSVFLFPPK 250
PKDTLMISRT	PEVTCVVVDV	SHEDPEVKFN	WYVDGVEVHN AKTKPREEQY 300
NSTYRVVSVL	TVLHQDWLNG	KEYKCKVSNK	ALPAPIEKTI SKAKGQPREP 350
QVYTLPPSRD	ELTKNQVSLT	CLVKGFYPSD	IAVEWESNGQ PENNYKTPP 400
VLDSDGSFFL	YSKLTVDKSR	WQQGNVFCSS	VMHEALHNHY TQKSLSLSPG 450
K 451			

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera			
DIQLTQSPSS	LSASVGDRVS	ITCKASQDVS	IAVAWYQQKP GKAPKLLIYS 50
ASRYRTGVPD	RFSGSGSGTD	FTLTISSSLQP	EDFAVYVCQQ HYITPLTFGA 100
GTKVEIKRTV	AAPSVFIFPP	SDEQLKSGTA	SVVCLLNIFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD	STYSLSSLT	LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN	RGEC		214

Post-translational modifications

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

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

22"-96" 148"-204" 265"-325" 371"-429"

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

23'''-88''' 134'''-194'''

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

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

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

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

*Tres or cuatro puentes disulfuro inter-catenarios no estan presentes, una media de cuatro cisteinil está conjugada a conectores de principio activo.

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

H CH2 N84.4: 301, 301"

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

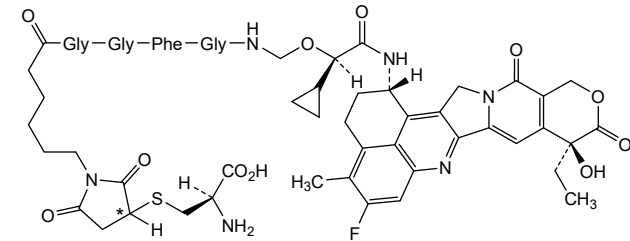
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal

H CHS K2: 451, 451"

Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados

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

rezetecan:mAb ~ 4:1



tovecimigum #
tovecimig

immunoglobulin G1-scFvIh_L-kappa, anti-[*Homo sapiens* VEGFA (vascular endothelial growth factor A, VEGF-A, VEGF)] and anti-[*Homo sapiens* DLL4 (delta-like 4)], humanized and *Homo sapiens* monoclonal antibody; bispecific;

H-gamma1 heavy chain anti-VEGFA fused to a scFvLh anti-DLL4 (1-714) [H-gamma1 heavy chain anti-VEGFA humanized (1-453) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-30*02 (76.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.9.16] (26-33.51-59.97-112)) (1-123)-*Homo sapiens*IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (220) (124-221), hinge 1-15 (222-236), CH2 (237-346), CH3 E12 (362), M14 (364) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)] -15-mer tris(tetraglycyl-seryl) linker (454-468) -scFvLh anti-DLL4 *Homo sapiens* (469-714) [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-47*02 (89.7%) - IGLJ2*01 (90.9%) G120>C (571), CDR-IMGT [8.3.11] (494-501.519-521.558-568)) (469-578) -20-mer tetrakis(tetraglycyl-seryl) linker (579-598) -VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*03 (91.8%) -IGHD -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.9] (624-631.649-656.695-703)) (599-714)]; (226-214')-disulfide with L-kappa light chain anti-VEGFA humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-16*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 (232-232":235-235")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-DG44, glycoform alfa
angiogenesis inhibitor, antineoplastic

tovecimig immunoglobuline G1_scFvLh_L-kappa, anti-[*Homo sapiens* VEGFA (facteur de croissance A de l'endothélium vasculaire, VEGF-A, VEGF)] et anti-[*Homo sapiens* DLL4 (delta-like 4)], anticorps monoclonal humanisé et *Homo sapiens*; bispécifique;
chaîne lourde H-gamma1 anti-VEGFA fusionnée à un scFvLh anti-DLL4 (1-714) [chaîne lourde H-gamma1 anti-VEGFA humanisée (1-453) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-30*02 (76.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.9.16] (26-33.51-59.97-112)) (1-123)-*Homo sapiens*IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (220) (124-221), charnière 1-15 (222-236), CH2 (237-346), CH3 E12 (362), M14 (364) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)] -15-mer tris(tétraglycyl-séryl) linker (454-468) -scFvLh anti-DLL4 *Homo sapiens* (469-714) [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-47*02 (89.7%) - IGLJ2*01 (90.9%) G120>C (571), CDR-IMGT [8.3.11] (494-501.519-521.558-568)) (469-578) -20-mer tétrakis(tétraglycyl-séryl) linker (579-598) -VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*03 (91.8%) -IGHD -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.9] (624-631.649-656.695-703)) (599-714)]; (226-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa anti-VEGFA humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-16*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 (232-232":235-235")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-DG44, glycoforme alfa
inhibiteur de l'angiogenèse, antinéoplasique

tovecimig inmunoglobulina G1_scFvLh_L-kappa, anti-[*Homo sapiens* VEGFA (factor de crecimiento A del endotelio vascular, VEGF-A, VEGF)] y anti-[*Homo sapiens* DLL4 (delta-like 4)], anticuerpo monoclonal humanizado y *Homo sapiens*; biespecífico;
cadena pesada H-gamma1 anti-VEGFA fusionada con un scFvLh anti-DLL4 (1-714) [cadena pesada H-gamma1 anti-VEGFA humanizada (1-453) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-30*02 (76.8%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (93.3%), CDR-IMGT [8.9.16] (26-33.51-59.97-112)) (1-123)-*Homo sapiens*IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1, CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (220) (124-221), bisagra 1-15 (222-236), CH2 (237-346), CH3 E12 (362), M14 (364) (347-451), CHS (452-453)) (124-453)] -15-mer tris(tetraglicil-seril) enlace (454-468) -scFvLh anti-DLL4 *Homo sapiens* (469-714) [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV1-47*02 (89.7%) - IGLJ2*01 (90.9%) G120>C (571), CDR-IMGT [8.3.11] (494-501.519-521.558-568)) (469-578) -20-mer tetrakis(tetraglicil-seril) enlace (579-598) -VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*03 (91.8%) -IGHD -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.9] (624-631.649-656.695-703)) (599-714)]; (226-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa anti-VEGFA humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*

IGKV1-16*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 (232-232":235-235")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-DG44, forma glicosilada alfa *inhibidor de la angiogenesis, antineoplásico*

2923284-73-3

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: fused H-gamma1 anti-VEGFA -scFvH anti-DLL4 (H, H")

EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGYTFT NYGMNWVRQA PGKGLEWVGW 50
INTYTGEPTY AADFKRRFTF SLDTSKSTAY LQMNSLRAED TAVVYCAKYP 100
HYYGSSHWYF DVWQGQTLVT VSSASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAALGC 150
LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL QSSGLYSLS VVTVPPSSSLG 200
TQTYICNVNH KPSNTKVDKK VEPKSCDKTH TCPPCPAPEL LGGPSVFLFP 250
PKPKDTLMIS RTPEVTCVVV DVSHEDPEVK FNWYVDGVEV HNAKTKPREE 300
QYNSTYRVVS VLTVLHQDWL NGKEYKCKVS NKALPAPIEK TISKAKGQPR 350
EPQVYTLPPS REEMTKNQVS LTCLVKGFYP SDIAVEWESN GPENNNYKTT 400
PPVLDSDGSF FLYSKLTVDK SRWQQGNVFS CSMVHEALHN HYTQKSLSL 450
PGKGGGGSGG GSGGGGGSQS VLTQPPSASG TPGQRVITIS TGSSSNIGSN 500
DVTWYQQLPG TAPKLLIYAD SKRPSGVPDR FSGSKSGTSA SLAISGLRSE 550
DEADYYCGTW DYSLSAYVFG CGTKLTVLGG GSGGGGSGG GSGGGGSGEV 600
QLLESGGGLV QPGGSLRLSC AASGFTFSDY AMSWVRQAPG KCLEWVSWIY 650
SGSGNKYYAD SVKGRFTISR DNSKNTLYLQ MNSLRAEDTA VYCARADWP 700
FDYWQGQTLV TVSS 714

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

DIQMTQSPSS LSASVGDRVT ITCSASQDIS NYLNWYQQKPK GKAPKVLIIYF 50
TSSSLHSGVPS RFGSGSGGTD FTLTISSLQP EDFATYYCQQ YSTVPWTFQG 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIFFP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSLTL LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEC 214

Post-translational modifications

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

Intra-H (C23-C104) 22-96 150-206 267-327 373-431
22"-96" 150"-206" 267"-327" 373"-431"
490-557 620-694
490"-557" 620"-694"

Intra-H scFv C120 (VL)-C49 (VH)* 571-642
571"-642"

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

Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 226-214' 226"-214"

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

*engineered additional disulfide bond C120 (VL)-C49 (VH) to stabilize the scFv (variant scFv-v2).

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.

trastuzumab pamirtecán #

trastuzumab pamirtecán

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ERBB2 (receptor tyrosine-protein kinase erbB-2, epidermal growth factor receptor 2, EGFR2, HER2, HER-2, p185c-erbB2, NEU, CD340)], humanized monoclonal antibody, conjugated on an average of eight cysteinyl residues to *pamirtecán*, comprising a linker and a camptothecin derivative (*exatecán*);

H-gamma1 heavy chain humanized (1-449) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-66*01 (81.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens*

trastuzumab pamirtécan

IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (217) (121-218), hinge 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS K2>del (449)) (121-449)], (223-214')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (86.3%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimer (229-229":232-232")-bisdisulfide, produced in a cell line from Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, glycoform alfa; substituted at the sulfur atoms of L-cysteiny residues 223, 229, 232, 214', 223", 229", 232" and 214"" with (3*RS*)-1-[(7*S*)-7-benzyl-1-[[[(1*R*,3*R*)-3-[(1*S*,9*S*)-9-ethyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-methyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1*H*,12*H*-benzo[*de*]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolin-1-yl]carbamoyl]cyclobutyl]oxy]-3,6,9,12,15-pentaoxo-2,5,8,11,14-pentazaicosan-20-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl (*pamirtécan*) groups *antineoplastic*

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, anticorps monoclonal humanisé, conjugué par huit résidus cystéinyle en moyenne au *pamirtécan*, comprenant un linker et un dérivé de la camptothécine (*exatécan*); chaîne lourde H-gamma1 humanisé(1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (81.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (217) (121-218), charnière 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS K2>del (449)) (121-449)], (223-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (86.3%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimère (229-229":232-232")-bisdisulfure, produit dans une lignée cellulaire des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa;

trastuzumab pamirtecán

substitué sur l'atome de soufre de résidus L-cystéinyle 223, 229, 232, 214', 223", 229", 232" et 214"" avec un groupement (3*RS*)-1-[(7*S*)-7-benzyl-1-[[[(1*R*,3*R*)-3-[[[(1*S*,9*S*)-9-éthyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-méthyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1*H*,12*H*-benzo[*de*]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinoléin-1-yl]carbamoil]cyclobutyl]oxy]-3,6,9,12,15-pentaoxo-2,5,8,11,14-pentaazaicosan-20-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle (*pamirtecán*)
antineoplasique

inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* ERBB2 (receptor tirosina-proteína quinasa erbB-2, receptor 2 del factor de crecimiento epidérmico, EGFR2, HER2, HER-2, p185c-erbB2, NEU, CD340)], anticuerpo monoclonal humanizado, conjugado por ocho residuos cisteinilo por término medio con *pamirtecán*, que comprende un enlace y un derivado de la camptotecina (*exatecán*);
cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-449) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 (81.6%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14 (CH1 R120>K (217) (121-218), bisagra 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 E12 (359), M14 (361) (344-448), CHS K2>del (449)) (121-449)], (223-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (86.3%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dímero (229-229":232-232")-bisdisulfuro, producido en una línea celular de las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, forma glicosilada alfa; sustituido en el átomo de azufre de residuos L-cisteinilo 223, 229, 232, 214', 223", 229", 232" y 214"" con un grupo (3*RS*)-1-[(7*S*)-7-bencil-1-[[[(1*R*,3*R*)-3-[[[(1*S*,9*S*)-9-etil-5-fluoro-9-hidroxi-4-metil-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahidro-1*H*,12*H*-benzo[*de*]pirano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolein-1-il]carbamoil]ciclobutil]oxi]-3,6,9,12,15-pentaoxo-2,5,8,11,14-pentaazaicosan-20-il]-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo (*pamirtecán*)
antineoplásico

2792722-57-5

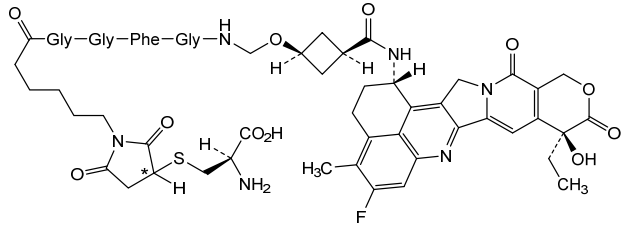
Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFNIK DTYIHWVRQA PGKGLEWVAR 50
IYPTNGYTRY ADSVKGRFTI SADTSKNTAY LQMNSLRAED TAVYYCSRWG 100
GDGFYAMDYW GQGTLTVTVSS ASTKGPSVFP LAPSSKSTSG GTAALGCLVK 150
DYFPEPVTVS WNSGALTSGV HTFPAVLQSS GLYSLSSVVT VPSSSLGTQT 200
YICNVNHKPS NTKVDKKVEP KSCDKTHTCP PCPAPELLGG PSVFLFPPKP 250
KDTLMISRTPEVTCVVVDVS HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN 300
STYRVVSVLT VLHQDWLNGK EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ 350
VYTLPPSREE MTRKQVSLTC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV 400
LSDSGSFFLY SKLTVDKSRW QQGNVFCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPG 449

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIQMTQSPSS LSASVGRDVT ITCRASQDVN TAVAWYQQKPK GKAPKLLIYS 50
ASFLYSGVPS RFSGSRSGTD FTLTISSLQF EDFATYYCQQ HYTTPTPTFGQ 100
GATKVEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGECC 214

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 147-203 264-324 370-428
22"-96" 147"-203" 264"-324" 370"-428"
Intra-L (C23-C104) 23'-88' 134'-194'
23'''-88''' 134'''-194'''
Inter-H-L (h 5-CL 126)* 223-214' 223"-214"
Inter-H-H (h 11, h 14)* 229-229" 232-232"
*The four inter-chain disulfide bridges are not present, an average of eight cysteinyl being conjugated each via a thioether bond to a drug linker.
*Les quatre ponts disulfures inter-chaînes ne sont pas présents, huit cystéinyl en moyenne étant chacun conjugué via une liaison thioéther à un linker-principe actif.
*Los cuatro puentes disulfuro inter-catenarios no están presentes, una media de ocho 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 (223, 229, 232, 214', 223", 229", 232", 214"")
*(pamirtecán:mAb ~ 8:1)



trevotamigum #
trevotamig

immunoglobulin H-gamma1_L-kappa-scFvhl dimer bisdisulfide, anti-[*Homo sapiens* EPCAM (epithelial cell adhesion molecule, tumor-associated calcium signal transducer 1, TACSTD1, gastrointestinal tumor-associated protein 2, GA733-2, epithelial glycoprotein 2, EGP-2, KSA, KS1/4 antigen, M4S1, tumor antigen 17-1A, Ep-CAM, EpCAM, CD326)] and scFv anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], humanized and chimeric monoclonal antibody, bispecific, tetravalent; H-gamma1 heavy chain anti-EPCAM humanized (1-447) [VH (*Homo sapiens*IGHV3-15*07 (74.5%) -(IGHD) -IGHJ1*01 (85.7%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118)-*Homo*

sapiens IGHG1*01 G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v36 CH2 Q84.4 (CH1 K120 (215) (119-216), hinge 1-15 (217-231), CH2 N84.4>Q (298)(232-341), CH3 D12 (357), L14 (359) (342-446), CHS K2>del (447)) (119-447)]; (221-212')-disulfide with L-kappa light chain anti-EPCAM humanized fused to a scFv anti-CD3E chimeric (1'-419') [L-KAPPA anti-EPCAM humanized (1'-212') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (82.2%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.8] (27'-31'.49'-51'.88'-95')) (1'-105') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (151'), V101 (189')) (106'-212')] -7-mer (seryl-arginyl-seryl-tetraglycyl) linker (213'-219') -scFvhl anti-CD3E chimeric (220'-419') [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV10-1*04 (92.0%) -IGHD -IGHJ3*01 (92.3%) A128>S (344')/*Homo sapiens* IGHV3-72*01 (85.0%) -IGKJ6*01 (90.9%) T123>L (339'), CDR-IMGT [8.10.16] (245'-252'.270'-279'.318'-333')) (220'-344') -14-mer tetrakis(diglycyl-seryl)-diglycyl linker (345'-358') -V-LAMBDA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGLV1*01 (79.2%) -IGLJ1*01 (100%)/*Homo sapiens* IGLV7-46*01 (76.8%) -IGLJ3*02 (100%), CDR-IMGT [9.3.9] (384'-392'.410'-412'.449'-457')) (359'-469')]]; dimer (227-227":230-230")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-K1, lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, non-glycosylated
antineoplastic

trévotamig

immunoglobuline H-gamma1 L-kappa-scFvhl dimère bisdisulfure, anti-[*Homo sapiens* EPCAM (molécule d'adhésion des cellules épithéliales, transducteur 1 du signal calcium associé aux tumeurs, TACSTD1, protéine 2 associée aux tumeurs gastrointestinales, GA733-2, glycoprotéine épithéliale 2, EGP-2, KSA, antigène KS1/4, M4S1, antigène tumoral 17-1A, EpCAM, EpCAM, CD326) et scFv anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)], anticorps monoclonal humanisé et chimérique, bispécifique, tétravalent; chaîne lourde H-gamma1 anti-EPCAM humanisée (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-15*07 (74.5%) - (IGHD) -IGHJ1*01 (85.7%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118)-*Homo sapiens* IGHG1*01 G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v36 CH2 Q84.4 (CH1 K120 (215) (119-216), charnière 1-15 (217-231), CH2 N84.4>Q (298) (232-341), CH3 D12 (357), L14 (359) (342-446), CHS K2>del (447)) (119-447)]; (221-212')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa anti-EPCAM humanisée fusionnée à un scFv anti-CD3E chimérique (1'-419') [L-KAPPA anti-EPCAM humanisée (1'-212') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (82.2%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.8] (27'-31'.49'-51'.88'-95')) (1'-105') -*Homo sapiens*

trevotamig

IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (151'), V101 (189')) (106'-212')] -7-mer (séryl-arginyl-séryl-tétraglycyl) linker (213'-219') -scFvhl anti-CD3E chimérique (220'-419') [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV10-1*04 (92.0%) -IGHD -IGHJ3*01 (92.3%) A128>S (344')/Homo sapiens IGHV3-72*01 (85.0%) -IGKJ6*01 (90.9%) T123>L (339'), CDR-IMGT [8.10.16] (245'-252'.270'-279'.318'-333')) (220'-344') -14-mer tétrakis(diglycyl-séryl)-diglycyl linker (345'-358') -V-LAMBDA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGLV1*01 (79.2%) -IGLJ1*01 (100%)/Homo sapiens IGLV7-46*01 (76.8%) -IGLJ3*02 (100%), CDR-IMGT [9.3.9] (384'-392'.410'-412'.449'-457')) (359'-469')]; dimère (227-227":230-230")-bisdisulfuro, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-K1, ne présentant pas le gène de la glutamine synthétase (GS-KO), non-glycosylé
antineoplasique

inmunoglobulina H-gamma1_L-kappa-scFvhl dímero bisdisulfuro, anti-[Homo sapiens EPCAM (molécula de adhesión de las células epiteliales, transductor 1 de señal calcio asociada a los tumores, TACSTD1, proteína 2 asociada a los tumores gastrointestinales, GA733-2, glicoproteína epitelial 2, EGP-2, KSA, antígeno KS1/4, M4S1, antígeno tumoral 17-1A, EpCAM, EpCAM, CD326) y scFv anti-[Homo sapiens CD3E (CD3 épsilon, Leu-4)], anticuerpo monoclonal humanizado y quimérico, biespecífico, tetravalente; cadena pesada H-gamma1 anti-EPCAM humanizada (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-15*07 (74.5%) - (IGHD) -IGHJ1*01 (85.7%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118)-Homo sapiens IGHG1*01 G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v36 CH2 Q84.4 (CH1 K120 (215) (119-216), bisagra 1-15 (217-231), CH2 N84.4>Q (298) (232-341), CH3 D12 (357), L14 (359) (342-446), CHS K2>del (447)) (119-447)]; (221-212')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa anti-EPCAM humanizada fusionada a un scFv anti-CD3E quimérico (1'-419') [L-KAPPA anti-EPCAM humanizada (1'-212') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (82.2%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [5.3.8] (27'-31'.49'-51'.88'-95')) (1'-105') -Homo sapiens IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (151'), V101 (189')) (106'-212')] -7-mer (seril-arginil-seril-tétraglicil) linker (213'-219') -scFvhl anti-CD3E quimérico (220'-419') [VH Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGHV10-1*04 (92.0%) -IGHD -IGHJ3*01 (92.3%) A128>S (344')/Homo sapiens IGHV3-72*01 (85.0%) -IGKJ6*01 (90.9%) T123>L (339'), CDR-IMGT [8.10.16] (245'-252'.270'-279'.318'-333')) (220'-344') -14-mer tetrakis(diglicil-seril)-diglicil linker (345'-358') -V-LAMBDA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGLV1*01 (79.2%) -IGLJ1*01 (100%)/Homo sapiens IGLV7-46*01 (76.8%) -IGLJ3*02 (100%), CDR-IMGT [9.3.9] (384'-392'.410'-412'.449'-457')) (359'-469')]; dímero (227-227":230-230")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-K1, en ausencia del gen glutamina sintetasa (GS-KO), no glicosilado
antineoplásico

2920215-79-6

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada : H-gamma1 anti-EPCAM (H, H ^m)			
EVQLVESGGG	LVQPGGSLRL	SCAASGYTFT	SYWMHWIRQS PSRGLEWLGY 50
IRPSTGYTEY	NQKFKDRFTI	SRDDSKNTAY	LQMNSLKTED TAVYYCGRGD 100
NWVGFKNWGQ	GTLVTVSSAS	TKGPSVFPLA	PSSKSTSGGT AALGCLVKDY 150
FPEPVTVSWN	SGALTSGVHT	FPAVLQSSGL	YSLSSVTVTP SSSLGTQTYI 200
CNVNHKPSNT	KVDKKVEPKS	CDKTHTCPPC	PAPELLGGPS VFLFPPKPKD 250
TLMTSRTPEV	TCVVVDVSHS	DPEVKFNWYV	DGVEVHNAKT KPREEQYQST 300
YRVVSVLTVL	HQDWLNGKEY	KCKVSNKALP	APIEKTISKA KGQPREPVVY 350
TLPPSRDELDT	KNQVSLTCLV	KGFYPSDIAV	EWESNGQPEN NYKTTPEVLD 400
SDGSFFLYSK	LTVDKSRWQQ	GNVFCSSVMH	EALHNNHYTQK SLSLSPG 447
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: L-kappa anti-EPCAM -scFv _h k anti-CD3E (L ⁱ , L ^m)			
DIQMTQSPSS	LSASVGDRVIT	ITCSASSSIS	YMHWYQQKPG QAPRLLIYST 50
SNLASGVPSR	FSGSGSGTDF	TFTISSLEAE	DAATYYCHQW STYHTFFGGT 100
KVEIKRTVAA	PSVFIFFPSD	EQLKSGTASV	VCLLNIFYPR EAKVQWKVDN 150
ALQSGNSQES	VTEQDSKDS	YSLSSTLTLS	KADYEKKHVV ACEVTHQGLS 200
SPVTKSFNRG	ECSRSGGGGE	VQLVESGGGL	VQPGGSLRLS CAASGFTFNT 250
YAMNWVRQAP	GKGLVWVARI	RSKYNNYATY	YADSVKDRFT ISRDDSKNSL 300
YLQMNLSLKE	DTAVYYCYVRH	SFNGNSKVS	WFAVWGQGTLV TVSSGGSGGS 350
GGSGSGSGGQ	VVTQEPSTLV	SPGGTVTLTC	RSSAGAVTTS NYDNWVQKPK 400
GQAPRGLIG	TNKRAPWTPA	RFGSGLLGKK	AALTITGAQA EDEADYYCAL 450
WYSNLWVFGG	GTKLTVLSR		469

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'-87' 132'-192' 241'-317' 380'-448'
23"-87'" 132"-192'" 241"-317'" 380"-448'"
Inter-H-L (h 5-CL 126) 221-212' 221"-212"
Inter-H-H (h 11, h 14) 227-227" 230-230"

No N-glycosylation sites / pas de sites de N-glycosylation / ningùn posició de N-glycosilació
H CH2 N84.4>Q (G1v36): 298, 298"

turenkibartum #
turenkibart

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL17A (Interleukin 17A, IL-17), humanized monoclonal antibody; H-gamma1 heavy chain humanized (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69-2*01 (86.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17.1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v78 CH3 L107, A114 (CH1 K120 (215) (119-216), hinge 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 D12 (357), L14 (359), M107>L (429), N114>A (435) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-220')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (90.1%) -IGKJ3*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')]; dimer (227-227":230-230")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa interleukin-17A (IL-17A) inhibitor, anti-inflammatory

turenkibart

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL17A (interleukine 17A, IL-17)]; anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde H-gamma1 humanisée (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69-2*01 (86.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17.1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v78 CH3 L107, A114 (CH1 K120 (215) (119-216), charnière 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 D12 (357), L14 (359), M107>L (429), N114>A (435) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-220')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée

(1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (90.1%) -IGKJ3*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')]; dimère (227-227"-230-230")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa
inhibiteur de l'interleukine-17A (IL-17A), anti-inflammatoire

turenkibart inmunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* IL17A (interleukina 17A, IL-17)]; anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada H-gamma1 humanizada (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69-2*01 (86.5%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*01, G1m17,1 CH1 K120, CH3 D12, L14, G1v78 CH3 L107, A114 (CH1 K120 (215) (119-216), bisagra 1-15 (217-231), CH2 (232-341), CH3 D12 (357), L14 (359), M107>L (429), N114>A (435) (342-446), CHS (447-448)) (119-448)], (221-220')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-220') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (90.1%) -IGKJ3*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.9] (27'-38'.56'-58'.95'-103')) (1'-113') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (159'), V101 (197')) (114'-220')]; dímero (227-227"-230-230")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa
inhibidor de la interleuquina-17A (IL-17A), antiinflamatorio

2761187-73-7

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada			
EVQLVQSGAE	VKKPGATVKI	SKASGYTFT	DYEMHWVQQA PGHGLEWMGV 50
IHPGGGGTAY	NQKFKGRVTI	TADTSTDAT	MELSSLRSED TAVYYCTRGD 100
HDGRTDYWGQ	GTLVTVSSAS	TKGPSVFPLA	PSSKSTSGGT AALGCLVKDY 150
FPEPVTVSWN	SGALTSGVHT	FPAVLQSSGL	YSLSSVTVTP SSSLGTQTYI 200
CNVNHKPSNT	KVDKKVEPKS	CDKTHTCPPC	PAPELLGGPS VFLFPPKPKD 250
TLMISRTPEV	TCVVVDVSHE	DPEVKFNWYV	DGVEVHNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL	HQDWLNGKEY	KCKVSNKALP	APIEKTISKA KGQPREPQVY 350
TLPPSRDEL	KNQVSLTCLV	KGFYPSDIAV	EWESNGQFEN NYKTTTPVLD 400
SDGSFFLYSK	LTVDKSRWQQ	GNVFSCSVLH	EALHAHYTQK SLSLSPGK 448
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera			
DIVMTQSPDS	LAVSLGERAT	INCKSSQSL	NRSNQKNYLA WYQQKPGQPP 50
KLIVDFASTR	ESGVPDFRSG	SGSGTDFTLT	ISSLQAEDVA VFYFCQQHYTT 100
PFTFGPGTKV	DIKRTVAAPS	VFIFPPSDEQ	LKSGTASVVC LLNNFYPREA 150
KVQWKVDNAL	QSGNSQESVT	EQDSKDS	LSSTLTLSKA DYEEKHKVYAC 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	145-201	262-322 368-426
	22"-96"	145"-201"	262"-322" 368"-426"
Intra-L (C23-C104)	23'-94'	140'-200'	
	23"-94"	140"-200"	
Inter-H-L (h 5-CL 126)	221-220'	221"-220"	
Inter-H-H (h 11, h 14)	227-227"	230-230"	

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 298, 298"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 448, 448"

ulacamtenum

ulacamten

5-[(3,4-difluorophenyl)methyl]-8-[(1*r*,4*r*)-4-methylcyclohexyl]-6,9-dioxo-2,5,8-triazaspiro[3.5]nonane-2-carbaldehyde
cardiac myosin inhibitor

ulacamtène

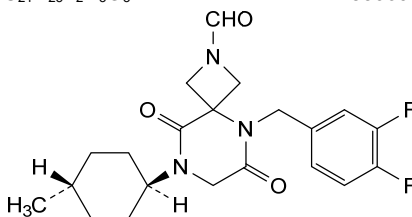
5-[(3,4-difluorophényl)méthyl]-8-[(1*r*,4*r*)-4-méthylcyclohexyl]-6,9-dioxo-2,5,8-triazaspiro[3.5]nonane-2-caraldéhyde
inhibiteur de myosine cardiaque

ulacamtén

5-[(3,4-difluorofenil)metil]-8-[(1*r*,4*r*)-4-metilciclohexil]-6,9-dioxo-2,5,8-triazaespiro[3.5]nonano-2-carbaldehído
inhibidor de la miosina cardiaca

C₂₁H₂₅F₂N₃O₃

2830607-59-3

**utigamglogenum autogedtemcelum #**

utigamglogene autogedtemcel

autologous CD34+ hematopoietic stem and progenitor cells (HSPCs) derived from apheresis peripheral blood collection of transfusion dependent β -thalassemia patients, genetically modified at the +58 erythroid specific enhancer region of the *BCL11A* gene by CRISPR/Cas9 (Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats/CRISPR-associated protein 9) gene editing. The *Streptococcus pyogenes* Cas9 protein (spCas9) and gRNA are electroporated into the cells as a ribonucleoprotein (RNP) complex. The spCas9 sequence is appended on the N-terminus to include a Myc-like nuclear localisation signal (NLS) and appended on the C terminus to include NLS sequences derived from simian virus 40 (SV40) and nucleoplasmin.

The cell suspension was enriched in CD34+ cells using immunomagnetic microbeads, gene-edited and then cultured in the presence of media containing FMS-like tyrosine kinase 3 ligand (Flt-3L), thrombopoietin (TPO) and stem cell factor (SCF). The final substance contains $\geq 70\%$ CD34+ cells
cell-based gene therapy (hemoglobinopathy)

utigamglogène autogedtemcel

cellules souches et progénitrices hématopoïétiques CD34+ autologues (HSPC) dérivées d'un prélèvement de sang périphérique, par aphérèse, chez des patients atteints de β -thalassémie dépendants de transfusions, modifiées génétiquement au niveau du site +58 de l'amplificateur spécifique aux érythroïdes du gène *BCL11* par édition génique à l'aide de CRISPR/Cas9 (répétitions palindromiques courtes régulièrement

	espacées/protéine associée à CRISPR 9). La protéine Cas9 et l'ARN guide (ARNg) de <i>Streptococcus pyogenes</i> (spCas9) sont introduits dans les cellules par électroporation sous forme d'un complexe ribonucléoprotéique (RNP). La séquence spCas9 comporte un signal de localisation nucléaire (NLS) de type Myc en position N-terminale et des séquences NLS dérivées du virus simien 40 (SV40) et de la nucléoplasmine en position C-terminale. La suspension cellulaire a été enrichie en cellules CD34+ à l'aide de microbilles immunomagnétiques, modifiées génétiquement, puis cultivées en présence d'un milieu contenant un ligand de tyrosine kinase 3 de type FMS (Flt-3L), la thrombopoïétine, et le facteur de croissance des cellules souches (FCS). Le produit final contient ≥70% de cellules CD34+ <i>thérapie génique à base de cellules (hémoglobinopathie)</i>
utigamglogén autogedtemcel	células madre y progenitoras hematopoyéticas (HSPC) CD34+ autólogas, derivadas de aféresis de sangre periférica obtenidas de pacientes con β-talasemia dependiente de transfusión, modificadas genéticamente en el sitio +58 de la región potenciadora específica de eritrocitos del gen <i>BCL11A</i> mediante edición génica con CRISPR/Cas9 (repeticiones palindrómicas agrupadas y espaciadas regularmente/proteína asociada a CRISPR 9). La proteína Cas9 de <i>Streptococcus pyogenes</i> (spCas9) y el ARN guía (ARNg) se electroporan en las células como complejos ribonucleoproteicos (RNP). La secuencia de spCas9 lleva anexada en la posición N-terminal una señal de localización nuclear (NLS) similar a Myc y en la posición C-terminal secuencias NLS derivadas del virus de simio 40 (SV40) y nucleoplasmina. La suspensión celular se enriqueció en células CD34+ usando microbolas inmunomagnéticas, se editaron genéticamente y después se cultivaron en presencia de medio que contiene ligando de tirosina quinasa 3 similar a FMS (Flt-3L), trombopoyetina (TPO) y factor de células madre (SCF). La sustancia contiene ≥70% de células CD34+ <i>terapia génica basada en células (hemoglobinopatía)</i>
velinotamigum # velinotamig	immunoglobulin H-gamma1_L-kappa/H-gamma1_L-kappa, anti-[<i>Homo sapiens</i> CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)] and anti-[<i>Homo sapiens</i> TNFRSF17 (tumor necrosis factor (TNF) receptor superfamily member 17, B cell maturation antigen, BCMA, TNFRSF13A, CD269)], <i>Homo sapiens</i> monoclonal antibody, bispecific; H-gamma1 heavy chain anti-CD3E <i>Homo sapiens</i> (1-445) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-33*01 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (88.2%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*03 G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116, G1v74 CH3 C10, G1v32 CH3 W22 (knob) (CH1 R120 (215) (119-

-216), hinge 1-12 P2>R (218), DKTHT 6-10 > VE (222, 223) (217-228), CH2 L1.3>F (232), L1.2>E (233), P116>S (329) (229-338), CH3 S10>C (352), E12 (354), M14 (356), T22>W (364) (339-443), CHS (444-445)) (119-445)], (221-214')-disulfide with common L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (90.5%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; H-gamma1 heavy chain anti-TNFRSF17 *Homo sapiens* (1"-448") [VH (*Homo sapiens* IGHV1-3*01 (81.6%) - (IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%) L123>T (116"), CDR-IMGT [8.8.14] (26"-33".51"-58".97"-110")) (1"-121") -*Homo sapiens* IGHG1*03 noG1m3, nG1m1 CH1 T120, CH3 E12, M14, G1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116, G1v75 CH3 C5, G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) (CH1 G16>E (141"), N107>D (207"), R120>T (218") (122"-219"), hinge 1-12 P2>R (221"), DKTHT 6-10 > VE (225", 226") (220"-231"), CH2 L1.3>F (235"), L1.2>E (236"), H30>Q (269"), K38>Q (275"), P116>S (332") (232"-341"), CH3 Y5>C (350"), R11>Q (356"), E12 (357"), M14 (359"), T22>S (367"), L24>A (369"), Y86>V (408"), Q98>E (420") (342"-446"), CHS (447"-448")) (122"-448")], (224"-214'")-disulfide with common L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'"-214'") [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (90.5%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'"-32'"-.50'"-.52'"-.89'"-.97'")) (1'"-107'") -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'"), V101 (191'")) (108'"-214'")]; dimer (224-227'":227-230":352-350'")-trisdissulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa immunostimulant, antineoplastic

vélinotamig

immunoglobuline H-gamma1 L-kappa/H-gamma1 L-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 epsilon, Leu-4)] et anti-[*Homo sapiens* TNFRSF17 (membre 17 de la superfamille des récepteurs du facteur de nécrose tumorale (TNF), antigène de maturation de cellule B, BCMA, TNFRSF13A, CD269)], anticorps monoclonal *Homo sapiens*, bispécifique; chaîne lourde H-gamma1 anti-CD3E *Homo sapiens* (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-33*01 (94.9%) - (IGHD) -IGHJ2*01 (88.2%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*03 G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116, G1v74 CH3 C10, G1v32 CH3 W22 (knob) (CH1 R120 (215) (119-216), charnière 1-12 P2>R (218), DKTHT 6-10 > VE (222, 223) (217-228), CH2 L1.3>F (232), L1.2>E (233), P116>S (329) (229-338), CH3 S10>C (352), E12 (354), M14 (356), T22>W (364) (339-443), CHS (444-445)) (119-445)], (221-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* commune (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (90.5%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')];

velinotamig

chaîne lourde H-gamma1 anti-TNFRSF17 *Homo sapiens* (1"-448") [VH (*Homo sapiens* IGHV1-3*01 (81.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%) L123>T (116"), CDR-IMGT [8.8.14] (26"-33".51"-58".97"-110")) (1"-121") -*Homo sapiens* IGHG1*03 noG1m3, nG1m1 CH1 T120, CH3 E12, M14, G1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116, G1v75 CH3 C5, G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) (CH1 G16>E (141"), N107>D (207"), R120>T (218") (122"-219"), charnière 1-12 P2>R (221"), DKTHT 6-10 > VE (225", 226") (220"-231"), CH2 L1.3>F (235"), L1.2>E (236"), H30>Q (269"), K38>Q (275"), P116>S (332") (232"-341"), CH3 Y5>C (350"), R11>Q (356"), E12 (357"), M14 (359"), T22>S (367"), L24>A (369"), Y86>V (408"), Q98>E (420") (342"-446"), CHS (447"-448")) (122"-448")], (224"-214")-disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* commune (1"-214") [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (90.5%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27"-32".50"-52".89"-97")) (1"-107") -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153"), V101 (191")) (108"-214")]; dimère (224-227":227-230":352-350")-trisdifure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa immunostimulant, antinéoplastique

inmunoglobulina H-gamma1_L-kappa/H-gamma1_L-kappa, anti-[*Homo sapiens* CD3E (CD3 épsilon, Leu-4)] y anti-[*Homo sapiens* TNFRSF17 (miembro 17 de la superfamilia de los receptores del factor de necrosis tumoral (TNF), antígeno de maduración de células B, BCMA, TNFRSF13A, CD269)], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*, biespecífico;
cadena pesada H-gamma1 anti-CD3E *Homo sapiens* (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-33*01 (94.9%) -(IGHD) -IGHJ2*01 (88.2%), CDR-IMGT [8.8.11] (26-33.51-58.97-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG1*03 G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14, G1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116, G1v74 CH3 C10, G1v32 CH3 W22 (knob) (CH1 R120 (215) (119-216), bisagra 1-12 P2>R (218), DKTHT 6-10 > VE (222, 223) (217-228), CH2 L1.3>F (232), L1.2>E (233), P116>S (329) (229-338), CH3 S10>C (352), E12 (354), M14 (356), T22>W (364) (339-443), CHS (444-445)) (119-445)], (221-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa *Homo sapiens* común (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (90.5%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')];
cadena pesada H-gamma1 anti-TNFRSF17 *Homo sapiens* (1"-448") [VH (*Homo sapiens* IGHV1-3*01 (81.6%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (85.7%) L123>T (116"), CDR-IMGT [8.8.14] (26"-33".51"-58".97"-110")) (1"-121") -*Homo sapiens* IGHG1 *03 noG1m3, nG1m1 CH1 T120, CH3 E12, M14, G1v39 CH2 F1.3, E1.2, S116, G1v75 CH3 C5, G1v33 CH3 S22, A24, V86 (hole) (CH1 G16>E (141"), N107>D (207"), R120>T (218") (122"-219"), bisagra 1-12 P2>R (221"), DKTHT 6-10 > VE (225", 226") (220"-231"), CH2 L1.3>F (235"), L1.2>E (236"), H30>Q (269"), K38>Q (275"), P116>S (332") (232"-341"), CH3 Y5>C (350"), R11>Q (356"), E12 (357"), M14 (359"), T22>S (367"), L24>A (369"), Y86>V (408"), Q98>E (420") (342"-446"), CHS (447"-448")) (122"-448")], (224"-214")-disulfuro con la cadena ligera L-kappa *Homo sapiens* común (1"-214") [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 (90.5%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27"-32".50"-52".89"-97")) (1"-107") -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153"), V101 (191")) (108"-214")]; dímero (224-227":227-230":352-350")-trisdifure, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), forma glicosilada alfa inmuoestimulante, antineoplásico

2848586-49-0

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: H-gamma1 anti-CD3E (knob) (H ^o)			
QVQLVSGGG	VVQPGRSRL	SCAASGFKFS GYGMHWVRQA PGKGLEWVAV 50	
IWFDGSRKY	VDSVKGRFTI	SRDNSKNTLY LQMNSLRAED TAVYYCARQM 100	
GYWHFGLWGR	GLVTVSSAS	TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY 150	
FPEPVTVSWN	SGALTSQVHT	FPAVLQSSGL YSLSSVTVTP SSSLGQTQYI 200	
CNVNHKPSNT	KVDKRVKRS	CVECPPCPAP EFEGGPSVFL FPPKPKDTLM 250	
ISRTPEVTCV	VVDVSHEDPE	VKFNWYVDGV EVHNAKTKPR BEQYNSTYRV 300	
VSVLTVLHQD	WLNKEYKCK	VSNKALPASI EKTISKAKGQ PREPQVYTL 350	
PCREEMTKNQ	VSLWCLVKGF	YPSDIAVEWE SNGQPENNYK TTPPVLDSDG 400	
SFFLYSKLTV	DKSRWQGNV	FSCSVMEAL HNHYTQKSL LSPGK 445	
Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: H-gamma1 anti-TNFRSF17 (hole) (H ^o)			
QVQLVQSGAE	VKPGSSVKV	SKASGYTFT NYWMHWVRQA PGQGLEWMGA 50	
TYRGHSDTY	NQFKGRVTI	TADKSTSTAY MELSSLRSED TAVYYCTRGA 100	
VYAGYDVL	WGQTTVTVS	SASTKGPSVF PLAPSSKSTS EGTAAALGCLV 150	
KDYFPEPVT	SWNSGALTS	VHTFPAVLQS SGLYSLSSVV TVPSSSLGTQ 200	
TYICNVDHKP	SNTKVDKTE	RKSCVCEPCP PAPEFEGGPS VFLFPPPKFD 250	
LMISRTPEV	TCVVVDVSG	DEPVQFNWYV DGEVEHNAKT KPREEQYNST 300	
YRVYVSVLT	VHLQDNLGK	EYKVTISKAK ASIEKTIKSA KGQPREPQVC 350	
TLPPSQEEM	TKNQVSLSC	AVVYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD 400	
SGFSSFLVSK	LTVDKSRWQ	EENHNYTQK SLSPGK 448	
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: L-kappa common (L ^c , L ^m)			
DIQMTQSPSS	LSASVGDRVT	ITCRASQGIS NYLTWYQQK PGAPKLLIYE 50	
ASSRPSGVPS	RFGSGSGSD	TFTLTISSLQ EDFAITYCQQ WSRLPVTFGQ 100	
GTKVEIKRTV	AAPSFIAPP	SDEQLKSGTA SVVCLLNPFY PREAKVQWKV 150	
DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD	STYSLSLSTL LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200	
LSSPVTKSFN	RGEC		21

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 145-201 259-319 365-423
22"-96" 148"-204" 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" 224"-214"
Inter-H-H (h 8, h 11) 224-227" 227-230"
Inter-H-H (CH3 C10-C5)* 352-350"
*variants G1v74 (CH3 C10) and G1v75 (CH3 C5) creating an additional inter-H-H disulfide bond.

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

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 295, 298"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenarios complejos fucosilados.

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 445, 448"

vensemaglutidum
vensemaglútide

N^{2,2}-[2-[(4*S*)-4-carboxy-4-(15-carboxypentadecanamido)butanamido]ethyl]-*N*^{6,22}-[(22*S*)-22,40-dicarboxy-10,19,24-trioxo-3,6,12,15-tetraoxa-9,18,23-triazatetracontan-1-oyl]-[E⁵>G,R⁶>G,A⁸>Aib,K³⁴>R]human glucagon-like peptide 1(5-37)
glucagon-like peptide 1 (GLP-1) receptor agonist

vensémaglútide

N^{2,2}-[2-[(4*S*)-4-carboxy-4-(15-carboxypentadecanamido)butanamido]éthyl]-*N*^{6,22}-[(22*S*)-22,40-dicarboxy-10,19,24-trioxo-3,6,12,15-tétraoxa-9,18,23-triazatétracontan-1-oyl]-[E⁵>G,R⁶>G,A⁸>Aib,K³⁴>R]peptide 1(5-37) apparenté au glucagon humain (GLP-1(5-37))
agoniste du récepteur du peptide 1 de type glucagon (GLP-1)

vensemaglutida

$N^{2,2}$ -[2-[(4*S*)-4-carboxi-4-(15-carboxipentadecanamido)butanamido]etil]- $N^{6,22}$ -[(22*S*)-22,40-dicarboxi-10,19,24-trioxo-3,6,12,15-tetraoxa-9,18,23-triazatetracontan-1-oil]-[E⁵>G,R⁶>G,A⁸>Aib,K³⁴>R]péptido 1(5-37) similar al glucagón humano (GLP-1(5-37))
agonista del receptor del péptido 1 similar al glucagón (GLP-1)

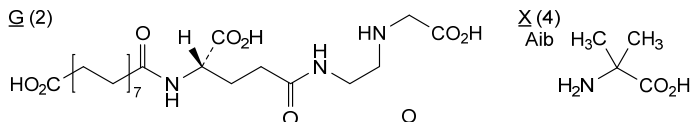
C₁₅₅H₂₃₄N₄₂O₄₉

2919344-88-8

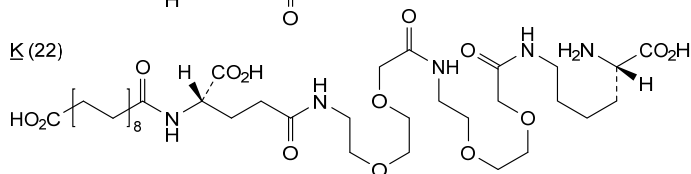
GGHXEGTFTS DVSSYLEGQA AKEFIAWLVR GRG 33

Modified residues / Résidus modifiés / Restos modificados

G (2)



K (22)



veonetinibum

veonetinib

(7*RS*)-5-[2-({4-[(4-fluoro-2-methyl-1*H*-indol-5-yl)oxy]-6-methoxyquinolin-7-yl}oxy)ethyl]-5-azaspiro[2.4]heptan-7-ol
tyrosine kinase inhibitor, antineoplastic

véonétinib

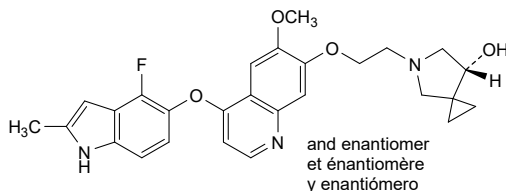
(7*RS*)-5-[2-({4-[(4-fluoro-2-méthyl-1*H*-indol-5-yl)oxy]-6-méthoxyquinoléin-7-yl}oxy)éthyl]-5-azaspiro[2.4]heptan-7-ol
inhibiteur de tyrosine kinases, antinéoplasique

veonetinib

(7*RS*)-5-[2-({4-[(4-fluoro-2-metil-1*H*-indol-5-il)oxi]-6-metoxiquinolin-7-il}oxi)etil]-5-azaespiro[2.4]heptan-7-ol
inhibidor de la tirosina kinasa, antineoplásico

C₂₇H₂₈FN₃O₄

1210828-09-3



verenafuspum alfa

verenafusp alfa

chimeric immunoglobulin G1-kappa antigen-binding fragment (Fab) anti-[human insulin receptor (INSR)] fused at the C-terminus of the heavy chain via peptide linker ²²¹LSS²²³ to human iduronate-2-sulfatase fragment, glycoform alfa;
gamma 1 heavy chain (1-220) [VH (*Mus musculus* IGHV1S56*01 - (IGHD) -IGHJ3*01, CDR-Kabat [5.17.4] (31-35.50-66.99-102)) (1-113) -*Homo sapiens* IGHG1*01 (CH1 (114-211), hinge truncated removing C-terminal TCPPCP (212-220))] fused via peptide linker ²²¹LSS²²³ to

	human iduronate-2-sulfatase (EC:3.1.6.13, alpha-L-iduronate sulfate sulfatase (<i>idursulfase</i>)) (224-748 in the current sequence, residue 282 posttranslationally modified to formylglycine (fGly)), (216-214') -disulfide with kappa light chain (1'-214') [V-KAPPA (<i>Mus musculus</i> IGKV9-120*01 -IGKJ1*01, CDR-Kabat [11.7.9] (24'-34'.50'-56'.89'-97')) (1'-107') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (108'-214')]; dimer, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, glycoform alfa <i>enzyme replacement therapy (mucopolysaccharidosis type II)</i>
vérenafusp alfa	fragment de liaison à l'antigène (Fab) de l'immunoglobuline chimérique G1-kappa anti-[récepteur humain de l'insuline (INSR)] fusionné à l'extrémité C-terminale de la chaîne lourde, via un coupleur tripeptidique ²²¹LSS²²³, à un fragment d'iduronate-2-sulfatase humaine, glycoforme alfa; chaîne lourde gamma 1 (1-220) [VH (<i>Mus musculus</i> IGHV1S56*01 -(IGHD) -IGHJ3*01, CDR-Kabat [5.17.4] (31-35.50-66.99-102)) (1-113) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01 (CH1 (114-211), charnière tronquée supprimant le C-terminal TCPPCP (212-220))] fusionné, via un coupleur tripeptidique ²²¹LSS²²³, à l'iduronate-2-sulfatase humaine (EC:3.1.6.13, alpha-L-iduronate sulfate sulfatase (<i>idursulfase</i>)), (224-748 dans la séquence actuelle, le résidu 282 est modifié post-traductionnellement en formylglycine (fGly)) (216-214') -disulfure avec la chaîne légère kappa (1'-214') [V-KAPPA (<i>Mus musculus</i> IGKV9-120*01 -IGKJ1*01, CDR-Kabat [11.7.9] (24'-34'.50'-56'.89'-97')) (1'-107') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (108'-214')]; dimère, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa <i>traitement enzymatique substitutif (mucopolysaccharidose de type II)</i>
verenafusp alfa	fragmento de unión a antígeno (Fab) de inmunoglobulina quimérica G1-kappa anti-[receptor de la insulina humana (INSR)] fusionado en la terminal C de la cadena pesada a través del enlace peptídico ²²¹LSS²²³ al fragmento humano de la iduronato-2-sulfatasa, glicoforma alfa; cadena pesada gamma 1 (1-220) [VH (<i>Mus musculus</i> IGHV1S56*01 -(IGHD) -IGHJ3*01, CDR-Kabat [5.17.4] (31-35.50-66.99-102)) (1-113) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01 (CH1 (114-211), bisagra truncada que elimina el terminal C TCPPCP (212-220))] fusionada a través de enlace peptídico ²²¹LSS²²³ a la iduronato-2-sulfatasa humana (EC:3.1.6.13, alfa-L-iduronato sulfato sulfatasa (<i>idursulfasa</i>)) (224-748 in la secuencia actual, el residuo 282 está modificado postraduccionalmente a formilglicina (fGly)), (216-214') -disulfuro con la cadena ligera kappa (1'-214') [V-KAPPA (<i>Mus musculus</i> IGKV9-120*01 -IGKJ1*01, CDR-Kabat [11.7.9] (24'-34'.50'-56'.89'-97')) (1'-107') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (108'-214')]; dímero, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), glicoforma alfa <i>tratamiento enzimático de sustitución (mucopolisacaridosis tipo II)</i>

2699034-69-8

Sequence / Séquence / Secuencia	
Fab heavy chain-IDS	
QVQLQSGGPE LVKPGALVKI SCKASGYTFT NYDIHWVKQR PGQGLEWIGW	50
IYPGGSTKY NEKFKGKATL TADKSSSTAY MHLSSLTSEK SAVYFCAREW	100
AYWGGTTLVT VSAASTKGPS VFPLAPSSKS TSGGTAAALGC LVKDYFPEPV	150
TVSWSGALT SGVHTFAVL QSSGLYSLS S VVTVPSSSLG TQTYICNVNH	200
KPSNTKVDKK VEPKSCDKTH LSSSETQANS TTDALNVLLI IVDDLRFSLG	250
CYGDKLVRSF NIDQLASHSL LFQNAFAQQA VCAPSRVSFL TGRRPDTTRL	300
YDFNSYWRVH AGNFSTIPQY FKENGVTMS VGKVFHGPS SNHTDDSPYS	350
WSFPYPHSS EKYENTKTCR GPDGELHANL LCPVDVLDVP EGTLPDKQST	400
EQAIQLLEKM KTSASPFFLA VGYHKPHIPF RYPKEFQKLY PLENITLAPD	450
PEVPDGLPPV AYNPWMDIRQ REDVQALNIS VPYGPIPVDF QRKIRQSYFA	500
SVSYLDTVQG RLLSALDDLQ LANSTIIAFT SDHGAWLGEH GEWAKYSNFD	550
VATHVPLIFY VPGRTASLPE AGEKLFPLYD PFDSASQLME PGRQSMDLVE	600
LVSLFPTLAG LAGLQVPPRC PVPSFHVLC REGKNLLKHF RFRDLEEDPY	650
LPGNPRELIA YSQYPRPSDI PQWNSDKPSL KDIKIMGYSI RTIDYRYTVW	700
VGFNPDEFLA NFSDIHAGEL YFVDSDFLQD HNMVNSDQGG DLFQLLMP	748
Fab light chain	
DIQMTQSPSS LSASLGERVS LTCRASQDIG GNLYWLQGGP DGTIKRLIYA	50
TSSLDSGVPK RFGSGRSGSD YSLTISLES EDFVDYYCLQ YSSSPWTFGG	100
GTKMEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY PREAKVQWKV	150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSTLT LSKADYEKHK VYACEVTHQG	200
LSSPVTKSFN RGEC	214
Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión	
Fab heavy chain-IDS: ²²¹ L _{GS} ²²³	
Post-translational modifications	
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro	
Intra Fab heavy chain:	22-96, 140-196, 22"-96", 140"-196"
Intra IDS:	369-382, 620-630, 369"-382", 620"-630"
Intra Fab light chain:	23"-88", 134"-194", 23"-88", 134"-194"
Inter Fab heavy-light chain:	216-214", 216"-214""
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación	
Fab heavy chain-IDS: 229, 313, 342, 444, 478, 523, 711, 735	
229", 313", 342", 444", 478", 523", 711", 735"	
Oxidation sites / Sites d'oxydation / Posiciones de oxidación	
Fab heavy chain-IDS: M81, M329, H377, M410, W465, M466, M589, M596, M686, M747	
M81", M329", H377", M410", W465", M466", M589", M596", M686", M747"	
Fab light chain: M4', M4""	
Posttranslationally generated catalytical oxidation site:	
Fab heavy chain-IDS: C ₂₈₂ , C ₂₈₂ " > formylglycine (fGly)	
Deamidation sites / Sites de désamidation / Posiciones de desamidación	
Fab heavy chain-IDS: N229, N304, N324, N365, N379, N674,	
N229", N304", N324", N365", N379", N674"	
Fab light chain: N152', N158', N152"', N158""	
N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal	
Fab heavy chain Q1.Q1"> pyroglutamyl (pE, 5-oxo-L-prolyl)	

vispacabtagenum regedleucelum #

vispacabtagene regedleucel allogeneic T lymphocytes obtained from peripheral blood mononuclear cells by leukapheresis of healthy donors, electroporated with CRISPR/Cas9 (clustered regularly interspaced short palindromic repeats/ CRISPR-associated protein 9) hybrid RNA-DNA nucleoprotein complexes to knock out the T cell receptor alpha chain constant (*TRAC*) and programmed cell death protein 1 (*PDCD1*) genes and transduced with a recombinant adeno-associated virus vector serotype 6 (AAV6) vector to introduce an anti-CD19 chimeric antigen receptor (CAR) expression cassette at the *TRAC* locus by homology-directed repair.

The integrated sequence comprises a 5' TRAC homology arm, a protospacer adjacent motif (PAM), the CAR expression cassette, and a 3' TRAC homology arm. The CAR expression cassette consists of an elongation factor alpha (EF-1 α) promoter, Kozak sequence, CD8 α signal sequence, anti-CD19 single chain variable fragment (scFv clone FMC63), CD8 hinge region, CD8 transmembrane (TM) domain, 4-1BB signaling co-stimulatory domain, CD3 ζ signaling domain, and a bovine growth hormone (BGH) polyadenylation sequence.

The leukapheresis material is enriched for CD4/CD8 T lymphocytes by positive immunoselection and subsequently transduced with the vector. Residual TCR $\alpha\beta$ ⁺ lymphocytes are removed by magnetic depletion, and the cells are then activated in media containing CD3 and CD28 agonists and interleukin 2 (IL-2). The suspension consists primarily of T lymphocytes (CD45⁺ and CD4⁺, CD8⁺, or CD3⁺) which are >32% CAR⁺, have a high proportion PDCD1 knockout cells (average 97%) and are cytotoxic to CD19-expressing cells
cell-based gene therapy (antineoplastic)

vispacabtagène régedleucel

lymphocytes T allogéniques obtenus, par leucaphérèse, à partir de cellules mononucléées du sang périphérique (CMSP) de donneurs sains, électroporés avec des complexes de nucléoprotéines hybrides ARN-ADN de CRISPR/Cas9 (courtes répétitions en palindrome regroupées et régulièrement espacées /protéine 9 associée à CRISPR), pour invalider la région constante de la chaîne alpha du récepteur des lymphocytes T (TRAC) et le gène codant la protéine de mort cellulaire programmée de type 1 (PDCD1), et transduits avec un vecteur recombinant du virus adéno-associé de sérotype 6 (AAV6), pour introduire au locus TRAC, par la réparation dirigée par l'homologie, une cassette d'expression d'un récepteur d'antigène chimérique (CAR) anti-CD19.

La séquence intégrée comprend un bras d'homologie 5' TRAC, un motif de reconnaissance du proto-espaceur (PAM), la cassette d'expression de CAR, et un bras d'homologie 3' TRAC. La cassette d'expression CAR contient un promoteur du facteur d'élongation alpha (EF-1 α), une séquence de Kozak, une séquence signal CD8 α , un fragment variable à chaîne unique anti-CD19 (clone scFv FMC63), une région charnière CD8, un domaine transmembranaire CD8, un domaine co-stimulant de signalisation 4-1BB, un domaine de signalisation de CD3 ζ , et une séquence de polyadénylation de l'hormone de croissance bovine (bGH). Le matériel de la leucophorèse est enrichi en lymphocytes T CD4/CD8 par immunosélection positive, et ensuite transduits avec le vecteur. Les lymphocytes TCR $\alpha\beta$ ⁺ sont éliminés par déplétion magnétique, puis les cellules sont activées dans un milieu contenant des agonistes CD3 et CD28, et de l'interleukine-2 (IL-2). La suspension se compose principalement de lymphocytes T (CD45⁺ et CD4⁺, CD8⁺ ou CD3⁺), qui contiennent plus de 32% de CAR⁺, ayant une forte proportion de cellules PDCD1 invalidant (en moyenne 97%) qui sont cytotoxiques pour les cellules exprimant CD19
thérapie génique à base de cellules (antinéoplasique)

vispacabtagén regedleucel

linfocitos T alogénicos obtenidos de células mononucleares de sangre periférica a partir de leucoaféresis de donantes sanos, electroporados con complejos de nucleoproteína híbridos ARN-ADN de CRISPR/Cas9 (repeticiones palindrómicas agrupadas y espaciadas regularmente/proteína asociada a CRISPR 9) para eliminar los genes de la cadena constante alfa del receptor de

linfocitos T (TRAC) y de la proteína de muerte celular programada 1 (PDCP1) y transducidos con un vector de virus adenasociado de serotipo 6 (AAV6) recombinante para introducir un casete de expresión de un receptor de antígenos quimérico (CAR) anti CD-19 en el locus TRAC mediante reparación dirigida por homología.

La secuencia integrada consta de un brazo de homología 5' TRAC, un motivo protoespaciador adyacente (PAM), el casete de expresión del CAR y un brazo de homología 3' TRAC. El casete de expresión CAR consiste en un promotor del factor de elongación alfa (EF-1 α), una secuencia Kozak, una secuencia señal de CD8 α , un fragmento variable de cadena sencilla (scFv clon FMC63) anti-CD19, una región bisagra de CD8, un dominio transmembrana (TM) de CD8, un dominio de señalización coestimulador de 4-1BB, un dominio de señalización de CD3 ζ y una secuencia de poliadenilación de la hormona de crecimiento bovina (BGH).

El material de leucoaféresis se enriquece en linfocitos T CD4/CD8 mediante inmunoselección positiva y posteriormente se transduce con el vector. Los linfocitos TCR $\alpha\beta$ ⁺ residuales se eliminan por depleción magnética y las células a continuación se activan en medio con agonistas de CD3 y CD28 e interleuquina 2 (IL-2). La suspensión consiste principalmente en linfocitos T (CD45⁺ y CD4⁺, CD8⁺ o CD3⁺) que son en >32% CAR⁺, tienen una alta proporción de células con PDCD1 eliminado (97% de media) y son citotóxicos frente a células que expresan CD19 *terapia génica basada en células (antineoplásico)*

vormatriginum

vormatrigine

3-[ethoxydi(fluoro)methyl]-6-[5-fluoro-6-(2,2,2-trifluoroethoxy)pyridin-3-yl][1,2,4]triazolo[4,3-a]pyridine
sodium channel blocker

vormatrigine

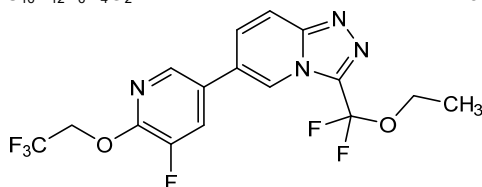
3-[éthoxydi(fluoro)méthyl]-6-[5-fluoro-6-(2,2,2-trifluoroéthoxy)pyridin-3-yl][1,2,4]triazolo[4,3-a]pyridine
bloqueur des canaux sodiques

vormatrigina

3-[etoxidi(fluoro)metil]-6-[5-fluoro-6-(2,2,2-trifluoroetoxi)piridin-3-il][1,2,4]triazolo[4,3-a]piridina
bloqueador del canal de calcio

C₁₆H₁₂F₆N₄O₂

2392951-18-5

**xelafaslatidum**

xelafaslatide

L-histidyl-L-histidyl-L-isoleucyl-L-tyrosyl-L-leucylglycyl-L-alanyl-L-valyl-L-asparaginyll-L-tyrosyl-L-isoleucyl-L-tyrosinamide
tumor necrosis factor (TNF) receptor inhibitor

xélaflaslatide

L-histidyl-L-histidyl-L-isoleucyl-L-tyrosyl-L-leucylglycyl-L-alanyl-L-valyl-L-asparaginyl-L-tyrosyl-L-isoleucyl-L-tyrosinamide
inhibiteur du récepteur du facteur de nécrose tumorale (TNF)

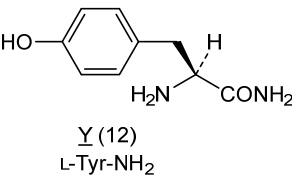
xelafaslatida

L-histidil-L-histidil-L-isoleucil-L-tirosil-L-leucilglicil-L-alanil-L-valil-L-asparaginil-L-tirosil-L-isoleucil-L-tirosinamida
inhibidor del receptor del factor de necrosis tumoral (TNF)

C₇₁H₁₀₀N₁₈O₁₆ 2040964-58-5

HHIYLGAVNY IY 12

Modified residue / Résidu modifié / Resto modificado



zabilugenum almadenorepvecum #
zabilugene almadenorepvec

recombinant, replication-competent oncolytic human adenovirus type 5 (Ad5) vector, encoding human hyaluronidase PH-20 (sperm adhesion molecule 1 [SPAM1] soluble form), under the control of the adenovirus major late promoter via insertion of the pIIIa splice acceptor and a Kozak sequence. Genetic modifications of the viral genome also include the insertion of four E2F-responsive sites along with one extra Sp-1 transcription factor binding site to control expression of the viral early region 1A (E1A) gene, a 24 base pair deletion in the E1A gene, and the replacement of the KKTK domain of the fiber shaft with an integrin-binding, tumour-selective RGDK motif
virus-based gene therapy (antineoplastic)

zabilugène almadénorépvec

vecteur recombinant, oncolytique de l'adénovirus humain de type 5 (Ad5), capable de se répliquer, codant l'hyaluronidase humaine PH-20 (molécule d'adhésion du sperme 1 [SPAM1]) forme soluble, sous le contrôle du promoteur majeur tardif de l'adénovirus par insertion de l'accepteur d'épissure pIIIa, et d'une séquence de Kozak. Les modifications génétiques du génome viral comprennent également l'insertion de quatre sites sensibles à l'E2F, ainsi qu'un site supplémentaire de liaison au facteur de transcription Sp-1, pour contrôler l'expression du gène de la région virale précoce 1A (E1A), une délétion de 24 paires de bases dans le gène E1A et le remplacement du domaine KKTK de la tige de la protéine fibre, par un motif RGDK de liaison à l'intégrine spécifique de la tumeur
thérapie génique virale (antineoplasique)

zabilugén almadenorepvec

vector de adenovirus tipo 5 (Ad5) humano recombinante, competente de replicación, oncolítico, que codifica para la hialuronidasa PH-20 humana (molécula de adhesión a esperma 1 [SPAM1]) (forma soluble), bajo el control del promotor principal tardío del adenovirus y mediante la inserción del sitio aceptor del procesamiento pIIIa y una secuencia Kozak. Las modificaciones genéticas del genoma viral también incluyen la inserción de cuatro sitios sensibles a E2F junto con un sitio adicional de unión del factor de transcripción Sp-1 para controlar la expresión del gen de la región viral temprana 1A (E1A), una delección de 24 pares de bases en el gen E1A y el reemplazo del dominio KKTK del eje de la fibra con un motivo RGDK de unión a integrina específica de tumor

terapia génica basada en virus (antineoplásico)

2937327-18-7

zadoprubartum #

zadoprubart

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* BTLA (B and T lymphocyte attenuator, BTLA1, CD272)], humanized monoclonal antibody; H-gamma4 heavy chain humanized (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*08 (80.6%) -(IGHD) - IGHJ6*05 (92.3%) A127>S (123), CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10(CH1 (125-222), hinge 1-12 S10>P (232) (223-234), CH2 L92 (313) (235-344), CH3 (345-449), CHS (450-451)) (125-451)], (138-214')-disulfide with L-kappa light chain humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (86.4%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimer (230-230":233-233")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa

immunosuppressant

zadoprubart

immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* BTLA (atténuateur des lymphocytes B et T, BTLA1, CD272)], anticorps monoclonal humanisé; chaîne lourde H-gamma4 humanisée (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*08 (80.6%) -(IGHD) - IGHJ6*05 (92.3%) A127>S (123), CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10(CH1 (125-222), charnière 1-12 S10>P (232) (223-234), CH2 L92 (313) (235-344), CH3 (345-449), CHS (450-451)) (125-451)], (138-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (86.4%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dimère (230-230":233-233")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa

immunosuppresseur

zadoprubart inmunoγoglobulina G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* BTLA (atenuador de los linfocitos B y T, BTLA1, CD272)], anticuerpo monoclonal humanizado; cadena pesada H-gamma4 humanizada (1-451) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*08 (80.6%) -(IGHD) -IGHJ6*05 (92.3%) A127>S (123), CDR-IMGT [8.8.17] (26-33.51-58.97-113)) (1-124) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10(CH1 (125-222), bisagra 1-12 S10>P (232) (223-234), CH2 L92 (313) (235-344), CH3 (345-449), CHS (450-451)) (125-451)], (138-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-12*01 (86.4%) -IGKJ4*01 (100%), CDR-IMGT [6.3.9] (27'-32'.50'-52'.89'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%) Km3 A45.1, V101 (C-KAPPA A45.1 (153'), V101 (191')) (108'-214')]; dímero (230-230'':233-233'')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa *inmunosupresor*

2904575-77-3

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
QVQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGYVFS TSWMNWVRQA PGQGLEWMGR 50
IYPGDADTNY VGKFKGRVTI TADKSTTTAY MELSSLRSED TAVYFCAKSG 100
TENFGNRYRWY FDVWGKGTTV TVSSASTKGP SVFPLAPCSR STSESTAALG 150
CLVKDYFPPEP VTVSWNSGAL TSGVHTFPAV LQSSGLYSLS SVVTVPSSSL 200
GTKTYTNCND HKPSNTKVDK RVESKYGPFC PPCPAPEFLG GPSVFLFPFK 250
PKDTLMISRT PEVTCVVVDV SQEDPEVQFN WYVDGVEVHN AKTKPREEQF 300
NSTYRVVSVL TVLHQDWLNG KEYCKVSNK GLPSSIEKTI SKAKGQPREP 350
QVYTLPPSQE EMTKNQVSLT CLVKGFYPSD IAEWESNGQ PENNYKTTTP 400
VLDSGSGFFL YSRLTVDKSR WQEGNVFSCS VMHEALHNHY TQKSLSLSLG 450
K 451

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
AIQLTQSPSS LSASVGDRTV ITCRVSENIY SHLAWYQQKP GKAPKLLIYA 50
ATNLALGVPS RFSGSGSGTD YTLTISSLQP EDFATYYCQL FWGPPLTFGG 100
GTKVEIKRTV AAPSVFIFFP SDEQLKSGTA SVVCLLNIFY BREAKVQWKV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYEKKH VYACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEC 214

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 151-207 265-325 371-429
22"-96" 151"-207" 265"-325" 371"-429"
Intra-L (C23-C104) 23'-88' 134'-194'
23'''-88''' 134'''-194'''
Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 138-214' 138"-214"
Inter-H-H (h 8, h 11) 230-230" 233-233"

N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal
Q > pyroglutamyl (pE, 5-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: 301, 301"
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: 451, 451"

zamubafuspum alfa #
zamubafusp alfa humanized immunoglobulin G1-kappa, anti-[human variable immunoglobulin light chain N-terminal cryptic neo-epitope] fused at the C-terminus of each light chain via a peptide linker to the pan-amyloid-reactive peptide p5R;

	gamma 1 heavy chain (1-441) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV4-4*08 -(IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.16.3] (31-35.50-65.98-100)) (1-111) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01 (CH1 (112-209), hinge (210-224), CH2 (225-334), CH3 (335-439), CHS (440-441)) (112-441)], (214-219')-disulfide with kappa light chain (1'-219') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV2-30*01 -IGKJ2*01, CDR-Kabat [16.7.9] (24'-39'.55'-61'.94'-102')) (1'-112') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (113'-219')], fused via peptide linker ²²⁰VSPSV^{224'} to the pan-amyloid-reactive peptide p5R (225'-250'), dimer (220-220":223-223")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa <i>amyloid deposit removal</i>
zamubafusp alfa	immunoglobuline G1-kappa humanisée, anti-[néo-épitope cryptique N-terminal de la chaîne légère variable de l'immunoglobuline humaine] fusionnée, à la partie C-terminale de chaque chaîne légère, à l'aide d'un coupleur peptidique, au peptide panamyloïde réactif p5R; chaîne lourde gamma 1 (1-441) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV4-4*08 -(IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.16.3] (31-35.50-65.98-100)) (1-111) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01 (CH1 (112-209), charnière (210-224), CH2 (225-334), CH3 (335-439), CHS (440-441)) (112-441)], (214-219')-disulfure avec la chaîne légère kappa (1'-219') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV2-30*01 -IGKJ2*01, CDR-Kabat [16.7.9] (24'-39'.55'-61'.94'-102')) (1'-112') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (113'-219')], fusionnée, à l'aide du coupleur peptidique ²²⁰VSPSV^{224'} au peptide panamyloïde réactif p5R (225'-250'), dimère (220-220":223-223")-bisdisulfure, produite dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa <i>élimination des dépôts amyloïdes</i>
zamubafusp alfa	inmunoglobulina humanizada G1-kappa, anti-[neoeptítopo críptico N-terminal de cadena ligera de inmunoglobulina variable humana] fusionada al terminal C de cada cadena ligera a través de enlace peptídico al péptido pan-amiloide reactivo p5R; cadena pesada gamma 1 (1-441) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV4-4*08 -(IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.16.3] (31-35.50-65.98-100)) (1-111) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*01 (CH1 (112-209), bisagra (210-224), CH2 (225-334), CH3 (335-439), CHS (440-441)) (112-441)], (214-219')-disulfuro con cadena ligera kappa (1'-219') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV2-30*01 -IGKJ2*01, CDR-Kabat [16.7.9] (24'-39'.55'-61'.94'-102')) (1'-112') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (113'-219')], fusionado a través de enlace peptídico ²²⁰VSPSV^{224'} al péptido pan-amiloide reactivo p5R (225'-250'), dímero (220-220":223-223")-bisdisulfuro, producido en células ováricas de hámster Chino (CHO), línea celular CHO-K1, glicofoma alfa <i>eliminación de depósito de amiloide</i>

2937458-25-6

Sequence / Séquence / Secuencia	
IgG1 heavy chain	
QVQLQESGPG LVKPSSETLSL TCTVSGFSL	SYGVSWIRQP PGKGLEWLGV 50
IWGEGSTNYH PNLMSRVITIS VDTSKSQVLF	KLSSVTAADT AVYVCATLDY 100
WGQGTISVTVS SASTKGPSVF PLAPSSKSTS	GGTAALGCLV KDYFPEPVTV 150
SWNSGALTSG VHTFFPAVLQS SGLYSLSSVV	TVFSSSLGTQ TYICNVNHKP 200
SNTKVDKKVE PKSCDKTHTC PPCPAPELLG	GPSVFLFPFK PKDTLMISRT 250
PEVTCVVVDV SHEDPEVKFN WYVDGVEVHN	AKTKPREEQY NSTYRVVSVL 300
TVLHQDWLNG KEYKCKVSNK ALPAPIETKI	SKAKGQPREP QVYTLPPSRD 350
ELTKNQVSLT CLVKGFYPSD IAVEWESNGQ	PENNYKTTTP VLDSGGSFFL 400
YSKLTVDKSR WQQGNVFSCS VMHEALHNHY	TQKSLSLSPG K 441
IgG1 light chain-p5R	
DVVMTQSPLS LPVTLGQPAS ISCRSSQSLV	HRSGNTYLHW FQQRPGQSPR 50
LLIYKVSNRF SGVPDRFSGS GSGTDFTLKI	SRVEAEDVGV YFCFQTTYVP 100
NTFGGGTKLE IKRTVAAPSV FIFPPSDEQL	KSGTASVVEL LNNFYPREAK 150
VQWKVDNALQ SGNSQESVTE QDSKDSYSL	SSTLTLSKAD YEKKHVYACE 200
VTHQGLSSPV TKSFNRGECV <u>SPSVRAQRAQ</u>	<u>ARQARQAQRA</u> <u>QRAQARQARQ</u> 250
Peptide linker / Peptide liant / Péptido de unión	
²²⁰ <u>YSPI</u> ²²⁴	
Post-translational modifications	
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro	
Intra IgG1 heavy-chain: 22-95, 138-194, 255-315, 361-419	
22"-95", 138"-194", 255"-315", 361"-419"	
Intra IgG1 light chain-p5R: 23'-93', 139'-199', 23"-93", 139"-199"	
Inter heavy chain-heavy chain: 220-220", 223-223"	
Inter heavy chain-light chain: 214-219', 214"-219"	
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación	
Heavy chain: N291, N291"	
N-terminal glutaminyl cyclization / Cyclisation du glutaminyle N-terminal / Ciclación del glutaminilo N-terminal	
Heavy chain: Q1,Q1" > pyroglutamyl (pE, 5-oxo-L-prolyl)	
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal	
441, 441"	

zanvixantum
zanvixant

[(6S)-1-(5-fluoropyrimidin-2-yl)-6-methyl-1,4,6,7-tetrahydro-5H-[1,2,3]triazolo[4,5-c]pyridin-5-yl)][3-fluoro-2-(trifluoromethyl)pyridin-4-yl]methanone
purinoreceptor (P2X) antagonist

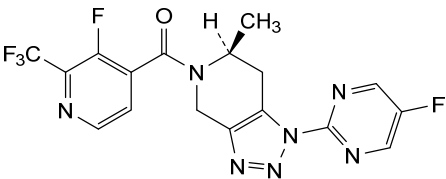
zanvixant

[(6S)-1-(5-fluoropyrimidin-2-yl)-6-méthyl-1,4,6,7-tétrahydro-5H-[1,2,3]triazolo[4,5-c]pyridin-5-yl)][3-fluoro-2-(trifluorométhyl)pyridin-4-yl]méthanone
antagoniste des purinorécepteurs (P2X)

zanvixant

[(6S)-1-(5-fluoropirimidin-2-il)-6-metil-1,4,6,7-tetrahidro-5H-[1,2,3]triazolo[4,5-c]piridin-5-il)][3-fluoro-2-(trifluorometil)piridin-4-il]metanona
antagonista del purinoreceptor (P2X)

C₁₇H₁₂F₅N₇O 2166558-11-6



zelebrudomidum

zelebrudomide

(1³RS,3³S)-1²,1⁶,2¹,2³-tetraoxo-2¹,2³-dihydro-7-aza-2(2,5)-isoindola-8(2,6)-pyrazina-1(3),5(1,4),9(1)-tripiperidina-3(1,3)-pyrrolidina-6(1,4)-benzenanonaphane-8³-carboxamide
protein degrader, antineoplastic

zélébrudomide

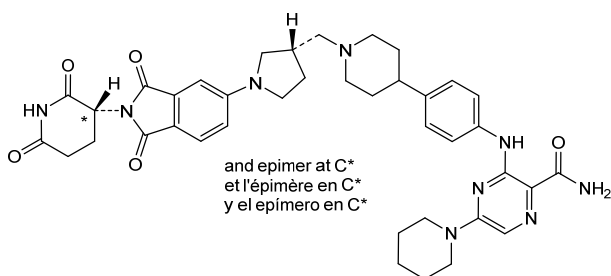
(1³RS,3³S)-1²,1⁶,2¹,2³-tétraoxo-2¹,2³-dihydro-7-aza-2(2,5)-isoindola-8(2,6)-pyrazina-1(3),5(1,4),9(1)-tripipéridina-3(1,3)-pyrrolidina-6(1,4)-benzénanonaphane-8³-carboxamide
dégradeur de protéines, antinéoplasique

zelebrudomida

(1³RS,3³S)-1²,1⁶,2¹,2³-tetraoxo-2¹,2³-dihidro-7-aza-2(2,5)-isoindola-8(2,6)-pirazina-1(3),5(1,4),9(1)-tripiperidina-3(1,3)-pirolidina-6(1,4)-bencenanonafano-8³-carboxamida
degradador de proteínas, antineoplásico

C₃₉H₄₅N₉O₅

2416131-46-7

**zeprumetostatum**

zeprumetostat

N-[(4,6-dimethyl-2-oxo-1,2-dihydropyridin-3-yl)methyl]-5-ethyl-6-[ethyl(oxan-4-yl)amino]-2-[(piperidin-1-yl)methyl]-1-benzofuran-4-carboxamide
enhancer of zeste homolog 2 (EZH2) inhibitor, antineoplastic

zéprumétostat

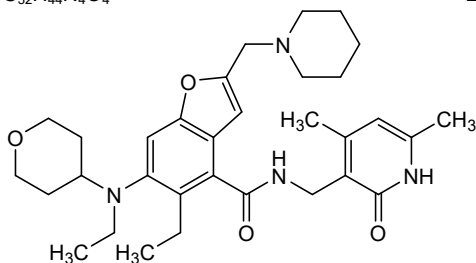
N-[(4,6-diméthyl-2-oxo-1,2-dihydropyridin-3-yl)méthyl]-5-éthyl-6-[éthyl(oxan-4-yl)amino]-2-[(pipéridin-1-yl)méthyl]-1-benzofurane-4-carboxamide
activateur de l'inhibiteur de l'homologue 2 du zeste (EZH2), antinéoplasique

zeprumetostat

N-[(4,6-dimetil-2-oxo-1,2-dihidropiridin-3-il)metil]-5-etil-6-[etil(oxan-4-il)amino]-2-[(piperidin-1-il)metil]-1-benzofurano-4-carboxamida
activador del inhibidor de la histona-lisina metiltransferasa EZH2 (EZH2), antineoplásico

C₃₂H₄₄N₄O₄

2098545-98-1



zertomibgenum cazparvovecum #
zertomibgene cazparvovec

recombinant, non-replicating adeno-associated virus serotype 9 (rAAV9) vector, encoding myosin-binding protein C (MYBPC3), under control of a synthetic cardiomyocyte-specific cardiac troponin T2 (TNNT2) promoter (pCard1) and a synthetic polyadenylation signal; flanked by adeno-associated virus 2 (AAV2) inverted terminal repeats
gene therapy (hypertrophic cardiomyopathy)

zertomibgène cazparvovec

vecteur recombinant, non répliquatif du virus adéno-associé de sérotype 9 (rAAV9), codant la protéine C de liaison à la myosine (MYBPC3), sous le contrôle d'un promoteur synthétique de la troponine cardiaque T2 (TNNT2) spécifique aux cardiomyocytes (pCard1) et d'un signal synthétique de polyadénylation, flanqué de répétitions terminales inversées du virus adéno-associé de type 2 (AAV2)
thérapie génique (cardiomyopathie hypertrophique)

zertomibgén cazparvovec

vector de virus adenoasociado del serotipo 9, recombinante (rAAV9), no replicativo, que codifica para la proteína C de unión a miosina (MYBPC3) bajo el control de un promotor sintético de troponina cardíaca T2 (TNNT2) específico de cardiomiocitos (pCard1) y una señal de poliadenilación sintética; está flanqueado por las repeticiones terminales invertidas del virus adenoasociado 2 (AAV2)
terapia génica (cardiomiopatía hipertrófica)

2920655-43-0

zunibergenun rocarvovecum #
zunibergene rocarvovec

recombinant non-replicating adeno-associated virus (AAV) vector with a retina-specific capsid variant, encoding a microRNA (miRNA) targeting expression of vascular endothelial growth factor C (VEGF-C) and a codon-optimised fusion protein that consists of VEGF-binding regions derived from the extracellular domains of human VEGF receptors 1 and 2 fused to the Fc portion of human immunoglobulin G1 (the mature expressed protein is equivalent to *afibercept*), under control of a synthetic CAG promoter and the simian virus 40 polyadenylation sequence, flanked by AAV2 inverted terminal repeats. The VEGF-C targeting miRNA sequence is located within the chicken beta-actin intron of the CAG promoter
gene therapy (macular degeneration)

zunibergène rocarvovec

vecteur recombinant, non répliquatif du virus adéno-associé (AAV) portant une variante de la capside spécifique de la rétine, codant un micro-ARN (miARN) ciblant l'expression du facteur de croissance de l'endothélium vasculaire C (VEGF-C) et une protéine de fusion optimisée par codon, composée des régions de liaison au VEGF dérivées des domaines extracellulaires des récepteurs VEGF-1 et VEGF-2

zunibergén rocparvovec

humains, fusionnées à la partie Fc de l'immunoglobuline G1 humaine (la protéine mature exprimée est équivalente à l'*aflibercept*), sous contrôle d'un promoteur CAG synthétique et de la séquence de polyadénylation du virus simien 40 (SV40), flanquée de répétitions terminales inversées AAV2. La séquence de miARN ciblant le VEGF-C se trouve dans l'intron bêta-actine de poulet du promoteur CAG
thérapie génique (dégénérescence maculaire)

vector de virus adenoasociado (AAV), recombinante, no replicativo, con una cápsida variante específica de retina, que codifica para un microARN (miARN) dirigido a la expresión del factor C de crecimiento del endotelio vascular (VEGF-C) y una proteína de fusión, con codones optimizados, que consiste en regiones de unión al factor de crecimiento del endotelio vascular (VEGF) derivadas de los dominios extracelulares de los receptores 1 y 2 del VEGF humano fusionadas a la porción Fc de la IgG1 humana (la proteína madura expresada es equivalente a *aflibercept*), bajo el control de un promotor CAG sintético y la señal de poliadenilación del virus de simio 40, flanqueado por las repeticiones terminales invertidas del AAV2. La secuencia del micro-ARN (miARN) dirigido a VEGF-C está localizada en el intrón de la beta actina de pollo del promotor CAG
terapia génica (degeneración macular)

2856381-73-0

Electronic structure available on MedNet: <https://extranet.who.int/soinn/># Structure électronique disponible sur MedNet: <https://extranet.who.int/soinn/># Estructura electrónica disponible en MedNet: <https://extranet.who.int/soinn/>

Proposed International Nonproprietary Names: List 131 –COVID-19 (special edition)

Comments on, or formal objections to, the proposed names may be forwarded by any person to the INN Programme of the World Health Organization within four months of the date of their publication in *WHO Drug Information*, i.e., for **List 131 of Proposed INN not later than 11 December 2024**.
Publication date: 12.08.2024

Dénominations communes internationales proposées: Liste 131 - COVID-19 (édition spéciale)

Des observations ou des objections formelles à l'égard des dénominations proposées peuvent être adressées par toute personne au Programme des Dénominations communes internationales de l'Organisation mondiale de la Santé dans un délai de quatre mois à compter de la date de leur publication dans *WHO Drug Information*, c'est à dire pour la **Liste 131 de DCI Proposées le 11 décembre 2024 au plus tard**. **Date de publication :** 12.08.2024

Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas: Lista 131 - COVID-19 (edición especial)

Cualquier persona puede dirigir observaciones u objeciones respecto de las denominaciones propuestas, al Programa de Comunes Internacionales de la Organización Mundial de la Salud, en un plazo de cuatro meses, contados desde la fecha de su publicación en *WHO Drug Information*, es decir, para la **Lista 131 de DCI Propuestas el 11 de Diciembre de 2024 a más tardar**.

Fecha de publicación: 12.08.2024

<i>Proposed INN</i> (Latin, English, French, Spanish)	<i>Chemical name or description: Action and use: Molecular formula, Chemical Abstracts Service (CAS) registry number: Graphic formula</i>
<i>DCI Proposée</i>	<i>Nom chimique ou description: Propriétés et indications: Formule brute, Numéro dans le registre du CAS: Formule développée</i>
<i>DCI Propuesta</i>	<i>Nombre químico o descripción: Acción y uso: Fórmula molecular, Número de registro del CAS: Fórmula desarrollada</i>

bretovameranum #

bretovameran
messenger RNA (mRNA), 5'-capped, encoding a full-length, codon-optimised pre-fusion stabilised conformation variant (K982P and V983P) of the SARS-CoV-2 (severe acute respiratory syndrome coronavirus 2) spike (S) glycoprotein (Omicron JN.1 variant; based upon hCoV-19/Netherlands/NB-RIVM-135749/2023; GISAID: EPI_ISL_18701853), flanked by 5' and 3' untranslated regions and a 3' polyadenylation (polyA) tail; contains N¹-methylpseudouridine instead of uridine (*all-U>m¹Ψ*)
immunological agent for active immunization (anti-SARS-CoV-2)

brétovaméran

ARN messenger (ARNm), coiffé en 5', codant une variante de conformation stabilisée de préfusion, de longueur complète, optimisée par codon (K982P et V983P) de la glycoprotéine du spicule (S) du SRAS-CoV-2 (coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère) (variant Omicron JN.1; basé sur hCov-19/Pays-Bas/NB-RIVM-135749/2023; GISAID: EPI_ISL_18701853), flanqué en 5' et 3' de régions non traduites et, d'une queue de polyadénylation (polyA) en 3'; contient de la N¹-méthylpseudouridine en lieu de l'uridine (*tout-U>m¹Ψ*)
agent immunologique pour immunisation active (anti-SRAS-CoV-2)

bretovamerán

ARN mensajero (ARNm), protegido en 5', que codifica, con codones optimizados, para la secuencia completa de una variante estabilizada en conformación pre-fusión (K982P y V983P) de la glicoproteína de la espícula (S) del SRAS-CoV-2 (coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo) (variante Omicron JN.1; basada en hCoV-19/Netherlands/NB-RIVM-135749/2023; GISAID: EPI_ISL_18701853), flanqueada por regiones sin traducir 5' y 3' y una cola de poliadenilación (poliA) en 3'; contiene N¹-metilpseudouridina en lugar de uridina (*todo-U>m¹Ψ*)
agente inmunológico para inmunización activa (anti-SRAS-CoV-2)

3026600-00-7

damlecovateinum

damlecovatein

severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2), omicron lineage XBB.1.16 (Gisaid: EPI_ISL_17619088) spike (S) glycoprotein receptor binding domain (RBD) fragment (302-520, 1-219 in the current sequence), variant (K⁵²⁰>G²¹⁹), fused to severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2), omicron lineage XBB.1.16 spike (S) glycoprotein receptor binding domain (RBD) fragment (302-520, 220-438 in the current sequence), single chain homodimer, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa
immunological agent for active immunization (anti-SARS-CoV-2)

damlécovatéine

fragment du domaine de liaison au récepteur (RBD) de laglycoprotéine du spicule (S) du coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS-CoV-2), lignée omicron XBB.1.16 (Gisaid: EPI_ISL_17619088) (302-520, 1-219 dans la séquence en cours), variant (K⁵²⁰>G²¹⁹), fusionné au fragment du domaine de liaison au récepteur de la glycoprotéine du spicule (S) du coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS-CoV-2), lignée omicron XBB.1.16 (302-520, 220-438 dans la séquence en cours), homodimère monocaténaire, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1 glycoforme alfa
agent immunologique d'immunisation active (anti-SRAS-CoV-2)

damlecovateina

fragmento del dominio de unión al receptor (RBD) de la glicoproteína de espícula (S) del coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo (SRAS-CoV-2), linaje ómicron XBB.1.16 (Gisaid: EPI_ISL_17619088) (302-520, 1-219 en la secuencia actual), variante (K⁵²⁰>G²¹⁹), fusionado al fragmento del dominio de unión al receptor (RBD) de la glicoproteína de espícula (S) del coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo (SRAS-CoV-2), linaje ómicron XBB.1.16 (302-520, 220-438 en la secuencia actual), homodímero de cadena única, producido en células ováricas de hámster Chino (CHO), línea celular CHO-K1, glicofoma alfa
agente inmunológico para inmunización activa (anti-SRAS-CoV-2)

3020658-23-2

Sequence / Séquence / Secuencia		
RVQPTESIVR	FPNITNLCPF	HEVFNATTTA
SVYAWNRRRI	SNCVADYSVI	50
YNFAPFFAFK	CYGVSPTKLN	DLCTNVYAD
SFVIRGNEVS	QIAPGQTGNI	100
ADYNYKLPDD	FTGCVIAWNS	NKLDSPSGN
YNYLYRLFRR	SKLKPFFERDI	150
STEIYQAGNR	PCNGVAGPNC	YSPLQSYGFR
PTYGVGHQPY	RVVLSFELL	200
HAPATVCGPK	KSTNLVKNGR	VQPTESIVRF
PNITNLCPFH	EVFNATTFAS	250
VYAWNRRKIS	NCVADYSVIY	NFAPFFAFKC
YGVSPTKLND	LCFTNVYADS	300
FVIRGNEVSQ	IAPGQTGNIA	DYNYKLDDF
TGCVIAWNSN	KLDSPSGNY	350
NYLYRLFRRK	KLKPFERDIS	TEIYQAGNRP
CNGVAGPNCY	SPLQSYGFRP	400
TYGVGHQPYR	VVLSFELLH	APATVCGPKK
STNLVKNK		438

Mutation /Mutation / Mutación
K⁵²⁰→G²¹⁹

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra chain: 18-43, 73-207, 61-114, 162-170, 237-262, 280-333, 292-426, 381-389

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
N13, N25, N232, N244

O-glycosylation sites / Sites de O-glycosylation / Posiciones de O-glicosilación
T5, T224

C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
438

lonpovameranum #
lonpovameran

self-amplifying messenger RNA (mRNA), 5'-capped, encoding codon-optimised Venezuelan equine encephalitis virus (VEEV) RNA-dependent RNA polymerase (VEEV proteins nsP1, nsP2, nsP3 and nsP4) and a full-length codon-optimised pre-fusion stabilised conformation variant (K982P and V983P) of the SARS-CoV-2 (severe acute respiratory syndrome coronavirus 2) spike (S) glycoprotein XBB.1.5 variant (derived from GenBank ID: UZG29433.1) containing furin cleavage-inactivating mutations (R678G, R679S and R681S), flanked by 5' and 3' untranslated regions and a 3' polyadenylation (polyA) tail; generation of capped S glycoprotein mRNA is under control of a VEEV subgenomic promoter
immunological agent for active immunization (anti-SARS-CoV-2)

lonpovaméran

ARN messenger (ARNm) auto-amplifiant, avec une coiffe en 5', codant l'ARN polymérase dépendante de l'ARN du virus de l'encéphalite équine vénézuélienne (VEEV) optimisé par codon (protéines nsP1, nsP2, nsP3 et nsP4 de VEEV) et une variante de conformation stabilisée de préfusion (K982P et V983P), de séquence complète, optimisée par codon, de la glycoprotéine du spicule (S) du SRAS-CoV-2 (coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère) variant XBB.1.5 (dérivé de la base de données GenBank ID: UZG29433.1), contenant des mutations inactivant le clivage par la furine (R678G, R679S et R681S), flanqué en 5' et 3' par des régions non traduites et une queue de polyadénylation (polyA) en 3'; la génération de l'ARNm de la glycoprotéine S coiffée est sous le contrôle du promoteur subgénomique de VEEV
agent immunologique d'immunisation active (anti-SRAS-CoV-2)

lonpovamerán

ARN mensajero (ARNm) auto amplificante, protegido en 5', que codifica, con codones optimizados, para una ARN polimerasa dependiente de ARN del virus de la encefalitis equina venezolana (VEEV) (proteínas nsP1, nsP2, nsP3 y nsP4 de VEEV) y para una secuencia completa, con codones optimizados, de una variante estabilizada en conformación pre-fusión (K982P y V983P) de la glicoproteína de la espícula (S) del SRAS-Cov-2 (coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo) variante XBB.1.5 (derivada de GenBank ID: UZG29433.1) que contiene mutaciones inactivantes de la rotura por furina (R678G, R679S y R681S), flanqueado por regiones sin traducir 5' y 3' y una cola de poliadenilación (poliA) en 3'; la generación del ARNm protegido de la glicoproteína S está bajo el control del promotor subgenómico de VEEV

agente inmunológico para inmunización activa (anti-SRAS-CoV-2)

2972476-18-7

pegevongitidum

pegevongitide

$N^{2,1}$ -{3-[(2-[[α-(3-[α-(2-[[3-(L-histidyl-L-histidyl-L-histidyl-L-arginyl-L-histidyl-L-seryl-L-phenylalanin- $N^{2,1}$ -yl)-3-oxopropyl]sulfanyl}acetamido)poly(oxyethylene)-ω-yl]-2,2-bis{[α-(2-[[3-(L-histidyl-L-histidyl-L-histidyl-L-arginyl-L-histidyl-L-seryl-L-phenylalanin- $N^{2,1}$ -yl)-3-oxopropyl]sulfanyl}acetamido)poly(oxyethylene)-ω-yl]methyl}propyl)poly(oxyethylene)-ω-yl]amino)-2-oxoethyl)sulfanyl]propanoyl]-L-histidyl-L-histidyl-L-arginyl-L-histidyl-L-seryl-L-phenylalanine

angipoietin-1 receptor agonist

pégévongitide

$N^{2,1}$ -{3-[(2-[[α-(3-[α-(2-[[3-(L-histidyl-L-histidyl-L-histidyl-L-arginyl-L-histidyl-L-seryl-L-phenylalanin- $N^{2,1}$ -yl)-3-oxopropyl]sulfanyl}acétamido)poly(oxyéthylène)-ω-yl]-2,2-bis{[α-(2-[[3-(L-histidyl-L-histidyl-L-histidyl-L-arginyl-L-histidyl-L-seryl-L-phenylalanin- $N^{2,1}$ -yl)-3-oxopropyl]sulfanyl}acétamido)poly(oxyéthylène)-ω-yl]méthyl}propyl)poly(oxyéthylène)-ω-yl]amino)-2-oxoéthyl)sulfanyl]propanoïl]-L-histidyl-L-histidyl-L-histidyl-L-arginyl-L-histidyl-L-seryl-L-phénylalanine

agoniste du receptor de l'angipoïétine-1

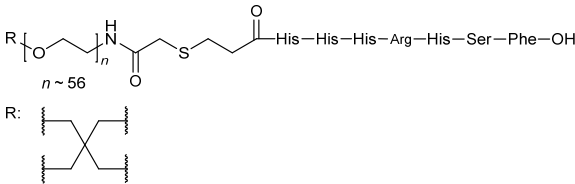
pegevongitida

$N^{2,1}$ -{3-[(2-[[α-(3-[α-(2-[[3-(L-histidil-L-histidil-L-histidil-L-arginil-L-histidil-L-seril-L-fenilalanin- $N^{2,1}$ -il)-3-oxopropil]sulfanil}acetamido)poli(oxietileno)-ω-il]-2,2-bis{[α-(2-[[3-(L-histidil-L-histidil-L-histidil-L-arginil-L-histidil-L-seril-L-fenilalanin- $N^{2,1}$ -il)-3-oxopropil]sulfanil}acetamido)poli(oxietileno)-ω-il]methyl}propil)poli(oxietileno)-ω-il]amino)-2-oxoetil)sulfanil]propanoil]-L-histidil-L-histidil-L-histidil-L-arginil-L-histidil-L-seril-L-fenilalanina

agonista del receptor de la angipoyetina-1

$C_{201}H_{272}N_{79}O_{48}S_4(C_2H_4O)_{4n}$

2988012-71-9



Names for chemical modifications of INN (substituent groups, counterions, adduct partners, etc.):

Many pharmaceutical substances for which an International Nonproprietary Name (INN) has been established are used as modified derivatives (salts, esters, protein-drug conjugates, solvates, etc.). The chemical modification (including counterions) involved may be of complex nature and it is then inconvenient to use its systematic chemical name. Consequently, shorter nonproprietary names for such modifications have been devised, and these are recommended for creating modified International Nonproprietary Names (INN).

Dénominations applicables aux modifications chimiques des DCI (groupes substituants, contre-ions, adduits, etc.) :

Certaines substances pour lesquelles une dénomination commune internationale proposée a été établie sont parfois utilisées comme dérivés modifiés (sels, esters, médicaments conjugués à des protéines, produits de solvation, etc.). Les modifications chimiques (incluant les contre-ions) sont alors quelques fois si complexes qu'il est malcommode de les désigner conformément à la nomenclature chimique systématique. Des dénominations communes abrégées ont donc été formées ou choisies pour certaines d'entre elles et il est suggéré de les employer pour créer les dénominations communes internationales modifiées (DCIM).

Denominaciones aplicables a modificaciones químicas de las DCI (grupos sustituyentes, contraiones, aductos, etc.):

Muchas sustancias farmacéuticas para las cuales hay establecidas una denominación común internacional (DCI) pueden usarse como derivados modificados (sales, ésteres, medicamentos conjugados con proteínas, solvatos, etc.). Las modificaciones químicas (incluidos los contraiones) implicadas pueden ser de naturaleza compleja y por tanto es inapropiado utilizar su nombre químico sistemático. Como consecuencia, se han diseñado denominaciones abreviadas para estas modificaciones y se recomiendan para la creación de Denominaciones Comunes Internacionales modificadas (DCIM).

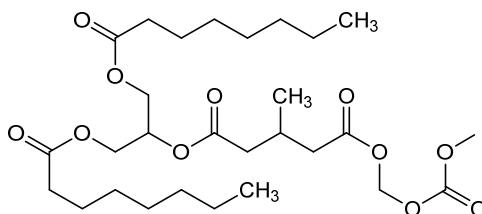
braxlosiranum

braxlosiran

*all-P-ambo-2'-O-methyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoro-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorocytidylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroguanilyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyl-P-thioguanilyl-(3'→5')-2'-O-methyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridine duplex with *all-P-ambo-(3RS)-1-({cis- and/or trans-4-[[6-[[2'-O-methyl-P-thioadenylyl-(5'→3')-2'-O-methyl-P-thioguanilyl-(5'→3')-2'-O-methylguanylyl-(5'→3')-2'-O-methyluridylyl-(5'→3')-2'-O-methyluridylyl-(5'→3')-2'-O-methyluridylyl-(5'→3')-2'-O-methylguanylyl-(5'→3')-2'-O-methylcytidylyl-(5'→3')-2'-O-methyluridylyl-(5'→3')-2'-O-methylcytidylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroguanilyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(5'→3')-2'-O-methylguanylyl-(5'→3')-2'-O-methylguanylyl-(5'→3')-2'-O-methylcytidylyl-(5'→3')-2'-O-methyl-P-thioadenylyl-(5'→3')-2'-O-methyl-P-thioguanilyl-(5'→3')-2'-O-methyl-5'-cytidylyl]oxy]hexyl)carbamoyl]cyclohexyl)methyl)-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle**

braxlosiran

tout-P-ambo-2'-O-méthyl-P-thiouridylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoro-P-thiocytidylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroadénylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluorocytidylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidylyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroguanilyl-(3'→5')-2'-O-

**entudotinum**

entudotin

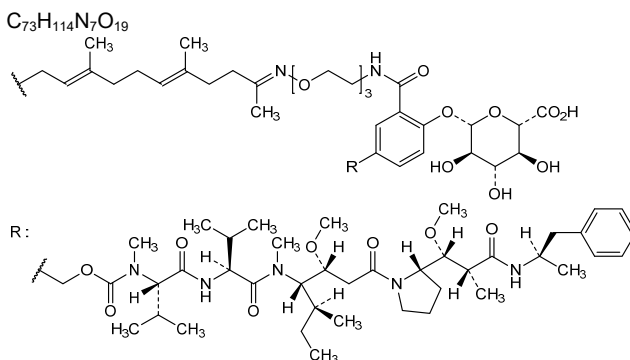
(12*E*,16*E*,20*E*)-1-{5-[(5*S*,8*S*,11*S*,12*R*)-11-[(2*S*)-butan-2-yl]-12-(2-{(2*S*)-2-[(1*R*,2*R*)-1-methoxy-2-methyl-3-oxo-3-[(2*R*)-1-phenylpropan-2-yl]amino]propyl]pyrrolidin-1-yl)-2-oxoethyl)-4,10-dimethyl-3,6,9-trioxo-5,8-di(propan-2-yl)-2,13-dioxo-4,7,10-triazatetradecan-1-yl]-2-(β-D-glucopyranuronosyloxy)phenyl}-13,16,20-trimethyl-1-oxo-5,8,11-trioxa-2,12-diazadocosa-12,16,20-trien-22-yl

entudotine

(12*E*,16*E*,20*E*)-1-{5-[(5*S*,8*S*,11*S*,12*R*)-11-[(2*S*)-butan-2-yl]-12-(2-{(2*S*)-2-[(1*R*,2*R*)-1-méthoxy-2-méthyl-3-oxo-3-[(2*R*)-1-phénylpropan-2-yl]amino]propyl]pyrrolidin-1-yl)-2-oxoéthyl)-4,10-diméthyl-3,6,9-trioxo-5,8-di(propan-2-yl)-2,13-dioxo-4,7,10-triazatétradécan-1-yl]-2-(β-D-glucopyranuronosyloxy)phényl}-13,16,20-triméthyl-1-oxo-5,8,11-trioxa-2,12-diazadocosa-12,16,20-trién-22-yle

entudotina

(12*E*,16*E*,20*E*)-1-{5-[(5*S*,8*S*,11*S*,12*R*)-11-[(2*S*)-butan-2-il]-12-(2-{(2*S*)-2-[(1*R*,2*R*)-2-metil-1-metoxi-3-oxo-3-[(2*R*)-1-fenilpropan-2-il]amino]propil]pirolidin-1-il)-2-oxoetil)-4,10-dimetil-3,6,9-trioxo-5,8-di(propan-2-il)-2,13-dioxo-4,7,10-triazatetradecan-1-il]-2-(β-D-glucopirauronosiloxi)fenil}-13,16,20-trimetil-1-oxo-5,8,11-trioxa-2,12-diazadocosa-12,16,20-trien-22-ilo

**fuvédotinum**

fuvédotin

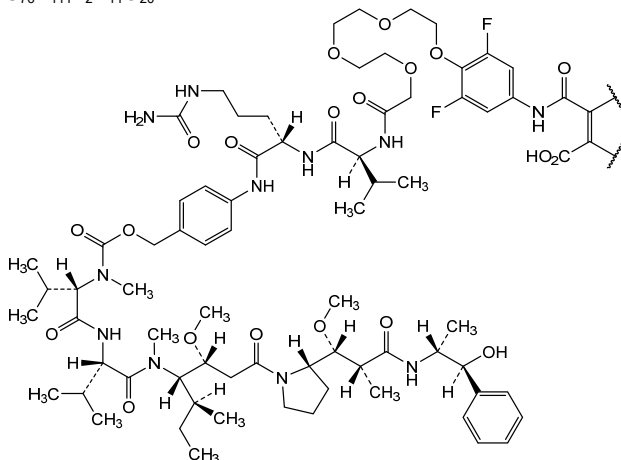
(1*Z*)-3-[[[(2*S*,3*R*,6*R*,7*R*,8²*S*,11*R*,12*S*,15*S*,18*S*,26*S*,29*S*)-12-[(2*S*)-butan-2-yl]-26-[3-(carbamoylamino)propyl]-43²,43⁶-difluoro-2-hydroxy-7,11-dimethoxy-3,6,13,19-tetramethyl-5,9,14,17,20,25,28,31-octaoso-15,18,29-tri(propan-2-yl)-21,33,36,39,42-pentaoxa-4,13,16,19,24,27,30-heptaaza-8(2,1)-pyrrolidina-1,43(1),23(1,4)-tribenzenatritetracontaphan-43⁴-yl]amino]-1-carboxy-3-oxoprop-1-ène-1,2-diyl

fuvédotine

(1*Z*)-3-[[[(2*S*,3*R*,6*R*,7*R*,8²*S*,11*R*,12*S*,15*S*,18*S*,26*S*,29*S*)-12-[(2*S*)-butan-2-yl]-26-[3-(carbamoylamino)propyl]-43²,43⁶-difluoro-2-hydroxy-7,11-diméthoxy-3,6,13,19-tétraméthyl-5,9,14,17,20,25,28,31-octaoso-15,18,29-tri(propan-2-yl)-21,33,36,39,42-pentaoxa-4,13,16,19,24,27,30-heptaaza-8(2,1)-pyrrolidina-1,43(1),23(1,4)-tribenzénatritétracontaphan-43⁴-yl]amino]-1-carboxy-3-oxoprop-1-ène-1,2-diyle

fuvodotina

(1Z)-3-[[[(2S,3R,6R,7R,82S,11R,12S,15S,18S,26S,29S)-12-[(2S)-butan-2-il]-26-[3-(carbamoylamino)propil]-43²,43⁶-difluoro-2-hidroxi-7,11-dimetoxi-3,6,13,19-tetrametil-5,9,14,17,20,25,28,31-octaoso-15,18,29-tri(propan-2-il)-21,33,36,39,42-pentaosa-4,13,16,19,24,27,30-heptaaza-8(2,1)-pirrolidina-1,43(1),23(1,4)-tribenzenatritetracontafan-43⁴-il]amino]-1-carboxi-3-oxoprop-1-eno-1,2-diilo

C₇₆H₁₁₁F₂N₁₁O₂₀**marboxilum**

marboxil

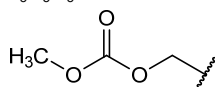
[(methoxycarbonyl)oxy]methyl

marboxil

[(méthoxycarbonyl)oxy]méthyle

marboxilo

[(metoxicarbonil)oxi]metilo

C₃H₅O₃**navoxetanum**

navoxetan

3-[2-(2-[2-[7-(2-amino-2-oxoethyl)-4,10-bis(carboxymethyl)-1,4,7,10-tetraazacyclododecan-1-yl]acetamido]ethoxy)ethoxy]propanoyl

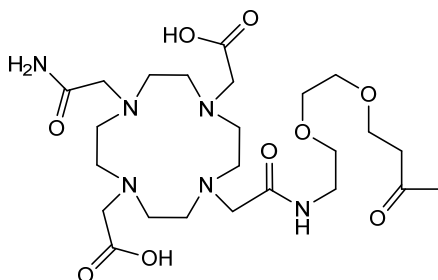
navoxétan

3-[2-(2-[2-[7-(2-amino-2-oxoéthyl)-4,10-bis(carboxyméthyl)-1,4,7,10-tétraazacyclododécan-1-yl]acétamido]éthoxy)éthoxy]propanoyle

navoxetán

3-[2-(2-[2-[7-(2-amino-2-oxoetil)-4,10-bis(carboximetil)-1,4,7,10-tetraazaciclododecan-1-il]acetamido]etoxi)etoxi]propanoilo

C₂₃H₄₁N₆O₉



pamirtecane
pamirtecane

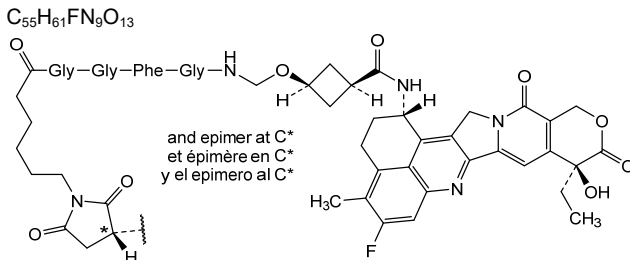
(3*RS*)-1-[(7*S*)-7-benzyl-1-[[[(1*R*,3*R*)-3-[[[(1*S*,9*S*)-9-ethyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-methyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1*H*,12*H*-benzo[*de*]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolin-1-yl]carbamoyl]cyclobutyl]oxy]-3,6,9,12,15-pentaoxo-2,5,8,11,14-pentaazaicosan-20-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl]

pamirtécane

(3*RS*)-1-[(7*S*)-7-benzyl-1-[[[(1*R*,3*R*)-3-[[[(1*S*,9*S*)-9-éthyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-méthyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1*H*,12*H*-benzo[*de*]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinoléin-1-yl]carbamoyl]cyclobutyl]oxy]-3,6,9,12,15-pentaoxo-2,5,8,11,14-pentaazaicosan-20-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle

pamirtecán

(3*RS*)-1-[(7*S*)-7-bencil-1-[[[(1*R*,3*R*)-3-[[[(1*S*,9*S*)-9-etil-5-fluoro-9-hidroxi-4-metil-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahidro-1*H*,12*H*-benzo[*de*]pirano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolein-1-il]carbamoil]ciclobutil]oxi]-3,6,9,12,15-pentaoxo-2,5,8,11,14-pentaazaicosan-20-il]-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo



rezetecane
rezetecane

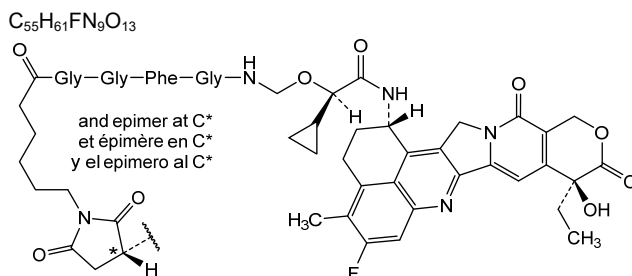
(3*RS*)-1-[(2*R*,10*S*)-10-benzyl-2-cyclopropyl-1-[[[(1*S*,9*S*)-9-ethyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-methyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1*H*,12*H*-benzo[*de*]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolin-1-yl]amino]-1,6,9,12,15,18-hexaoxo-3-oxa-5,8,11,14,17-pentaazatricosan-23-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl]

rezetécane

(3*RS*)-1-[(2*R*,10*S*)-10-benzyl-2-ciclopropil-1-[[[(1*S*,9*S*)-9-éthyl-5-fluoro-9-hydroxy-4-méthyl-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahydro-1*H*,12*H*-benzo[*de*]pyrano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinoléin-1-yl]amino]-1,8,11,14,17,18-hexaoxo-3-oxa-5,6,9,12,15-pentaazatricosan-23-yl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle

rezetecán

(3*RS*)-1-[(2*R*,10*S*)-10-bencil-2-ciclopropil-1-[[[(1*S*,9*S*)-9-etil-5-fluoro-9-hidroxi-4-metil-10,13-dioxo-2,3,9,10,13,15-hexahidro-1*H*,12*H*-benzo[*de*]pirano[3',4':6,7]indolizino[1,2-*b*]quinolein-1-il]amino]-1,8,11,14,17,18-hexaoxo-3-oxa-5,6,9,12,15-pentaazatricosan-23-il]-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo

**tismanitinum**

tismanitin

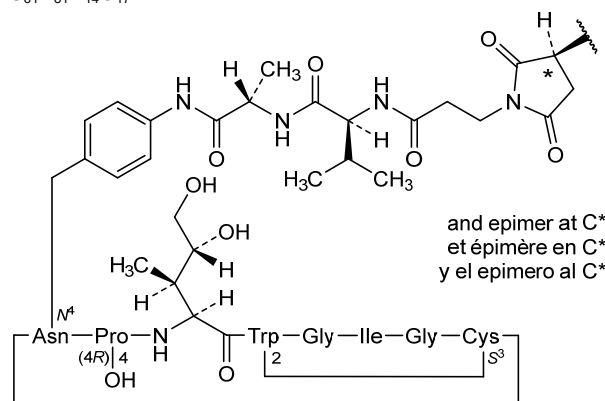
(3*RS*)-1-(3-[[[(2*S*)-3-methyl-1-oxo-1-[[[(2*S*)-1-oxo-1-{4-[[{1,8-anhydro:*C*^{2,4},*S*^{3,8}-cyclo[α -aspartyl-(4*R*)-4-hydroxy-L-prolyl-(4*R*)-4,5-dihydroxy-L-isoleucyl-L-tryptophylglycyl-L-isoleucylglycyl-L-cystein]-*C*^{4,1}-yl]amino)methyl]anilino}propan-2-yl]amino]butan-2-yl]amino]-3-oxopropyl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl

tismanitine

(3*RS*)-1-(3-[[[(2*S*)-3-méthyl-1-oxo-1-[[[(2*S*)-1-oxo-1-{4-[[{1,8-anhydro:*C*^{2,4},*S*^{3,8}-cyclo[α -aspartyl-(4*R*)-4-hydroxy-L-prolyl-(4*R*)-4,5-dihydroxy-L-isoleucyl-L-tryptophylglycyl-L-isoleucylglycyl-L-cystéin]-*C*^{4,1}-yl]amino)méthyl]anilino}propan-2-yl]amino]butan-2-yl]amino]-3-oxopropyl]-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle

tismanitina

(3*RS*)-1-(3-[[[(2*S*)-3-metil-1-oxo-1-[[[(2*S*)-1-oxo-1-{4-[[{1,8-anhidro:*C*^{2,4},*S*^{3,8}-ciclo[α -aspartil-(4*R*)-4-hidroxi-L-proliil-(4*R*)-4,5-dihidroxi-L-isoleucil-L-tryptofilglicil-L-isoleucilglicil-L-cistein]-*C*^{4,1}-il]amino)metil]anilino}propan-2-il]amino]butan-2-il]amino]-3-oxopropil]-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo

 $C_{61}H_{81}N_{14}O_{17}S$ **vixocianinum**

vixocianine

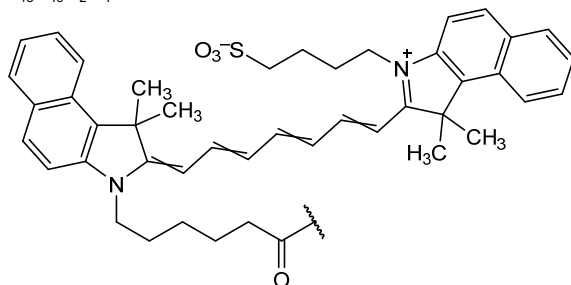
6-[[[2*E*]-2-[[[2*E*,4*E*,6*E*]-7-[1,1-dimethyl-3-(4-sulfonatobutyl)-1*H*-benzo[*e*]indol-3-ium-2-yl]hepta-2,4,6-trien-1-ylidene]-1,1-dimethyl-1,2-dihydro-3*H*-benzo[*e*]indol-3-yl]hexanoyl

vixocianine

6-[[[2*E*]-2-[[[2*E*,4*E*,6*E*]-7-[1,1-diméthyl-3-(4-sulfonatobutyl)-1*H*-benzo[*e*]indol-3-ium-2-yl]hepta-2,4,6-trién-1-ylidène]-1,1-diméthyl-1,2-dihydro-3*H*-benzo[*e*]indol-3-yl]hexanoyle

vixocianina

6-[(2 Ξ)-2-[(2 Ξ ,4 Ξ ,6 Ξ)-7-[1,1-dimetil-3-(4-sulfonatobutil)-1*H*-benzo[*e*]indol-3-ilo-2-il]hepta-2,4,6-trien-1-ilideno)-1,1-dimetil-1,2-dihidro-3*H*-benzo[*e*]indol-3-il]hexanoilo

C₄₅H₄₉N₂O₄S

zapixetanum

zapixetan

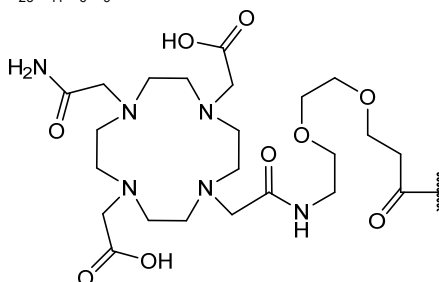
3-[2-(2-{2-[7-(2-amino-2-oxoethyl)-4,10-bis(carboxymethyl)-1,4,7,10-tetraazacyclododecan-1-yl]acetamido}ethoxy)ethoxy]propanoyl

zapixétan

3-[2-(2-{2-[7-(2-amino-2-oxoéthyl)-4,10-bis(carboxyméthyl)-1,4,7,10-tétraazacyclododécane-1-yl]acétamido}éthoxy)éthoxy]propanoyle

zapixetán

3-[2-(2-{2-[7-(2-amino-2-oxoetil)-4,10-bis(carboximetil)-1,4,7,10-tetraazaciclododecan-1-il]acetamido}etoxi)etoxi]propanoilo

C₂₃H₄₁N₆O₉

zotadirsenum

zotadirsén

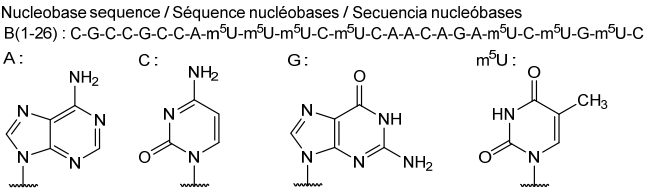
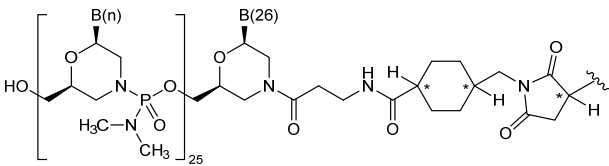
all-P-ambo-(3*RS*)-1-({*cis*- and/or *trans*-4-[(3-{[2',3'-azanediyl-*P*,2',3'-trideoxy-*P*-(dimethylamino)-2',3'-seco](2'-*N*→5')}(C-G-C-C-G-C-C-A-m⁵U-m⁵U-m⁵U-C-m⁵U-C-A-A-C-A-G-A-m⁵U-C-m⁵U-G-m⁵U-C)-*N*^{2',26'}-yl)-3-oxopropyl)carbamoil]cyclohexyl)methyl)-2,5-dioxopyrrolidin-3-yl

zotadirsén

tout-P-ambo-(3*RS*)-1-({*cis*- et/ou *trans*-4-[(3-{[2',3'-azanediyl-*P*,2',3'-tridésoxy-*P*-(diméthylamino)-2',3'-séco](2'-*N*→5')}(C-G-C-C-G-C-C-A-m⁵U-m⁵U-m⁵U-C-m⁵U-C-A-A-C-A-G-A-m⁵U-C-m⁵U-G-m⁵U-C)-*N*^{2',26'}-yl)-3-oxopropyl)carbamoil]cyclohexyl)méthyl)-2,5-dioxopyrrolidin-3-yle

zotadirsén

todo-P-ambo-(3*RS*)-1-({*cis*- y/o *trans*-4-[(3-{[2',3'-azanediil-*P*,2',3'-tridesoxi-*P*-(dimetilamino)-2',3'-seco](2'-*N*→5')}(C-G-C-C-G-C-C-A-m⁵U-m⁵U-m⁵U-C-m⁵U-C-A-A-C-A-G-A-m⁵U-C-m⁵U-G-m⁵U-C)-*N*^{2',26'}-il)-3-oxopropil)carbamoil]ciclohexil}metil)-2,5-dioxopirrolidin-3-ilo



AMENDMENTS TO PREVIOUS LISTS
MODIFICATIONS APPORTÉES AUX LISTES ANTÉRIEURES
MODIFICACIONES A LAS LISTAS ANTERIORES

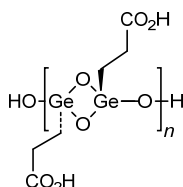
Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 65
Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 65
Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 65
(WHO Drug Information, Vol. 5, No. 2, 1991)

p.16 **propagermanium**
propagermanium *replace the chemical name and structure by the following ones*
propagermanium *remplacer le nom chimique et la structure par les suivants*
propagermanio *sustitúyase el nombre químico y la estructura por los siguientes*

α -hydroxy- ω -hydropoly{[*trans*-2,4-bis(2-carboxyethyl)-1,3,2,4-dioxadigermetane-2,4-diyl]oxy}

α -hydroxy- ω -hydropoly{[*trans*-2,4-bis(2-carboxyéthyl)-1,3,2,4-dioxadigermétane-2,4-diyl]oxy}

α -hidroxi- ω -hidropoli{[*trans*-2,4-bis(2-carboxietil)-1,3,2,4-dioxadigermetano-2,4-diil]oxi}



Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 120
Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 120
Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 120
(WHO Drug Information, Vol. 32, No. 4, 2018)

p.648- **teclistamabum #**
650 teclistamab *replace the chemical name by the following one*
teclistamab *remplacer la description par la suivante*
teclistamab *sustitúyase el nombre químico por el siguiente*

immunoglobulin G4-lambda, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF17 (TNF receptor superfamily member 17, tumor necrosis factor receptor superfamily, member 17, B cell maturation antigen, BCMA, BCM, TNFRSF13A, CD269)] and anti-[*Homo sapiens* CD3 epsilon (CD3E, Leu-4)], monoclonal antibody, bispecific; gamma4 heavy chain anti-TNFRSF17 (1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-39*01 (97.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) [10.7.13] (1-121) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10, G4v4 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 (122-219), hinge S10>P (229) (220-231), CH2 L92 (310), F1.3>A (235), L1.2>A (236) (232-341), CH3 (342-446), CHS (447-448)) (122-448)], (135-213')-disulfide with lambda light chain anti-TNFRSF17 (1'-214') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV3-21*02 (96.9%) -IGLJ2*01 (100.0%)) [6.3.11] (1'-108') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (99.1%) A43>G (152) (109'-214')]; gamma4 heavy chain anti-CD3E (1"-452") [VH (*Mus musculus* IGHV10-1*02 (89.8%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (93.3%))/*Homo sapiens*

IGHV3-72*01 (88.0%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%)) [8.10.16] (1"-125") -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10, G4v4 CH2 A1.3, A1.2, G4v10 CH3 F85.1, K88 (CH1 (126-223), hinge S10>P (233) (224-235), CH2 L92 (314), F1.3>A (239), L1.2>A (240) (236-345), CH3 F85.1>L (410), R88>K (414) (346-450), CHS (451-452)) (126"-452")), (139"-214")-disulfide with lambda light chain anti-CD3 (1"-215")) [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV7-43*01 (81.9%) -IGLJ3*02 (100%)) [9.3.9] (1"-109")) -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (110"-215")); dimer (231-227':234"-230")-bisdisulfide

immunoglobuline G4-lambda, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF17 (membre 17 de la superfamille des récepteurs du TNF, membre 17 de la superfamille des récepteurs du facteur de nécrose tumorale, antigène de maturation de cellule B, BCMA, BCM, TNFRSF13A, CD269)] et anti-[*Homo sapiens* CD3 epsilon (CD3E, Leu-4)], anticorps monoclonal, bispécifique; chaîne lourde gamma4 anti-TNFRSF17(1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-39*01 (97.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) [10.7.13] (1-121) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10, G4v4 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 (122-219), charnière S10>P (229) (220-231), CH2 L92 (310), F1.3>A (235), L1.2>A (236) (232-341), CH3 (342-446), CHS (447-448)) (122-448)], (135-213')-disulfure avec la chaîne légère lambda anti-TNFRSF17 (1'-214') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV3-21*02 (96.9%) -IGLJ2*01 (100.0%)) [6.3.11] (1'-108') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (99.1%) A43>G (152) (109'-214')]; chaîne lourde gamma4 anti-CD3E (1"-452") [VH (*Mus musculus* IGHV10-1*02 (89.8%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (93.3%)/*Homo sapiens* IGHV3-72*01 (88.0%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%)) [8.10.16] (1"-125") -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10, G4v4 CH2 A1.3, A1.2, G4v10 CH3 F85.1, K88 (CH1 (126-223), charnière S10>P (233) (224-235), CH2 L92 (314), F1.3>A (239), L1.2>A (240) (236-345), CH3 F85.1>L (410), R88>K (414) (346-450), CHS (451-452)) (126"-452")), (139"-214")-disulfure avec la chaîne légère lambda anti-CD3 (1"-215")) [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV7-43*01 (81.9%) -IGLJ3*02 (100%)) [9.3.9] (1"-109")) -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (110"-215")); dimère (227-231":230-234")-bisdisulfure

immunoglobulina G4-lambda, anti-[*Homo sapiens* TNFRSF17 (miembro 17 de la superfamilia de los receptores del TNF, miembro 17 de la superfamilia de los receptores del factor de necrosis tumoral, antígeno de maduración de la célula B, BCMA, BCM, TNFRSF13A, CD269)] y anti-[*Homo sapiens* CD3 épsilon (CD3E, Leu-4)], anticuerpo monoclonal, biespecífico; cadena pesada gamma4 anti-TNFRSF17(1-448) [VH (*Homo sapiens* IGHV4-39*01 (97.0%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%)) [10.7.13] (1-121) -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10, G4v4 CH2 A1.3, A1.2 (CH1 (122-219), bisagra S10>P (229) (220-231), CH2 L92 (310), F1.3>A (235), L1.2>A (236) (232-341), CH3 (342-446), CHS (447-448)) (122-448)], (135-213')-disulfuro con la cadena ligera lambda anti- TNFRSF17 (1'-214') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV3-21*02 (96.9%) -IGLJ2*01 (100.0%)) [6.3.11] (1'-108') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (99.1%) A43>G (152) (109'-214')]; cadena pesada gamma4 anti-CD3E (1"-452") [VH (*Mus musculus* IGHV10-1*02 (89.8%) -(IGHD) -IGHJ3*01 (93.3%)/*Homo sapiens* IGHV3-72*01 (88.0%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%)) [8.10.16] (1"-125") -*Homo sapiens* IGHG4*01, nG4m(a) CH2 L92, G4v5 h P10, G4v4 CH2 A1.3, A1.2, G4v10 CH3 F85.1,

K88 (CH1 (126-223), bisagra S10>P (233) (224-235), CH2 L92 (314), F1.3>A (239), L1.2>A (240) (236-345), CH3 F85.1>L (410), R88>K (414) (346-450), CHS (451-452)) (126'-452''), (139''-214'')-disulfuro con la cadena ligera lambda anti-CD3 (1'''-215''') [V-LAMBDA (*Homo sapiens* IGLV7-43*01 (81.9%) - IGLJ3*02 (100%)) [9.3.9] (1'''-109''') -*Homo sapiens* IGLC2*01 (100%) (110'''-215''')]; dímero (227-231'':230-234'')-bisdisulfuro

Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 126

Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 126

Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 126

(WHO Drug Information, Vol. 35, No. 4, 2021)

p.1101- **visugromabum #**

1102 visugromab

visugromab

visugromab

replace the chemical name by the following one

remplacer la description par la suivante

sustitúyase la descripción por la siguiente

immunoglobulin G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* GDF15 (growth differentiation factor 15, PLAB, MIC-1, PDF, MIC1, NAG-1, PTGFB)], monoclonal antibody; gamma4 heavy chain (1-444) [VH (*Homo sapiens* IGHV2-5*02 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [10.7.10] (26-35.53-59.98-107)) (1-118)-*Homo sapiens* IGHG4*01, G4v5 h P10 (CH1 (119-216), hinge 1-12 S10>P (226) (217-228), CH2 (229-338), CH3 (339-443), CHS K2>del (444)) (119-444)], (132'-214')-disulfide with kappa light chain (1'-214') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV6-15*01 (82.1%) - IGKJ2*01 (100%)/*Homo sapiens* IGKV1-9*01 (76.8%) -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 (224-224'':227-227'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1SV lacking the glutamine synthetase (GS-KO) gene, glycoform alfa

immunoglobuline G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* GDF15 (facteur 15 de croissance et de différenciation, PLAB, MIC-1, PDF, MIC1, NAG-1, PTGFB)], anticorps monoclonal; chaîne lourde gamma4 (1-444) [VH (*Homo sapiens* IGHV2-5*02 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [10.7.10] (26-35.53-59.98-107)) (1-118)-*Homo sapiens* IGHG4*01, G4v5 h P10 (CH1 (119-216), charnière 1-12 S10>P (226) (217-228), CH2 (229-338), CH3 (339-443), CHS K2>del (444)) (119-444)], (132'-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa (1'-214') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV6-15*01 (82.1%) - IGKJ2*01 (100%)/*Homo sapiens* IGKV1-9*01 (76.8%) -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 (224-224'':227-227'')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1SV ne présentant pas le gène de la glutamine synthétase (GS-KO), glycoforme alfa

immunoglobulina G4-kappa, anti-[*Homo sapiens* GDF15 (factor 15 de crecimiento y de diferenciación, PLAB, MIC-1, PDF, MIC1, NAG-1, PTGFB)], anticuerpo monoclonal; cadena pesada gamma4 (1-444) [VH (*Homo sapiens* IGHV2-5*02 (92.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [10.7.10] (26-35.53-59.98-107)) (1-118) -*Homo sapiens* IGHG4*01, G4v5 h

P10 (CH1 (119-216), bisagra 1-12 S10>P (226) (217-228), CH2 (229-338), CH3 (339-443), CHS K2>del (444)) (119-444)], (**132**-214')-disulfuro con la cadena ligera kappa (1'-214') [V-KAPPA Musmus/Homsap (*Mus musculus* IGKV6-15*01 (82.1%) - IGKJ2*01 (100%)/*Homo sapiens* IGKV1-9*01 (76.8%) -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 (224-224":227-227")-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

Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 129
Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 129
Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 129
(WHO Drug Information, Vol. 37, No. 2, 2023)

p.322-333	alisvetcelum alisvetcel alisvetcel alisvetcel	<i>replace the description by the following one</i> <i>remplacer la description par la suivante</i> <i>sustitúyase la descripción por la siguiente</i>
EN, lines 10-12		The final cells have a cobblestone morphology, express cellular surface markers CD90 (≥95%) and CD44 (≥85%) and are negative for MHC class II expression (≤2%).
FR, lignes 11-14		Les cellules finales ont une morphologie en forme de pavé, expriment les marqueurs de surface cellulaire CD90 (≥95%) et CD44 (≥85%) et sont négatives pour l'expression du CMH de classe II (≤2%).
ES, líneas 11-13		Las células finales tienen una morfología de empedrado, expresan los marcadores de superficie CD90 (≥95%) y CD44 (≥85%) y son negativas para MHC de clase II (≤2%).
p.397	latovetcelum latovetcel latovetcel latovetcel	<i>replace the description by the following one</i> <i>remplacer la description par la suivante</i> <i>sustitúyase la descripción por la siguiente</i>
EN, lines 1-12		equine xenogeneic 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 CD44 (≥85%) and absence of MHC class II expression (≤2%).
FR, lignes 1-13		cellules souches/stromales mésenchymateuses (CSM) xénogéniques équines 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 fœtal (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 CD44 (≥85%) et l'absence d'expression du CMH de

classe II ($\leq 2\%$).

ES, líneas 1-13

células madre/estromales mesenquimales (MSC) equinas, **xenogénicas**, 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 **estrado** y por la expresión de los marcadores de superficie CD90 ($\geq 95\%$) y **CD44** ($\geq 85\%$) y ausencia de expresión de MHC de clase II ($\leq 2\%$).

p.441
442

rapirosiranum

rapirosiran

rapirosiran

rapirosirán

replace the chemical name and structure by the following ones
remplacer le nom chimique et la structure par les suivants
sustitúvase el nombre químico y la estructura por los siguientes

[(2S,4R)-1-(1-[(2-acetamido-2-deoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]-16,16-bis({3-[(3-[5-[(2-acetamido-2-deoxy-β-D-galactopyranosyl)oxy]pentanamido)propyl]amino]-3-oxopropyl)methyl)-5,11,18-trioxo-14-oxa-6,10,17-triazanonecosan-29-oyl)-4-hydroxypyrrolidin-2-yl)methyl hydrogen *all-P-ambo*-2'-O-methyl-*P*-thiadenylyl-(3'→5')-2'-O-methyl-*P*-thiouridylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluorouridylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroguanlylyl-(3'→5')-2'-**desoxy-2'-fluorocytidylyl**-(3'→5')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylylate duplex with *all-P-ambo*-2'-O-methyl-*P*-thiocytidylyl-(5'→3')-2'-O-methyl-*P*-thiouridylyl-(5'→3')-2'-O-methyluridylyl-(5'→3')-2'-O-methyladenylyl-(5'→3')-2'-O-methylcytidylyl-(5'→3')-2'-O-methylguanylyl-(5'→3')-2'-O-methyladenylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(5'→3')-2'-O-methyladenylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoroadenylyl-(5'→3')-2'-O-methylcytidylyl-(5'→3')-2'-O-methylguanylyl-(5'→3')-2'-O-methyluridylyl-(5'→3')-2'-O-methyladenylyl-(5'→3')-2'-O-methylcytidylyl-(5'→3')-2'-O-methylcytidylyl-(5'→2')-1-de-β-D-ribofuranosyl-1-[(2S,2,3-dihydroxypropyl)-5-methyluridylyl-(3'→3')-2'-O-methylguanylyl-(5'→3')-2'-O-methyladenylyl-(5'→3')-2'-O-methyluridylyl-(5'→3')-2'-O-methyl-*P*-thiadenylyl-(5'→3')-2'-deoxy-2'-fluoro-*P*-thioguanlylyl-(5'→3')-2'-O-methyladenosine

tot-*P-ambo*-2'-*O*-méthyl-*P*-thioadénylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyl-*P*-thiouridyl-(3'→5')-2'-*O*-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyluridyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyluridyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluorouridyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyluridyl-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroguanlyl-(3'→5')-2'-**désoxy-2'-fluorocytidyl**-(3'→5')-2'-désoxy-2'-fluoroadényl-(3'→5')-2'-*O*-méthyluridyl-(3'→5')-2'-*O*-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyluridyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-*O*-méthyluridyl-(3'→5')-2'-*O*-méthylcytidyl-(3'→5')-hydrogéné-2'-*O*-méthyluridylylate de [(2*S*,4*R*)-1-(1-[(2-acétamido-2-désoxy-β-*D*-galactopyranosyl)oxy]-16,16-bis-{3-[(3-5-[(2-acétamido-2-désoxy-β-

D-galactopyranosyl)oxy]pentanamido}propyl)amino]-3-oxopropyl)méthyl]-5,11,18-trioxo-14-oxa-6,10,17-triazanonacosan-29-oyl)-4-hydroxypyrrolidin-2-yl]méthyle duplex avec *tout-P-ambo-2'-O-méthyl-P-thiocytidylyl-(5'→3')-2'-O-méthyl-P-thiouridylyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridylyl-(5'→3')-2'-O-méthyladénylyl-(5'→3')-2'-O-méthylcytidylyl-(5'→3')-2'-O-méthylguanylyl-(5'→3')-2'-O-méthyladénylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoroadénylyl-(5'→3')-2'-O-méthyladénylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoroadénylyl-(5'→3')-2'-O-méthylcytidylyl-(5'→3')-2'-O-méthylguanylyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridylyl-(5'→3')-2'-O-méthyladénylyl-(5'→3')-2'-O-méthylcytidylyl-(5'→3')-2'-O-méthylcytidylyl-(5'→2')-1-dé-β-D-ribofuranosyl-1-[(2S)-2,3-dihydroxypropyl]-5-méthyluridylyl-(3'→3')-2'-O-méthylguanylyl-(5'→3')-2'-O-méthyladénylyl-(5'→3')-2'-O-méthyluridylyl-(5'→3')-2'-O-méthyl-P-thioadénylyl-(5'→3')-2'-désoxy-2'-fluoro-P-thioguanilyl-(5'→3')-2'-O-méthyladénosine*

todo-P-ambo-2'-O-metil-P-tioadenilil-(3'→5')-2'-O-metil-P-tiouridilil-(3'→5')-2'-O-metilguaniilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorouridilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroguanilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluorocitidilil-(3'→5')-2'-desoxi-2'-fluoroadenilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metilguaniilil-(3'→5')-2'-O-metilguaniilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-hidrógeno-2'-O-metiluridilato de [(2S,4R)-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-oyl)-4-hidroxipirrolidin-2-il]metilo

dúplex con *todo-P-ambo-2'-O-metil-P-tiocitidilil-(5'→3')-2'-O-metil-P-tiouridilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-2'-O-metiladenilil-(5'→3')-2'-O-metilcitidilil-(5'→3')-2'-O-metilguaniilil-(5'→3')-2'-O-metiladenilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluoroadenilil-(5'→3')-2'-O-metiladenilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluoroadenilil-(5'→3')-2'-O-metilcitidilil-(5'→3')-2'-O-metilguaniilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-2'-O-metiladenilil-(5'→3')-2'-O-metilcitidilil-(5'→2')-1-des-β-D-ribofuranosil-1-[(2S)-2,3-dihidroxiopropil]-5-metiluridilil-(3'→3')-2'-O-metilguaniilil-(5'→3')-2'-O-metiladenilil-(5'→3')-2'-O-metiluridilil-(5'→3')-2'-O-metil-P-tioadenilil-(5'→3')-2'-desoxi-2'-fluoro-P-tioguanilil-(5'→3')-2'-O-metiladenosina*

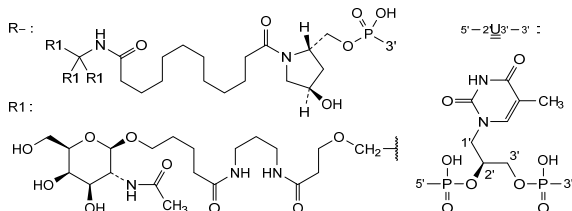
(3'→5')A=U-G-C-U-U-U-U-G-G-A-U-G-G-A-C-U-A-U-C-U-R
(5'→3')C=U-U-A-C-G-A-A-A-C-G-U-A-C-C-U-G-A-U-A-G=A

N : A,C,G,U

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

N : 2'-desoxy-2'-fluoro-N / 2'-desoxy-2'-fluoro-N / 2'-desoxi-2'-fluoro-N

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



p.399	<i>delete/supprimer/suprimáse</i> limantrafinum limantrafin limantrafine limantrafina	<i>insert/insérer/insertese</i> limatracinum limatracint limatracint limatracint
p.473	<i>delete/supprimer/suprimáse</i> sutidiazinum sutidiazine sutidiazine sutidiazina	<i>insert/insérer/insertese</i> zintrodiazinum zintrodiazine zintrodiazine zintrodiazina
p.474	<i>delete/supprimer/suprimáse</i> tagtociclibum tagtociclib tagtociclib tagtociclib	<i>insert/insérer/insertese</i> tegtociclibum tegtociclib tegtociclib tegtociclib
p.476-477	tesrivetcelum tesrivetcel tesrivetcel tesrivetcel	<i>replace the description by the following one</i> <i>remplacer la description par la suivante</i> <i>reemplázase la descripción por la siguiente</i>
EN, lines 9-12	The final cells are characterized by their stretched spindle shaped morphology, and by expression of the cellular surface markers CD90 (≥95%) and CD44 (≥85%) and absence of MHC class II expression (≤2%).	
FR, lignes 11-14	Les cellules finales sont caractérisées par leur morphologie fusiforme étirée, et par l'expression des marqueurs de surface cellulaire CD90 (≥95%) et CD44 (≥85%) et l'absence d'expression du CMH de classe II (≤2%).	
ES, líneas 11-14	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 CD44 (≥85%) y ausencia de expresión de MHC de clase II (≤2%).	

Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 129 - COVID-19 (special edition)

Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 129 - COVID-19 (édition spéciale)

Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 129 - COVID-19 (edición especial)

(WHO Drug Information, Vol. 37, No. 2, 2023)

p.527-528	pemivibartum # pemivibart pémivibart pemivibart	<i>replace the chemical name and structure by the following ones</i> <i>remplacer la description et la structure par les suivantes</i> <i>reemplázase el nombre químico y la estructura por los siguientes</i>
	immunoglobulin G1-lambda2, anti-[severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) spike (S) protein, receptor binding domain (RBD)], <i>Homo sapiens</i> 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

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%), 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

immunoglobulina 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 LVKPGGSLRL SCAASGFTFG SYEMNWVRQA PGKGLEWVSS 50
ISEDGYSTYY PDSLKGRFTI SRDSAKNSLY LQMNSLRADD TAVYYCARD 100
GGDTAWAGTG FTYWGQGTIV TVSSASTKGP SVFPLAPSSK STSGGTAALG 150
CLVVDYFPEP VIVSWNSGAL TSGVHTFPAV LQSSGLYSLS SVTVFPSSSL 200
GTQTYICNVN HKPSNTKVDK RVEPKSCDKT HTCPPCPAPE LLGGPSVFLF 250
PPKPKDTLMI SRTPEVTKCVV VDVSHEDPEV KFNWYVDGVE VHNAKTKPRE 300
EQYNSTYRVV SVLTVLHQDW LNKKEYKCKV SNKALPAPIE KTISKAKGQP 350
REPQVYTLPP SREEMTKNQV SLTCLVKGFY PSDIAVEWES NQGPENNYKT 400
TPPVLDSGGS FFLYSKLTVD KSRWQQGNVF SCSVLHEALH AHYTKQSLSL 450
SPGK 454

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
QSVLTQPPSV SGAPGQRITI SCTGSSSNIG AGYDVHWYQQ LPGTAPKLLI 50
YGSSSRN~~Y~~GV PDRFSGSKSG TSASLAITGL QAEDADYYC QSYD~~SL~~GL 100
YTFGTGKTVT VLGQPKAAPS VTLFPSSSEE LQANKATLVC LISDFYPGAV 150
TVAWKADSSP VKAGVETTP SKQSNKYAA SSVLSLTPEQ WKSHRYSQC 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-oxoprolyl) / pyroglutamide (pE, 5-oxoprolyle) / 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 biantenarios complejos fucosilados

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

Proposed International Nonproprietary Names (Prop. INN): List 130
Dénominations communes internationales proposées (DCI Prop.): Liste 130
Denominaciones Comunes Internacionales Propuestas (DCI Prop.): Lista 130
(WHO Drug Information, Vol. 37, No. 4, 2023)

p.965-	albipagrastimum alfa #	
966	albipagrastim alfa	<i>replace the chemical name and structure by the following ones</i>
	albipagrastim alfa	<i>remplacer la description et la structure par les suivantes</i>
	albipagrastim alfa	<i>sustitúyase el nombre químico y la estructura por los siguientes</i>

human serum albumin (1-585 in the current sequence) fused to human granulocyte colony-stimulating factor (**P09919-2**) [T¹>A⁵⁸⁶, ³LGP⁵>⁵⁸⁸TYR⁵⁹⁰, C¹²>S⁶⁰²]-variant (**1-174**, 586-759 in the current sequence), produced in *Pichia pastoris* (**Komagataella phaffii**), glycoform alfa

albumine sérique humaine (1-585 dans la séquence actuelle) fusionnée au facteur de stimulation des colonies de granulocytes humains (**P09919-2**) [T¹>A⁵⁸⁶, ³LGP⁵>⁵⁸⁸TYR⁵⁹⁰, C¹²>S⁶⁰²]-variant (**1-174**, 586-759 dans la séquence actuelle), produit chez *Pichia pastoris* (**Komagataella phaffii**), glycoforme alfa

albúmina sérica humana (1-585 en la secuencia actual) fusionada al factor estimulador de colonias del granulocito humano (**P09919-2**) [T¹>A⁵⁸⁶, ³LGP⁵>⁵⁸⁸TYR⁵⁹⁰, C¹²>S⁶⁰²]-variante (**1-174**, 586-759 en la secuencia actual), producido en *Pichia pastoris* (**Komagataella phaffii**), glicoforma alfa

Mutations

Mutations / Mutations / Mutaciones
 T¹>A⁵⁸⁶, ³LGP⁵>⁵⁸⁸TYR⁵⁹⁰, C¹⁷>S⁶⁰²

p.972-973

delete/supprimer/suprimase
amulirafusp alfa

insert/insérer/insertese
amulirafuspum alfa

amulirafusp alfa
 amulirafusp alfa
 amulirafusp alfa

amend the structure at disulfide bridges location
corriger la structure pour les positions des ponts disulfure
sustitúyase la estructura por la posiciónes de los puentes disulfuro

Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
 Intra SIRPα heavy chain: 25-91, 165-239, 291-347, 408-468, 514-572,
 25"-91", 165"-239", 291"-347", 408"-468", 514"-572"
 Intra light chain: 23"-87", 133"-193"; 23'''-87''', 133'''-193'''
 Inter light chain-SIRPα heavy chain: 213"-367"; 213'''-367'''
 Inter SIRPα heavy chain: 373-373'', 376-376''

p.988-990

bexatamigum #
 bexatamig
 bexatamig
 bexatamig

replace the description by the following one
remplacer la description par la suivante
sustitúyase la descripción por la siguiente

immunoglobulin (H-gamma1-VH-G1CH1h L-kappa)_L-kappa-G1hCH2CH3, anti-[*Homo sapiens* IL3RA (interleukin 3 receptor subunit alpha, interleukin 3 receptor alpha (low affinity), CD123)] and anti-[*Homo sapiens* NCR1 (natural cytotoxicity triggering receptor 1, NKP46, NKp46, NK cell-activating receptor, LY94, CD335)], humanized monoclonal antibody, bispecific; [H-gamma1-VH-G1CH1h chain anti-IL3RA and anti-NCR1 humanized (1-**681**) [H-gamma1 anti-IL3RA [VH (*Homo sapiens* IGHV5-10-1*04 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) T123>M (115), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%), G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (217) (121-218), hinge 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 (344-448), CHS K2>del (449) (121-449))] -4-mer-seryl-threonyl-glycyl-seryl linker (450-453) -VH-G1CH1h anti-NCR1 humanized (454-681) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*08 (83.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) L123>T (568), CDR-IMGT [8.8.13] (479-486.504-511.**550**-562)) (454-573) -IGHG1*03 CH1-h (100%), G1m3 CH1 R120 (CH1 R120 (670) (574-671), hinge 1-10 (672-681)) (574-681)]; (676-214')-disulfide with L-kappa light chain anti-NCR1 humanized (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*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')]; (223-220":229-226":232-229")-trisdysulfide with the L-kappa-G1hCH2CH3 chain anti-IL3RA humanized (1-447") [L-kappa anti-IL3RA (1"-220") [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (90.1%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.9] (27"-38".56"-58".95"-103")) (1"-113") -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 A45.1 (159"), V101 (197") (114"-220")] -G1hCH2CH3 (221"-447") [*Homo sapiens* IGHG1*03 h-CH2-CH3-CHS (100%), nG1m1 CH3 E12, M14 (hinge 6-15 (221"-230"), CH2 (231"-340"), CH3 E12 (356"), M14 (358") (341"-445"), CHS (446"-447")]]], produced in a cell line from Chinese hamster ovary (CHO) cells, derived from the cell line CHO-DXB11, glycoform alfa

immunoglobuline (H-gamma1-VH-G1CH1h_L-kappa)_L-kappa-G1hCH2CH3, anti-[*Homo sapiens* IL3RA (sous-unité alpha du récepteur de l'interleukine 3, récepteur alpha (faible affinité) de l'interleukine 3, CD123)] et anti-[*Homo sapiens* NCR1 (récepteur 1 déclenchant la cytotoxicité naturelle, NKp46, NKp46, récepteur d'activation des cellules NK, LY94, CD335)], anticorps monoclonal humanisé, bispécifique;

[chaîne H-gamma1-VH-G1CH1h anti-IL3RA and anti-NCR1 humanisée (1-**681**) [H-gamma1 anti-IL3RA [VH (*Homo sapiens* IGHV5-10-1*04 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) T123>M (115), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%), G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (217) (121-218), charnière 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 (344-448), CHS K2>del (449) (121-449))] -4-mer-séryl-thréonil-glycyl-séryl linker (450-453) -VH-G1CH1h anti-NCR1 humanisé (454-681) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*08 (83.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) L123>T (568), CDR-IMGT [8.8.13] (479-486.504-511.**550**-562)) (454-573) -IGHG1*03 CH1-h (100%), G1m3 CH1 R120 (CH1 R120 (670) (574-671), charnière 1-10 (672-681)) (574-681)]; (676-214')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa anti-NCR1 humanisée (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*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')]; (223-220":229-226":232-229")-trisdysulfure avec la chaîne L-kappa-G1hCH2CH3 anti-IL3RA humanisée (1-447") [L-kappa anti-IL3RA (1"-220") [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV4-1*01 (90.1%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.9] (27"-38".56"-58".95"-103")) (1"-113") -*Homo sapiens* IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 A45.1 (159"), V101 (197") (114"-220")] -G1hCH2CH3 (221"-447") [*Homo sapiens* IGHG1*03 h-CH2-CH3-CHS (100%), nG1m1 CH3 E12, M14 (charnière 6-15 (221"-230"), CH2 (231"-340"), CH3 E12 (356"), M14 (358") (341"-445"), CHS (446"-447"))]]], produit dans une lignée cellulaire des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), dérivant de la lignée cellulaire CHO-DXB11, glycoforme alfa

inmunoglobulina (H-gamma1-VH-G1CH1h_L-kappa)_L-kappa-G1hCH2CH3, anti-[*Homo sapiens* IL3RA (subunidad alfa del receptor de la interleukina 3, receptor alfa (baja afinidad) de la interleukina 3, CD123)] y anti-[*Homo sapiens* NCR1 (receptor 1 desencadenante de la citotoxicidad natural, NKp46, NKp46, receptor de la activación de las células NK, LY94, CD335)], anticuerpo monoclonal humanizado, biespecífico;

[cadena H-gamma1-VH-G1CH1h anti-IL3RA y anti-NCR1 humanizada (1-**681**) [H-gamma1 anti-IL3RA [VH (*Homo sapiens* IGHV5-10-1*04 (82.7%) -(IGHD) -IGHJ6*01 (90.9%) T123>M (115), CDR-IMGT [8.8.13] (26-33.51-58.97-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (100%), G1m3, nG1m1 CH1 R120, CH3 E12, M14 (CH1 R120 (217) (121-218), bisagra 1-15 (219-233), CH2 (234-343), CH3 (344-448), CHS K2>del (449) (121-449))] -4-mer-seril-treonil-glicil-seril enlace (450-453) -VH-G1CH1h anti-NCR1 humanizado (454-681) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-69*08 (83.7%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (92.3%) L123>T (568), CDR-IMGT [8.8.13] (479-486.504-511.**550**-562)) (454-573) -IGHG1*03 CH1-h (100%), G1m3 CH1 R120 (CH1 R120 (670) (574-671), bisagra 1-10 (672-681)) (574-681)]; (676-214')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa anti-NCR1 humanizada (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-33*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')]; (223-220"-229-226"-232-229")-trisdисульфuro con la cadena L-kappa-G1hCH2CH3 anti-IL3RA humanizada (1-447") [L-kappa anti-IL3RA (1"-220") [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV4-1*01 (90.1%) -IGKJ2*01 (100%), CDR-IMGT [12.3.9] (27"-38".56"-58".95"-103'')) (1"-113'') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (100%), Km3 A45.1 A45.1 (159''), V101 (197'') (114"-220'')] -G1hCH2CH3 (221"-447'') [<i>Homo sapiens</i> IGHG1*03 h-CH2-CH3-CHS (100%), nG1m1 CH3 E12, M14 (bisagra 6-15 (221"-230''), CH2 (231"-340''), CH3 E12 (356''), M14 (358'') (341"-445''), CHS (446"-447'')]]], producido en una línea celular de las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular derivada de CHO-DXB11, forma glicosilada alfa	
p.1000	<i>delete/supprimer/suprimáse</i> camalprin alfa	<i>insert/insérer/insertese</i> camalprin<u>um</u> alfa
p.1006	<i>delete/supprimer/suprimáse</i> copper (⁶⁴Cu) adarulatidum tetraxetanum	<i>insert/insérer/insertese</i> <u>cuprum</u> (⁶⁴Cu) adarulatidum tetraxetanum
p.1043	<i>supprimer</i> gildeuretinol	<i>insérer</i> gildeur <u>é</u> tinol
p.1020-1021	ebribafuspum alfa # ebribafusp alfa ébribafusp alfa ebribafusp alfa	<i>amend the description and structure as follows</i> <i>corriger la description et la structure comme suit</i> <i>modificar las descripción y estructura de la siguiente manera</i>
EN, lines 9-10	fragment 1-305 (448-752 in the current sequence, containing the first five consensus repeat Sushi domains, residues 1-304 , plus the adjacent K ³⁰⁵), ...	
FR, lignes 10-12	1-305 du facteur H du complément humain (448-752 dans la séquence actuelle), contenant les cinq premiers domaines Sushi à répétition consensuelle, résidus 1-304 , plus le K ³⁰⁵ adjacent), ...	
ES, líneas 10-12	fragmento del factor H del complemento humano 1-305 (448-752 en la secuencia actual, que contiene los primeros cinco dominios de repetición consensuada Sushi, residuos 1-304 , además del adyacente K ³⁰⁵), (125-...	
Disulfide bridges location	Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro Intra IgG4 heavy chain: 22-96, 138-194, 252-312, 358-416, 22"-96", 138"-194", 252"-312", 358"-416" Intra Factor H: 450-495, 481-509, 514-558, 543-570, 575-621, 607-634, 639-680, 666-691, 696-738, 723-749, 450"-495", 481"-509", 514"-558", 543"-570", 575"-621", 607"-634", 639"-680", 666"-691", 696"-738", 723"-749" Intra IgG4 light chain: 23'-93', 139'-199', 23'''-93''', 139'''-199''' Inter IgG4 heavy-light chain: 125-219', 125"-129" Inter IgG4 heavy-heavy chain: 217-217'', 220-220''	
p.1023	efparepoetinum alfa # efparepoetin alfa efparépoétine alfa efparepoetina alfa	<i>replace the description by the following one</i> <i>remplacer la description par la suivante</i> <i>sustitúyase la descripción por la siguiente</i> human erythropoietin [R¹⁶⁶>del]-variant (1-165 in the current sequence) fused via peptide linker ¹⁶⁶ GSGGGSGGGSGGGGS ¹⁸¹ to a Fc fragment of

immunoglobulin G2 (182-407) [*Homo sapiens*IGHG1*01 (hinge N-terminal EPKSC deleted (182-191)), *Homo sapiens*IGHG2*01 (CH2 P²⁹¹>S (192-300), CH3 (301-405), CHS (406-407))]; dimer (187-187', 190-190')-bisdisulfide, produced in Chinese ovary hamster (CHO) cells, glycoform alfa

[R¹⁶⁶>del]-variant de l'érythropoïétine humaine (1-165 dans la séquence actuelle) fusionné, via un peptide liant ¹⁶⁶GSGGGSGGGSGGGGS¹⁸¹, à un fragment Fc de l'immunoglobuline G2 (182-407) [*Homo sapiens*IGHG1*01 (charnière N-terminale EPKSC supprimée (182-191)), *Homo sapiens*IGHG2*01 (CH2 P²⁹¹>S (192-300), CH3 (301-405), CHS (406-407))]; dimère (187-187', 190-190')-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), glycoforme alfa

[R¹⁶⁶>del]-variante de la eritropoyetina humana (1-165 en la secuencia actual) fusionado a través de un enlace peptídico ¹⁶⁶GSGGGSGGGSGGGGS¹⁸¹ a un fragmento Fc de la inmunoglobulina G2 (182-407) [*Homo sapiens*IGHG1*01 (bisagra N-terminal EPKSC eliminada (182-191)), *Homo sapiens*IGHG2*01 (CH2 P²⁹¹>S (192-300), CH3 (301-405), CHS (406-407))]; dímero (187-187', 190-190')-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), glicoforma alfa

p.1033 **epsametostatium**

epsametostat

replace the chemical name, the CAS RN and structure by the following ones

epsamétostat

remplacer le nom chimique, le numéro de registre du CAS et la structure par les suivants

epsametostat

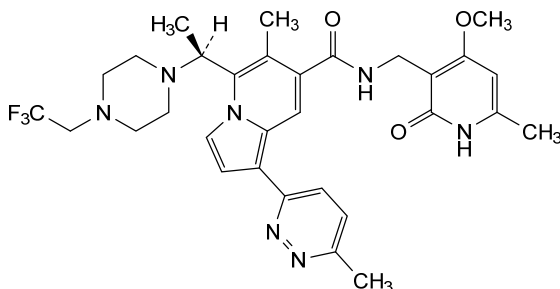
sustitúyase el nombre químico, el número del registro del CAS y la estructura por los siguientes

N-[(4-methoxy-6-methyl-2-oxo-1,2-dihydropyridin-3-yl)methyl]-6-methyl-1-(6-methylpyridazin-3-yl)-5-[(1*S*)-1-[4-(2,2,2-trifluoroethyl)piperazin-1-yl]ethyl]indolizine-7-carboxamide

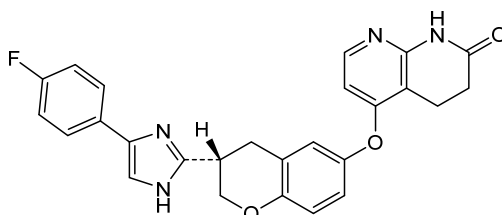
N-[(4-méthoxy-6-méthyl-2-oxo-1,2-dihydropyridin-3-yl)méthyl]-6-méthyl-1-(6-méthylpyridazin-3-yl)-5-[(1*S*)-1-[4-(2,2,2-trifluoroéthyl)pipérazin-1-yl]éthyl]indolizine-7-carboxamide

6-metil-*N*-[(6-metil-4-metoxi-2-oxo-1,2-dihidropiridin-3-il)metil]-1-(6-metilpiridazin-3-il)-5-[(1*S*)-1-[4-(2,2,2-trifluoroetil)piperazin-1-il]etil]indolizina-7-carboxamida

2202678-05-3

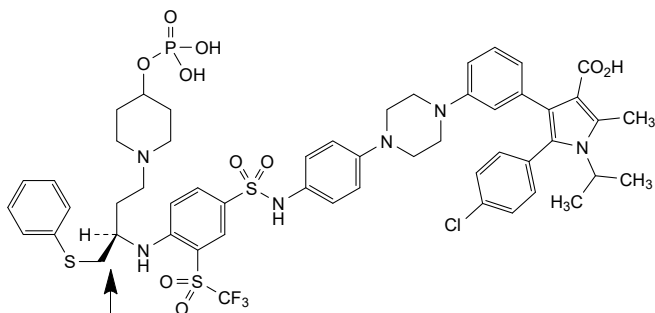


p.1033-1035	<i>delete/supprimer/suprimáse</i> etakafusp alfa #	<i>insert/insérer/insertese</i> etakafuspum alfa
etakafusp alfa etakafusp alfa etakafusp alfa	<i>amend the description and structure as follows</i> <i>corriger la description et la structure comme suit</i> <i>modificar las descripción y estructura de la siguiente manera</i>	
EN, lines 11-13	... (IL-2, T-cell growth factor (TCGF)), [H ¹⁶ >E ⁴⁸⁰ , R ³⁸ >E ⁵⁰² , F ⁴² >A ⁵⁰⁶ , C ¹²⁵ >A ⁵⁸⁹]-variant (1-133 , 465-597 in the current sequence), ...	
FR, lignes 11-14	... (IL-2, facteur de croissance des lymphocytes T (TCGF)), [H ¹⁶ >E ⁴⁸⁰ , R ³⁸ >E ⁵⁰² , F ⁴² >A ⁵⁰⁶ , C ¹²⁵ >A ⁵⁸⁹]-variant (1-133 , 465-597 dans la séquence actuelle), ...	
ES, líneas 11-14	... (IL-2, factor de crecimiento de células T (TCGF)), [H ¹⁶ >E ⁴⁸⁰ , R ³⁸ >E ⁵⁰² , F ⁴² >A ⁵⁰⁶ , C ¹²⁵ >A ⁵⁸⁹]-variante (1-133 , 465-597 en la secuencia actual),...	
Mutations	Mutations / Mutations / Mutaciones IgG1 heavy chain-IL-2: L ²³⁶ >A, L ²³⁷ >A, G ²³⁹ >A, S ³⁵⁶ >C, T ³⁶⁸ >S, L ³⁷⁰ >A, Y ⁴⁰⁹ >Y, K ⁴⁴⁹ >del, H ¹⁶ >E ⁴⁸⁰ , R ³⁸ >E ⁵⁰² , F ⁴² >A ⁵⁰⁶ , C ¹²⁵ >A ⁵⁸⁹ IgG1 heavy chain: L ²³⁶ >A, L ²³⁷ >A, G ²³⁹ >A, Y ³⁵¹ >C, T ³⁶⁸ >W	
Disulfide bridges location	Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro Intra IgG1 heavy chain-IL2: 22"-96, 146"-202, 263"-323, 369"-427, 522"-569 Intra IgG1 heavy chain: 22"-96", 146"-202", 263"-323", 369"-427" Intra IgG1 light chain: 23"-88", 134"-194", 233"-88", 134"-194" Inter IgG1 heavy chain-IL2-heavy chain: 228"-228", 231"-231", 356"-351" Inter IgG1 heavy chain-light chain: 222"-214", 222"-214"	
p.1038-1040	ficerafuspum alfa # ficerafusp alfa ficeráfusp alfa ficerafusp alfa	<i>amend the description and structure as follows</i> <i>corriger la description et la structure comme suit</i> <i>modificar las descripción y estructura de la siguiente manera</i>
EN, line 20	... II) extracellular domain fragment 1-137 (230-366 in ...	
FR, ligne 22	... 1-137 du domaine extracellulaire (230-366 dans la ...	
ES, línea 22	...fragmento de dominio extracelular 1-137 (230-366 en ...	
Oxidation sites	Oxidation sites / Sites d'oxydation / Posiciones de oxidación IgG1 heavy chain: M254, M254" IgG1 light chain-TGFBRII: M243', M243'''	
Deamidation sites	Deamidation sites / Sites de désamidation / Posiciones de desamidación IgG1 heavy chain: N386, N386"; IgG1 light chain-TGFBRII: N249', N249'''	
p.1041	flezurafenibum flezurafenib flézurafénib flezurafenib	<i>replace the structure by the following one</i> <i>remplacer la structure par la suivante</i> <i>sustitúyase la estructura por la siguiente</i>



p.1042 **foselutoclaxum**
 foselutoclax
 fosélutoclax
 foselutoclax

replace the structure by the following one
remplacer la structure par la suivante
sustitúyase la estructura por la siguiente



p.1048 **delete/supprimer/suprimáse** **insert/insérer/insertese**
icotrokinra~~um~~ **icotrokinrum**

p.1056 **invikafuspum alfa #**
 invikafusp alfa
 invikafusp alfa
 invikafusp alfa

replace the description by the following one
remplacer la description par la suivante
sustitúyase la descripción por la siguiente

humanized immunoglobulin G1-kappa anti-(human T cell receptor germline-encoded variable chain Vβ6/β10) monomer disulfide bridged to human interleukin 2 (IL-2, T-cell growth factor) (**C¹²⁵>A**)-**variant** fused via (G₄S)₂ peptide linker to immunoglobulin G1 Fc fragment, glycoform alfa;
 gamma 1 heavy chain (1-447) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-3*01 - (IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.10] (31-35.50-66.99-108)) (1-119) -*Homo sapiens*IGHG1*03 (CH1 (120-217), hinge (218-232), CH2 N²⁹⁹>A (233-342), CH3 Y³⁵¹>C, T³⁶⁸>S, L³⁷⁰>A, Y⁴⁰⁹>V (343-447), CHS G⁴⁴⁸>del, K⁴⁴⁹>del)) (120-447)], (222-214')-disulfide with kappa light chain (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens*IGKV1-9*01 - IGKJ2*01, CDR-Kabat [11.7.9] (24'-34'.50'-56'.89'-97')) (1'-107') - *Homo sapiens*IGKC*01 (108'-214'))]; (228-149":231:152":351:277")-trisdisulfide with human interleukin 2 (IL-2, T-cell growth factor) (**C¹²⁵>A**)-**variant (1-133)** fused via (G₄S)₂ peptide linker (134-143) to a Fc fragment of human immunoglobulin G1 (144-368) [*Homo sapiens*IGHG1*03, hinge N-terminal EPKSC deleted (144-153), CH2 N²²⁰>A (154-263), CH3 S²⁷⁷>C, T²⁸⁹>W (264-368), CHS G³⁶⁹>del, K³⁷⁰>del]; produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa

immunoglobuline G1-kappa humanisée anti-(chaîne variable Vβ6/β10 codée par la lignée germinale du récepteur de lymphocytes T humain) monomère à pont disulfure avec un (**C¹²⁵>A**)-**variant** d'interleukine 2 humaine (IL-2, facteur de croissance des lymphocytes T) fusionné, via un peptide liant (G₄S)₂, avec un fragment Fc de l'immunoglobuline G1, glycoforme alfa;
 chaîne lourde gamma 1 (1-447) [VH (*Homo sapiens*IGHV1-3*01 - (IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.10] (31-35.50-66.99-108)) (1-119) -*Homo sapiens*IGHG1*03 (CH1 (120-217), charnière (218-232), CH2 N²⁹⁹>A (233-342), CH3 Y³⁵¹>C, T³⁶⁸>S, L³⁷⁰>A,

Y⁴⁰⁹>V (343-447), CHS G⁴⁴⁸>del, K⁴⁴⁹>del)) (120-447)], (222-214')-disulfure avec la chaîne légère kappa (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*01 -IGKJ2*01, CDR-Kabat [11. 7.9] (24'-34'.50'-56'. 89'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (108'-214')]; (228-149":231:152":351:277")-trisdysulfure avec un (**C¹²⁵>A**)-variant de l'interleukine 2 humaine (IL-2, facteur de croissance des lymphocytes T) (**1-133**) fusionné, via un peptide liant (G₄S)₂ (134-143), à un fragment Fc de l'immunoglobuline G1 humaine (144-368) [*Homo sapiens* IGHG1*03, charnière N-terminale EPKSC supprimée (144-153), CH2 N²²⁰>A (154-263), CH3 S²⁷⁷>C, T²⁸⁹>W (264-368), CHS G³⁶⁹>del, K³⁷⁰>del]; produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa

immunoglobulina G1-kappa humanizada anti-(cadena variable Vß6/ß10 codificada en la línea germinal del receptor humano de células T) monómero con puente disulfuro a (**C¹²⁵>A**)-variante de interleukina 2 humana (IL-2, factor de crecimiento de los linfocitos T) fusionado a través de un enlace peptídico (G₄S)₂ al fragmento Fc de la inmunoglobulina G1, glicofoma alfa;

cadena pesada gamma 1 (1-447) [VH (*Homo sapiens* IGHV1-3*01 -(IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.10] (31-35.50-66.99-108)) (1-119) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (CH1 (120-217), bisagra (218-232), CH2 N²⁹⁹>A (233-342), CH3 Y³⁵¹>C, T³⁶⁸>S, L³⁷⁰>A, Y⁴⁰⁹>V (343-447), CHS G⁴⁴⁸>del, K⁴⁴⁹>del)) (120-447)], (222-214')-disulfuro con cadena ligera kappa (1'-214') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-9*01 -IGKJ2*01, CDR-Kabat [11.7.9] (24'-34'.50'-56'.89'-97'')) (1'-107') -*Homo sapiens* IGKC*01 (108'-214')]; (228-149":231:152": 351:277")-trisdysulfuro con interleukina 2 humana (IL-2, factor de crecimiento de los linfocitos T) (**C¹²⁵>A**)-variante (**1-133**) fusionado a través del enlace peptídico (G₄S)₂ (134-143) a un fragmento Fc de la inmunoglobulina humana G1 (144-368) [*Homo sapiens* IGHG1*03, bisagra terminal N EPKSC eliminada (144-153), CH2 N²²⁰>A (154-263), CH3 S²⁷⁷>C, T²⁸⁹>W (264-368), CHS G³⁶⁹>del, K³⁷⁰>del]; producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, glicofoma alfa

p.1074- **lucorafuspum alfa #**

1075 lucorafusp alfa
lucorafusp alfa
lucorafusp alfa

*replace the description by the following one in
remplacer la description par la suivante en
sustitúyase la descripción por la siguiente en*

EN, line 14 domain fragment 23-159 (**1-137 of the mature protein**), [...

FR, lignes 19-20 ...) fragment 23-159 du domaine extracellulaire (**1-137 de la protéine mature**), [...

ES, líneas 18-19 ...) fragmento del dominio extracelular 23-159 (**1-137 de la proteína madura**), [...

p.1083- **micvotabartumelidotinum #**

1085 micvotabart pelidotin
micvotabart pélidotine
micvotabart pelidotina

*replace the chemical name and structure by the following ones
remplacer le nom chimique et la structure par les suivants
sustitúyase el nombre químico y la estructura por los
siguientes*

immunoglobulin G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* FN1 (fibronectin 1) extra domain B (ED-B) splice variant], *Homo sapiens* monoclonal antibody, conjugated through four cysteinyl residues

to a derivative of auristatin;

H-gamma1 heavy chain *Homo sapiens* (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (93.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, G1v81 CH2 C81 (CH1 R120>K (213) (117-214), hinge 1-15 (215-229), CH2 K81>C (230-339), CH3 E12 (355), M14 (357) (340-444), CHS K2>del (445)) (117-445)], (219-215')-disulfide with L-kappa light chain *Homo sapiens* (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (94.8%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [7.3.9] (27'-33'.51'-53'.90'-98')) (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (99.1%) Km3 A45.1 (154'), V101 (192'), KCv93 K93>C (184') (109'-215')]; dimer (225-225":228-228")-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa; substituted at the sulfur atom of L-cysteinyl residues 289, 184', 289" and 184"" with four (2S,5R,6R,7²S,10R,11S,14S,25S,28S,36³RS)-2-benzyl-11-[(2S)-butan-2-yl]-25-[3-(carbamoylamino)propyl]-6,10-dimethoxy-5,12,17,17-tetramethyl-4,8,13,16,19,24,27,30,36²,36⁵-decaoxo-14,28-di(propan-2-yl)-20-oxa-3,12,15,18,23,26,29-heptaaza-1(2)-[1,3]thiazola-7(2,1),36(1)-dipyrrolidina-22(1,4)-benzenahexatriacontaphan-36³-yl (*pelidotin*) groups

immunoglobuline G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* FN1 (fibronectine 1) extra domaine B (ED-B) variant d'épissage], anticorps monoclonal *Homo sapiens*, conjugué, par quatre résidus cystéinyle, à un dérivé de l'auristatine; chaîne lourde H-gamma1 *Homo sapiens* (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (93.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, G1v81 CH2 C81 (CH1 R120>K (213) (117-214), charnière 1-15 (215-229), CH2 K81>C (230-339), CH3 E12 (355), M14 (357) (340-444), CHS K2>del (445)) (117-445)], (219-215')-disulfure avec la chaîne légère L-kappa *Homo sapiens* (1'-215') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (94.8%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [7.3.9] (27'-33'.51'-53'.90'-98')) (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (99.1%) Km3 A45.1 (154'), V101 (192'), KCv93 K93>C (184'), (109'-215')]; dimère (225-225":228-228")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa; substitué sur l'atome de soufre des résidus L-cystéinyle 289, 184', 289" et 184"" avec quatre groupes (2S,5R,6R,7²S,10R,11S,14S,25S,28S,36³RS)-2-benzyl-11-[(2S)-butan-2-yl]-25-[3-(carbamoylamino)propyl]-6,10-diméthoxy-5,12,17,17-tétraméthyl-4,8,13,16,19,24,27,30,36²,36⁵-décaoxo-14,28-di(propan-2-yl)-20-oxa-3,12,15,18,23,26,29-heptaaza-1(2)-[1,3]thiazola-7(2,1),36(1)-dipyrrolidina-22(1,4)-benzénahexatriacontaphan-36³-yle (*pélidotine*)

immunoglobulina G1-kappa, anti-[*Homo sapiens* FN1 (fibronectina 1) extra dominio B (ED-B) variante de empalme], anticuerpo monoclonal *Homo sapiens*, conjugado, por cuatro residuos cisteinilo, a un derivado de la auristatina; cadena pesada H-gamma1 *Homo sapiens* (1-445) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-23*01 (93.9%) -(IGHD) -IGHJ4*01 (100%), CDR-IMGT [8.8.9] (26-33.51-58.97-105)) (1-116) -*Homo sapiens* IGHG1*03v, G1m3>G1m17, nG1m1 CH1 K120, CH3 E12, M14, G1v81 CH2 C81 (CH1 R120>K (213) (117-214), bisagra 1-15 (215-229), CH2 K81>C (230-339), CH3 E12 (355), M14 (357) (340-444), CHS K2>del (445)) (117-445)], (219-215')-disulfuro con la cadena ligera L-kappa *Homo sapiens* (1'-215') [V-KAPPA

(*Homo sapiens* IGKV3-20*01 (94.8%) -IGKJ1*01 (100%), CDR-IMGT [7.3.9] (27'-33'.51'-53'.90'-98')) (1'-108') -*Homo sapiens* IGKC*01 (99.1%) Km3 A45.1 (154'), V101 (192'), KCv93 K93>C (184'), (109'-215')]; dímero (225-225":228-228")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, forma glicosilada alfa; sustituido en el átomo de azufre de los residuos L-cisteinilo 289, 184', 289" y 184" con cuatro grupos (2*S*,5*R*,6*R*,7²*S*,10*R*,11*S*,14*S*,25*S*,28*S*,36³*RS*)-2-bencil-11-[(2*S*)-butan-2-il]-25-[3-(carbamoilamino)propil]-6,10-dimetoxi-5,12,17,17-tetrametil-4,8,13,16,19,24,27,30,36²,36⁵-decaoxo-14,28-di(propan-2-il)-20-oxa-3,12,15,18,23,26,29-heptaaza-1(2)-[1,3]tiazola-7(2,1),36(1)-dipirrolidina-22(1,4)-bencenaheptatriacontafan-36³-ilo (*pelidotina*)

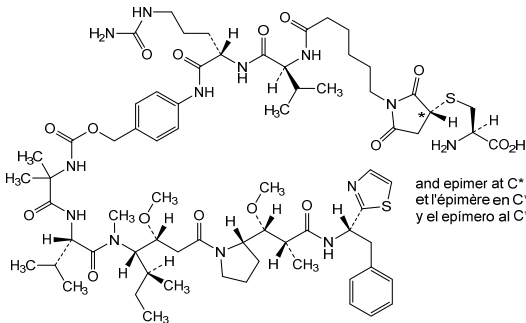
Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
EVQLLESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS SFSMSWVRQA PGKLEWVSS 50
ISGSSGTTYT ADSVKGRTIT SRDNSKNTLY LQMNSLRAD TAVVYCARPF 100
PYFDYWGQGT LVTSSASTK GPSVFPLAPS SKSTSGGTAA LGCLVKDYFP 150
EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP AVLQSSGLYS LSSVTVFPSS SLGQTQYICN 200
VNHKPSNTKV DKKVEPKSCD KTHCTPCPCA PELLGGPSVF LFPKPKDIL 250
MISRTPEVTC VVVDVSHEDP EVKFNWYVDG VEVHNAKTCP REEQYNSTYR 300
VVSVLTVLHQ DWLNGKEYKC KVSNNALPAP IERTISKAKG QPREPQVYTL 350
PPSREEMTKN QVSLTCLVKG FYPSDIAVEW ESNQGPENNY KTTPEVLDSD 400
GSFFLYSKLT VDKSRWQQGN VFSCSVMHDA LHNHYTQKSL SLSPG 445

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
EIVLTQSPGT LSLSPGERAT LSCRASQSVS SSFLAWYQQK PGQAPRLIY 50
YASSRATGIP DRFSGSGSGT DFTLTISRLE PEDFAVYYCQ QTGRIPPTFG 100
QGTKEVEIKRT VAAPSVFIFP PSDEQLKSGT ASVVCLLANF YPREAKVQWK 150
VDNALQSGNS QESVTEQDSK DSTYLSSTL TLSCADYEKH RYVAYCVTHQ 200
GLSSPVTKSF NRGEK 215

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 143-199 260-320 366-424
22"-96" 143"-199" 260"-320" 366"-424"
Intra-L (C23-C104) 23"-89" 135"-195"
23'''-89''' 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-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

Specific conjugation sites / Sites spécifiques de conjugaison / Sitios de conjugación específicos
H CH2 K81>C (G1v81): 289, 289"
L C-KAPPA K93>C (KCv93): 184', 184'''



p.1090- misitatugum blivedotinum#
1092 misitatug blivedotin
misitatug blivedotina
misitatug blivedotina

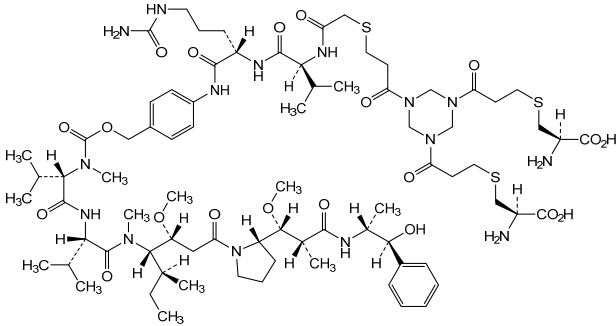
replace the structure by the following one
remplacer la structure par la suivante
sustitúyase la estructura por la siguiente

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada	
EVQLVDSGGG	LVQPGGSLRL SCAASGFDPS RYWMSWVRQA PGKGLEWIGE 50
INPDSSTIVY	TPSLKDKFII SRDANKNTLY LQMNSLAED TALYYCARRG 100
SHYYGYRTGY	FDVWGAGTTV TVSSASTKGP SVFPLAPSSK STSGGTAALG 150
CLVKDYFPEP	VTVSWNSGAL TSGVHTFPVAV LQSSGLYSLS SVVTVPSSSL 200
GTQTYICNVN	HKPSNTRKVDK KVEPKSCDKT HTCPCPCAPE LLGGPSVFLF 250
PPKPKDTLMI	SRTPEVTCVV VDVSHEDPEV KFNWYVDGVE VHNAKTKPRE 300
EQYNSTYRVV	SVLTVLHQDW LNGKEYKCKV SNKALPAPIE KTISKAKGQP 350
REPQVYTLFP	SREEMTRNQV SLTCLVKGFY PSDIAVEWES NGQFPENNYKT 400
TPPVLDSGGS	FFLYSKLTVD KSRWQQGNVF SCSVMHEALH NHYTQKLSLSL 450
SPGK	
454	
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera	
DVMTQSPAF	LSVTPGEKVT MTCSSASSVS YMYWHQQKPD QAPKLLIYDT 50
SNLASGVPR	FSGSGSGTDF TFTISRMEAE DAATYYCQW SSYPPTFGGG 100
TKVEIKRTVA	APSVFIFFPS DEQLKSGTAS VVCLLNNFYP REAKVQWKVD 150
NALQSGNSQE	SVTEQDSKDS TYSLSTLFL SKADYEKKHV YACEVTHQGL 200
SSPVTKSFNR	GEC
213	

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 151-207 268-328 374-432
22"-96" 151"-207" 268"-328" 374"-432"
Intra-L (C23-C104) 23-87 133-193
23"-87" 133"-193"
Inter-H-L (h 5-CL 126) * 227-213' 227"-213"
Inter-H-H (h 11, h 14) * 233-233" 236-236"
*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.

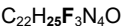
N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 304, 304"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycans de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantenariós complejos fucosilados
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 454, 454"

Potential modified residues / résidus modifiés potentiels / restos modificados potenciales*
C (227,233,236,213',227",233",236",213")
*(blivedotin:mAb ~ 2:1)



p.1106 **nuvisertibum**
nuvisertib
nuvisertib
nuvisertib

replace the molecular formula by the following one
remplacer la formule moléculaire brute par la suivante
sustitúyase la fórmula molecular por la siguiente



p.1117-1120 **opugotamigum olatansinum#**
opugotamig olatansine
opugotamig olatansine
opugotamig olatansina

replace the structure by the following one
remplacer la structure par la suivante
sustitúyase la estructura por la siguiente

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: anti-FOLR1-hole (H)
QVLQVSGAE VVKFGASVKI SCKASGYTTF GYFMNWVKQS PGQSLIEWIGR 50
IHPYDGDTFY NQKFQGKATL TVDKSSNTAH MELLSLTSED FAVYYCTRYD 100
GSRAMDYWGQ GTTIVTVSSAS TKGPSVFPLA PSSKSTSGGT AALGCLVKDY 150
FPEPVTWSN SGALTSGVHT FPAVLQSSGL YSLSSVTVPE SSSLGTQTYI 200
CNVNHKPSNT KVDKKEVEPKS CDKTHTCPCP PAPELLGGPS VFLFPKPKPD 250
TLMISRTPEV TCVVVDVSHE DPEVKFNWYV DGEVHNNAKT KPREEQYNST 300
YRVVSVLTVL HQDWLNGKEY KCKVSNKALP APIEKTISKA KGQPREPQVY 350
TLPPSREEMT KNQVSLSCAV KGFYPSDIAV EWESNGQPEN NYKTTTPVLD 400
SDGSFFLVSK LTVDKSRWQQ GNVFSCSVMH EALHNHYTQK SLSLSPG 447

Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera: anti-FOLR1 (L')
DIVLTQSPPLS LAVSLGQPAI ISCKASQSVS FAGTSLMHWY HQKPGQQPRL 50
LIYRASNL EA GVPDRFSGSG SKTDFTLTIS PVEAEDAATY YCQQSREYPY 100
TFGGGTGLEI KRTVAAPSVF IFPPSDDEQLK SGASVTVCLL NNFYPREAKV 150
THQVDNALQS GNSQESVTEQ DSKDSTYSLT STLTLSKADY EKHKVYACEV 200
QKGLSSPVT KSFNRGEC 218

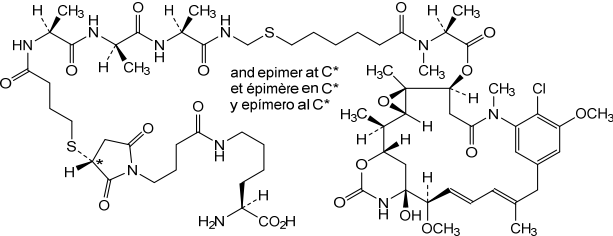
Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada: anti-FOLR1-knob (H'')
EIVLTQSPAT LSVTPGDRVS LSCRASQIN NNLHWYQKQF GQSPRLLIKY 50
VSQSVSGIPD RFGSGGGSDT FTLSSSSVEP EDEGMYFCQQ SNSWPHYTFG 100
CGTKLEIKGG GSGGGGGSGG GSGGGGGSEV QLVQSGGLV QPGGSRRLSC 150
AASGFTFSSP GMHWVRQAPG KCLEWVAIIS SSGSTISYAD SVKGRFTISR 200
DNSKTTLLQ MTLRAEDTA MYICAREAYG SMMEYWGQT LVTVSSGSEP 250
KSSDKTHTCP PCPAPELLGG PSVFLFPPKP KDTLMISRTPEVTVVVDVS 300
HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA KTKPREEQYN STYRVVSVLT VLHQDWLNGK 350
EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ VYTLPPSREE MTKNQVSLWC 400
LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTTPV LDSDGSFFLY SKLTVDKSRW 450
QQGNVFCSCV MHEALHNHYT QKSLSLSPG 479

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
23"-88" 150"-224" 294"-354" 400"-458"
Intra-H scFv VL120-VH49* 101"-172"
Intra-L (C23-C104) 23"-92" 138"-198"
Inter-H-L (CH1 10-CL 126) 221-218"
Inter-H-H (h 8, h 11) 227-259" 230-262"
*Engineered additional disulfide bond to stabilize the scFv.

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

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4:
298, 330"
Fucosylated complex bi-antennary CHO-type glycans / glycanes de type CHO bi-antennaires complexes fucosylés / glicanos de tipo CHO biantennarios complejos fucosilados.

Potential modified residues / résidus modifiés potentiels / restos modificados potenciales*
K (Lys)
*(olatansine:mAb ~ 3.5:1)



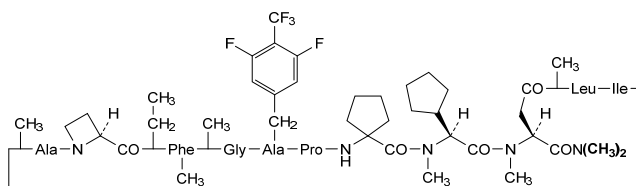
p.1126 **paluraditide**
paluraditide
paluraditide
paluraditide

replace the chemical name and structure by the following ones
remplacer le nom chimique et la structure par les suivants
sustitúyase el nombre químico y la estructura por los siguientes

1,11-anhydro[N-methyl-L-alanyl-(2S)-azetidine-2-carbonyl-N-ethyl-4-methyl-L-phenylalanyl-N-methylglycyl-(2S)-2-amino-4-[3,5-difluoro-4-(trifluoromethyl)phenyl]butanoyl-L-prolyl-2-aminocyclopentane-1-carbonyl-(2S)-2-cyclopentyl-N-methylglycyl-N¹,N¹,N²-trimethyl-L-isoasparaginy-L-methyl-L-leucyl-L-isoleucine]

1,11-anhydro[*N*-méthyl-L-alanyl-(2*S*)-azétidine-2-carbonil-*N*-éthyl-4-méthyl-L-phénylanyl-*N*-méthylglycyl-(2*S*)-2-amino-4-[3,5-difluoro-4-(trifluorométhyl)phényl]butanoyl-L-prolyl-2-aminocyclopentane-1-carbonil-(2*S*)-2-cyclopentyl-*N*-méthylglycyl-*N*¹,*N*¹,*N*²-triméthyl-L-isoasparaginy-*N*-méthyl-L-leucyl-L-isoleucine]

1,11-anhidro[*N*-metil-L-alanil-(2*S*)-azetidina-2-carbonil-*N*-etil-4-metil-L-fenilalanil-*N*-metilglicil-(2*S*)-2-amino-4-[3,5-difluoro-4-(trifluorometil)fenil]butanoil-L-prolil-2-aminociclopentano-1-carbonil-(2*S*)-2-ciclopentil-*N*-metilglicil-*N*¹,*N*¹,*N*²-trimetil-L-isoasparaginy-*N*-metil-L-leucil-L-isoleucina]



p.1141 **redalsomatropinum alfa #**

redalsomatropin alfa
redalsomatropine alfa
redalsomatropina alfa

replace the description by the following one
remplacer la description par la suivante
sustitúyase la descripción por la siguiente

human somatotropin (growth hormone (GH), growth hormone 1, pituitary growth hormone) (1-191) fused to human serum **albumin (1-585, 192-776 in the current sequence)** [**A**³²⁰>**T**⁵¹¹]-variant, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa

somatotropine humaine (hormone de croissance (GH), hormone de croissance 1, hormone de croissance hypophysaire) (1-191) fusionnée à l'**albumine sérique humaine (1-585, 192-776 dans la séquence actuelle)**, [**A**³²⁰>**T**⁵¹¹]-variant, produite dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa

somatotropina humana (hormona de crecimiento (GH), hormona de crecimiento 1, hormona de crecimiento pituitaria) (1-191) fusionada a la **albúmina sérica humana (1-585, 192-776 en la secuencia actual)** [**A**³²⁰>**T**⁵¹¹]-variante, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, glicoforma alfa

Mutation

Mutation / Mutation / Mutación
A³²⁰>**T**⁵¹¹

p.1148 **rondaptivonum pegolum**

rondaptivon pegol
rondaptivon pégol
rondaptivón pegol

replace the chemical name by the following one
remplacer le nom chimique par le suivant
sustitúyase el nombre químico por el siguiente

all-P-ambo-5'-O-(1-hydroxy-14-[α-methylpoly(oxyethylene)-ω-oxy]-12-[[α-methylpoly(oxyethylene)-ω-oxy]ethyl]-1,10,13-trioxo-2-oxa-9,12-diaza-1λ⁵-phosphatetradecan-1-yl)-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidyl-(3'→5')-2'-O-methyladenyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenyl-(3'→5')-2'-O-

methylcytidyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidyl-(3'→5')-2'-O-methyladenylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidyl-(3'→5')-2'-O-methyluridylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methylguanylyl-(3'→5')-2'-O-methylcytidyl-(3'→3')-thymidine

tout-P-ambo-5'-O-(1-hydroxy-14-[α-méthylpoly(oxyéthylène)-ω-oxy]-12-[[α-méthylpoly(oxyéthylène)-ω-oxy]éthyl]-1,10,13-trioxo-2-oxa-9,12-diaza-1λ⁵-phosphatétradécan-1-yl)-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-O-méthyladénylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→5')-2'-O-méthyluridylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthylguanylyl-(3'→5')-2'-O-méthylcytidyl-(3'→3')-thymidine

todo-P-ambo-5'-O-(1-hidroxi-14-[α-metilpoli(oxietileno)-ω-oxi]-12-{[α-metilpoli(oxietileno)-ω-oxi]etil}-1,10,13-trioxo-2-oxa-9,12-diaza-1λ⁵-fosfatetradecan-1-il)-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metiladenilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→5')-2'-O-metiluridilil-(3'→5')-2'-O-metilguanilil-(3'→5')-2'-O-metilcitidilil-(3'→3')-timidina

p.1163

delete/supprimer/suprimáse
protoporfina stannica
 protoporfina de estaño

insert/insérer/insertese
protoporfinum stannicum
 protoporfina estánica

p.1155 **sefaxersenum**
sefaxersen
séfaxersen
sefaxersén

replace the structure by the following one
remplacer la structure par la suivante
sustitúyase la estructura por la siguiente

R1-Amoe=m⁵Umoe=m⁵Cmoe=m⁵Cmoe=m⁵Cmoe=dA=m⁵C_d=dG=m⁵C_d=m⁵C_d=
m⁵C_d=m⁵C_d=dT=dG=dT=m⁵Cmoe=m⁵Cmoe=Amoe=Gmoe=m⁵Cmoe

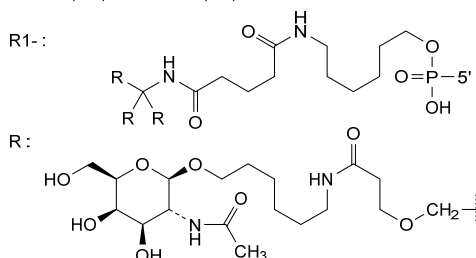
N : A, C, G, T, U

m⁵N : 5-methyl-N / 5-méthyl-N / 5-metil-N

dN & N_d : 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

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



p.1191 **velaglucerasum beta #**
velaglucerase beta
vélaglucérase bêta
velaglucerasa beta

delete the molecular formula
supprimez la formule moléculaire
suprima la fórmula molecular

p.1192-
1194 **vislarafuspum alfa#**
vislarafusp alfa
vislarafusp alfa
vislarafusp alfa

replace the description and structure by the following ones
remplacer la description et la structure par les suivantes
sustitúyase la descripción y la estructura por las siguientes

EN, lines 11-13

gamma 1 heavy chain (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 - (IGHD) -IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.11] (31-35.50-66.99-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (CH1 (121-218), hinge (219-233), CH2 S³⁰¹>A, E³³⁶>A, K³³⁷>A (234-343), CH3 (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-354')-disulfide with human signal regulatory protein alpha (SIRP alpha **natural** variant V2 extracellular D1 domain, SIRP alpha V2D1) fragment (**1-125**), comprising the first two extracellular loops of the D1 domain, **engineered variant (N⁸⁰>A)**, anti-(human CD47, integrin associated protein (IAP)) fused via a (G₄S)₃ peptide linker (126-140) to kappa light chain (141'-354') [V-KAPPA (*Homo sapiens* IGKV1-39*01 -IGKJ1*01, CDR-Kabat [11.7.9] (164'-174'.190'-196'.229'-237')) (141'-247') - *Homo sapiens* IGKC*01 (248'-354')]; dimer (229-229'':232-232'')-bisdisulfide, produced in Chinese hamster ovary (CHO) cells, cell line CHO-K1, glycoform alfa

FR, lignes 10-14

chaîne lourde gamma 1 (1-450) [VH (*Homo sapiens* IGHV3-66*01 - (IGHD) - IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.11] (31-35. 50-66. 99-109)) (1-120) -*Homo sapiens* IGHG1*03 (CH1 (121-218), charnière (219-233), CH2 S³⁰¹>A, E³³⁶>A, K³³⁷>A (234-343), CH3 (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-354')-disulfure avec un fragment (**1-125**) de la protéine humaine de régulation du signal alpha (SIRP alpha, **variante naturelle** V2 du domaine extracellulaire D1,

	SIRP alpha V2D1), comprenant les deux premières boucles extracellulaires du domaine D1, variante construite (N⁸⁰>A), anti-(CD47 humain, protéine associée à l'intégrine (IAP)) fusionné via un peptide liant (G₄S)₃ (126-140) à la chaîne légère kappa (141'-354') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 -IGKJ1*01, CDR-Kabat [11. 7.9] (164'-174'.190'-196'.229'-237')) (141'-247') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (248'-354'))]; dimère (229-229":232-232")-bisdisulfure, produit dans des cellules ovariennes de hamster chinois (CHO), lignée cellulaire CHO-K1, glycoforme alfa	
ES, líneas 12-14	cadena pesada gamma 1 (1-450) [VH (<i>Homo sapiens</i> IGHV3-66*01 -(IGHD) - IGHJ4*01, CDR-Kabat [5.17.11] (31-35. 50-66. 99-109)) (1-120) -<i>Homo sapiens</i> IGHG1*03 (CH1 (121-218), bisagra (219-233), CH2 S³⁰¹>A, E³³⁶>A, K³³⁷>A (234-343), CH3 (344-448), CHS (449-450)) (121-450)], (223-354')-disulfuro con proteína reguladora de señales alfa humana (SIRP alpha, variante natural V2 extracelular dominio D1, SIRP alpha V2D1) fragmento (1-125), que comprende los dos primeros loops estracelulares de dominio D1, variante diseñada (N⁸⁰>A), anti-(CD47 humana, integrina asociada a proteína (IAP)) fusionada a través de un enlace peptídico (G₄S)₃ (126-140) a la cadena ligera kappa (141'-354') [V-KAPPA (<i>Homo sapiens</i> IGKV1-39*01 -IGKJ1*01, CDR-Kabat [11.7.9] (164'-174'.190'-196'.229'-237')) (141'-247') -<i>Homo sapiens</i> IGKC*01 (248'-354'))]; dímero (229-229":232-232")-bisdisulfuro, producido en las células ováricas de hámster chino (CHO), línea celular CHO-K1, glicoforma alfa	
Natural variant	Natural variant / Variante naturelle / Variante natural SIRPα: L¹⁴>S, T²⁰>S, T²²>I, R²⁴>H, A²⁷>V, G⁴⁵>A, D⁶⁵>E, L⁶⁶>S, N⁷⁰>G⁷⁹>S, D¹⁰⁰>del, V¹⁰²>T¹⁰¹	
Mutations	Mutations / Mutations / Mutaciones IgG1 heavy chain: S³⁰¹, S³⁰¹">A, E³³⁶, E³³⁶">A, K³³⁷, K³³⁷">A SIRPα IgG1 light chain: N⁸⁰', N⁸⁰'">A	
p.1197	<i>supprimer/suprimáse</i> zaltenibart zalténibart	<i>insérer/insertese</i> zalténibart zaltenibart
p.1202	<i>suprimáse</i> zifogaptide	<i>insertese</i> zifogaptida

p.1202-1204 **zirconium (⁸⁹Zr) girentuximab senvedoxamum #**
zirconium (⁸⁹Zr) girentuximab senvedoxam *replace the structure by the following one*
zirconium (⁸⁹Zr) girentuximab senvédoxam *remplacer la structure par la suivante*
zirconio (⁸⁹Zr) girentuximab senvedoxam *sustitúyase la estructura por la siguiente*

Heavy chain / Chaîne lourde / Cadena pesada
DVKLVESGGG LVKLGGSLKL SCAASGFTFS NYMSWVRQT PEKRLVLAA 50
INSDGGITYY LDTVKGRFTI SRDNAKNTLY LQMSSLKSED TALFYCARHR 100
SGYFMDYWG QGTSVTVSSA STKGPSVFLP APSSKSTSGG TAALGCLVKD 150
YFPEPVTVSW NSGALTSGVH TFPVAVLQSSG LYSLSVVTV PSSSLGTQTY 200
ICNVNHKPSN TKVDKKVEPK SCDKTHCTCP CPAPELLGGP SVFLFPPKPK 250
DTLMISRTPE VTCVVVDVSH EDPEVKFNWY VDGVEVHNAK TKPREEQYNS 300
TYRVVSVLTV LHQDMLNGKE YKCKVSNKAL PAPIETISK AKGQPREPQV 350
YTLPPSRDEL TKNQVSLTCL VKGIFYPSDIA VEWESNGQPE NNYKTTTPVL 400
DSDGSFFLYS KLTVDKSRWQ QGNVFSCSVM HEALHNHYTQ KSLSLSPGK 449

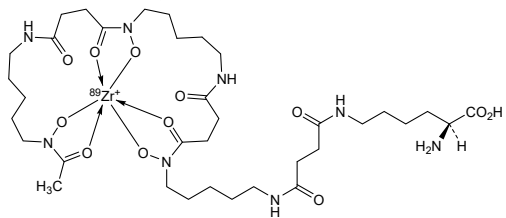
Light chain / Chaîne légère / Cadena ligera
DIVMTQSQRF MSTTVGDRVS ITCASQNVV SAVAMYQQKP GQSPKLLIYS 50
ASNRYTGVPD RFTGSGSGTD FTLTISNMQS EDLADFFCQQ YSNYPWTFGG 100
GTKLEIKRTV AAPSVFIFPP SDEQLKSGTA SVVCLLNMFY PREAKVQWKFV 150
DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYLSLSTLT LSKADYEKHK VIACEVTHQG 200
LSSPVTKSFN RGEK 214

Post-translational modifications
Disulfide bridges location / Position des ponts disulfure / Posiciones de los puentes disulfuro
Intra-H (C23-C104) 22-96 146-202 263-323 369-427
22"-96" 146"-202" 263"-323" 369"-427"
Intra-L (C23-C104) 23'-88" 134'-194"
23"-88" 134"-194"
Inter-H-L (h 5-CL 126) 222-214' 222"-214"
Inter-H-H (h 11, h 14) 228-228" 231-231"

N-glycosylation sites / Sites de N-glycosylation / Posiciones de N-glicosilación
H CH2 N84.4: 299, 299"

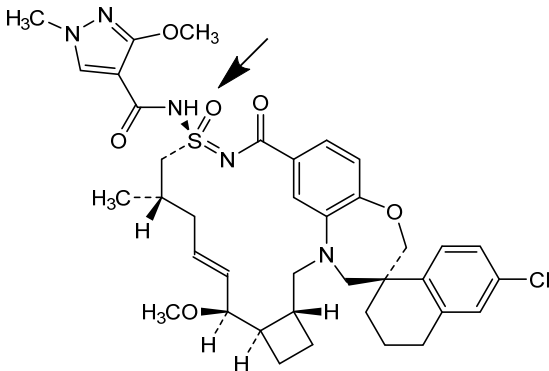
C-terminal lysine clipping / Coupure de la lysine C-terminale / Recorte de lisina C-terminal
H CHS K2: 449, 449"

Potential modified residues / résidus modifiés potentiels / restos modificados potenciales*
K (449, 449")
*(senvedoxam:mAb ~ 1.5:1)



p.1199 **zamzetoclaaxum**
zamzetoclaax
zamzétoclaax
zamzetoclaax

replace the structure by the following one
remplacer la structure par la suivante
sustitúyase la estructura por la siguiente



p.1206 **zomiradomidum**

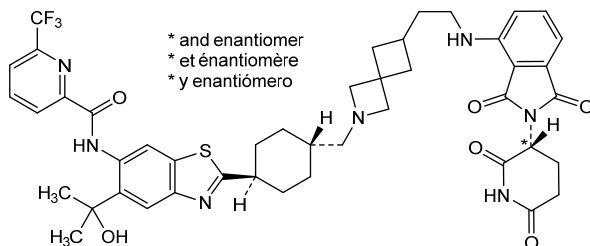
zomiradomide
zomiradomide
zomiradomida

replace the chemical name and structure by the following ones
remplacer le nom chimique et la structure par les suivants
sustitúyase el nombre químico y la estructura por los siguientes

rac-N-[2¹,2⁴-trans-(9³R)-1⁵-(2-hydroxypropan-2-yl)-8¹,8³,9²,9⁶-tetraoxo-8¹,8³-dihydro-4²,7-diaza-1(2)-[1,3]benzothiazola-8(4,2)-isoidola-9(3)-piperidina-4(2,6)-spiro[3.3]heptana-2(1,4)-cyclohexananonaphan-1⁶-yl]-6-(trifluoromethyl)pyridine-2-carboxamide

rac-N-[2¹,2⁴-trans-(9³R)-1⁵-(2-hydroxypropan-2-yl)-8¹,8³,9²,9⁶-tétraoxo-8¹,8³-dihydro-4²,7-diaza-1(2)-[1,3]benzothiazola-8(4,2)-isoidola-9(3)-pipéridina-4(2,6)-spiro[3.3]heptana-2(1,4)-cyclohexananonaphan-1⁶-yl]-6-(trifluorométhyl)pyridine-2-carboxamide

rac-N-[2¹,2⁴-trans-(9³R)-1⁵-(2-hidroxiopropan-2-il)-8¹,8³,9²,9⁶-tetraoxo-8¹,8³-dihidro-4²,7-diaza-1(2)-[1,3]benzotiazola-8(4,2)-isoidola-9(3)-piperidina-4(2,6)-espiro[3.3]heptana-2(1,4)-ciclohexananonafan-1⁶-il]-6-(trifluorometil)piridina-2-carboxamida

p.1207 **zopapogenum imadenovecum #**

zopapogene imadenovec
zopapogène imadénovec
zopapogén imadenovec

replace the description by the following one
remplacer la description par la suivante
sustitúyase la descripción por la siguiente

replication-deficient gorilla adenovirus vector (**strain GC46**) encoding human papillomavirus (HPV) type 6 and type 11 antigens comprising 11 epitopes derived from regions of the E2, E4, E6, and E7 proteins under control of a human cytomegalovirus (CMV) promoter and terminated with a 3' untranslated region and a simian virus 40 (SV40) polyadenylation signal

vecteur d'adénovirus de gorille à réplication déficiente (**souche GC46**) codant les antigènes des papillomavirus humains (HPV) de type 6 et de type 11 comprenant 11 épitopes dérivés des régions des protéines E2, E4, E6 et E7 sous le contrôle d'un promoteur du cytomégalovirus (CMV) humain et se terminant par un signal de polyadénylation du virus simien (SV40)

vector de adenovirus de gorila deficiente en replicación (**cepa GC46**) que codifica los antígenos tipo 6 y tipo 11 del virus del papiloma humano (VPH) que contienen 11 epítomos derivados de regiones de las proteínas E2, E4, E6 y E7 bajo el control de un promotor del citomegalovirus (CMV) humano y se termina con una señal de poliadenilación del virus simio 40 (SV40)

p.1234	zapomeranum # zapomeran zapoméran zapomerán	<i>Please note that the MedNet file has been updated Veuillez noter que le fichier MedNet a été mis à jour Tenga en cuenta que se ha actualizado el archivo MedNet</i>
p.1237	elriterceptum # elritercept elritercept elritercept at O-glycosylation sites only	<i>amend the structure as follows corriger la structure comme suit modificar la estructura de la siguiente manera</i> O-glycosylation sites / Sites de O-glycosylation / Posiciones de O-glicosilación S97, S97', T108, T108', S109, S109', T115, T115', T117, T117'

ANNEX 1

PROCEDURE FOR THE SELECTION OF RECOMMENDED INTERNATIONAL NONPROPRIETARY NAMES FOR PHARMACEUTICAL SUBSTANCES¹

The following procedure shall be followed by the World Health Organization (hereinafter also referred to as “WHO”) in the selection of recommended international nonproprietary names for pharmaceutical substances, in accordance with resolution WHA3.11 of the World Health Assembly, and in the substitution of such names.

Article 1 - Proposals for recommended international nonproprietary names and proposals for substitution of such names shall be submitted to WHO on the form provided therefore. The consideration of such proposals shall be subject to the payment of an administrative fee designed only to cover the corresponding costs of the Secretariat of WHO (“the Secretariat”). The amount of this fee shall be determined by the Secretariat and may, from time to time, be adjusted.

Article 2 - Such proposals shall be submitted by the Secretariat to the members of the Expert Advisory Panel on the International Pharmacopoeia and Pharmaceutical Preparations designated for this purpose, such designated members hereinafter referred to as “the INN Expert Group”, for consideration in accordance with the “General principles for guidance in devising International Nonproprietary Names for Pharmaceutical Substances”, annexed to this procedure². The name used by the person discovering or first developing and marketing a pharmaceutical substance shall be accepted, unless there are compelling reasons to the contrary.

Article 3 - Subsequent to the examination provided for in article 2, the Secretariat shall give notice that a proposed international nonproprietary name is being considered.

a) Such notice shall be given by publication in *WHO Drug Information*³ and by letter to Member States and to national and regional pharmacopoeia commissions or other bodies designated by Member States.

i) Notice shall also be sent to the person who submitted the proposal (“the original applicant”) and other persons known to be concerned with a name under consideration.

b) Such notice shall:

i) set forth the name under consideration;

ii) identify the person who submitted the proposal for naming the substance, if so requested by such person;

iii) identify the substance for which a name is being considered;

iv) set forth the time within which comments and objections will be received and the person and place to whom they should be directed;

v) state the authority under which WHO is acting and refer to these rules of procedure.

c) In forwarding the notice, the Secretariat shall request that Member States take such steps as are necessary to prevent the acquisition of proprietary rights in the proposed name during the period it is under consideration by WHO.

Article 4 - Comments on the proposed name may be forwarded by any person to WHO within four months of the date of publication, under article 3, of the name in *WHO Drug Information*.

¹ See Annex 1 in WHO Technical Report Series, No. 581, 1975. The original text was adopted by the Executive Board in resolution EB15.R7 and amended in resolutions EB43.R9 and EB115.R4.

² See Annex 2.

³ Before 1987, lists of international nonproprietary names were published in the *Chronicle of the World Health Organization*.

Article 5 - A formal objection to a proposed name may be filed by any interested person within four months of the date of publication, under article 3, of the name in *WHO Drug Information*.

Such objection shall:

- i) identify the person objecting;
- ii) state his or her interest in the name;
- iii) set forth the reasons for his or her objection to the name proposed.

Article 6 - Where there is a formal objection under article 5, WHO may either reconsider the proposed name or use its good offices to attempt to obtain withdrawal of the objection. Without prejudice to the consideration by WHO of a substitute name or names, a name shall not be selected by WHO as a recommended international nonproprietary name while there exists a formal objection thereto filed under article 5 which has not been withdrawn.

Article 7 - Where no objection has been filed under article 5, or all objections previously filed have been withdrawn, the Secretariat shall give notice in accordance with subsection (a) of article 3 that the name has been selected by WHO as a recommended international nonproprietary name.

Article 8 - In forwarding a recommended international nonproprietary name to Member States under article 7, the Secretariat shall:

- a) request that it be recognized as the nonproprietary name for the substance; and
- b) request that Member States take such steps as are necessary to prevent the acquisition of proprietary rights in the name and to prohibit registration of the name as a trademark or trade name.

Article 9

a) In the extraordinary circumstance that a previously recommended international nonproprietary name gives rise to errors in medication, prescription or distribution, or a demonstrable risk thereof, because of similarity with another name in pharmaceutical and/or prescription practices, and it appears that such errors or potential errors cannot readily be resolved through other interventions than a possible substitution of a previously recommended international nonproprietary name, or in the event that a previously recommended international nonproprietary name differs substantially from the nonproprietary name approved in a significant number of Member States, or in other such extraordinary circumstances that justify a substitution of a recommended international nonproprietary name, proposals to that effect may be filed by any interested person. Such proposals shall be submitted on the form provided therefore and shall:

- i) identify the person making the proposal;
- ii) state his or her interest in the proposed substitution; and
- iii) set forth the reasons for the proposal; and
- iv) describe, and provide documentary evidence regarding the other interventions undertaken in an effort to resolve the situation, and the reasons why these other interventions were inadequate.

Such proposals may include a proposal for a new substitute international nonproprietary name, devised in accordance with the General principles, which takes into account the pharmaceutical substance for which the new substitute international nonproprietary name is being proposed.

The Secretariat shall forward a copy of the proposal, for consideration in accordance with the procedure described in subsection (b) below, to the INN Expert Group and the original applicant or its successor (if different from the person bringing the proposal for substitution and provided that the original applicant or its successor is known or can be found through diligent effort, including contacts with industry associations).

In addition, the Secretariat shall request comments on the proposal from:

i) Member States and national and regional pharmacopoeia commissions or other bodies designated by Member States (by including a notice to that effect in the letter referred to in article 3(a), and

ii) any other persons known to be concerned by the proposed substitution.

The request for comments shall:

i) state the recommended international nonproprietary name that is being proposed for substitution (and the proposed substitute name, if provided);

ii) identify the person who submitted the proposal for substitution (if so requested by such person);

iii) identify the substance to which the proposed substitution relates and reasons put forward for substitution;

iv) set forth the time within which comments will be received and the person and place to whom they should be directed; and

v) state the authority under which WHO is acting and refer to these rules of procedure.

Comments on the proposed substitution may be forwarded by any person to WHO within four months of the date of the request for comments.

b) After the time period for comments referred to above has elapsed, the Secretariat shall forward any comments received to the INN Expert Group, the original applicant or its successor and the person bringing the proposal for substitution. If, after consideration of the proposal for substitution and the comments received, the INN Expert Group, the person bringing the proposal for substitution and the original applicant or its successor all agree that there is a need to substitute the previously recommended international nonproprietary name, the Secretariat shall submit the proposal for substitution to the INN Expert Group for further processing. Notwithstanding the foregoing, the original applicant or its successor shall not be entitled to withhold agreement to a proposal for substitution in the event the original applicant or its successor has no demonstrable continuing interest in the recommended international nonproprietary name proposed for substitution.

In the event that a proposal for substitution shall be submitted to the INN Expert Group for further processing, the INN Expert Group will select a new international nonproprietary name in accordance with the General principles referred to in article 2 and the procedure set forth in articles 3 to 8 inclusive. The notices to be given by the Secretariat under article 3 and article 7, respectively, including to the original applicant or its successor (if not the same as the person proposing the substitution, and provided that the original applicant or its successor is known or can be found through diligent effort, including contacts with industry associations), shall in such event indicate that the new name is a substitute for a previously recommended international nonproprietary name and that Member States may wish to make transitional arrangements in order to accommodate existing products that use the previously recommended international nonproprietary name on their label in accordance with national legislation.

If, after consideration of the proposal for substitution and the comments received in accordance with the procedure described above, the INN Expert Group, the original applicant or its successor and the person bringing the proposal for substitution do not agree that there are compelling reasons for substitution of a previously recommended international nonproprietary name, this name shall be retained (provided always that the original applicant or its successor shall not be entitled to withhold agreement to a proposal for substitution in the event that the original applicant or its successor has no demonstrable continuing interest in the recommended international nonproprietary name proposed to be substituted). In such an event, the Secretariat shall advise the person having proposed the substitution, as well as the original applicant or its

successor (if not the same as the person proposing the substitution, and provided that the original applicant or its successor is known or can be found through diligent effort, including contacts with industry associations), Member States, national and regional pharmacopoeia commissions, other bodies designated by Member States, and any other persons known to be concerned by the proposed substitution that, despite a proposal for substitution, it has been decided to retain the previously recommended international nonproprietary name (with a description of the reason(s) why the proposal for substitution was not considered sufficiently compelling).

ANNEX 2

GENERAL PRINCIPLES FOR GUIDANCE IN DEVISING INTERNATIONAL NONPROPRIETARY NAMES FOR PHARMACEUTICAL SUBSTANCES¹

1. International Nonproprietary Names (INN) should be distinctive in sound and spelling. They should not be inconveniently long and should not be liable to confusion with names in common use.

2. The INN for a substance belonging to a group of pharmacologically related substances should, where appropriate, show this relationship. Names that are likely to convey to a patient an anatomical, physiological, pathological or therapeutic suggestion should be avoided.

These primary principles are to be implemented by using the following secondary principles:

3. In devising the INN of the first substance in a new pharmacological group, consideration should be given to the possibility of devising suitable INN for related substances, belonging to the new group.

4. In devising INN for acids, one-word names are preferred; their salts should be named without modifying the acid name, e.g. "oxacillin" and "oxacillin sodium", "ibufenac" and "ibufenac sodium".

5. INN for substances which are used as salts should in general apply to the active base or the active acid. Names for different salts or esters of the same active substance should differ only in respect of the name of the inactive acid or the inactive base.

For quaternary ammonium substances, the cation and anion should be named appropriately as separate components of a quaternary substance and not in the amine-salt style.

6. The use of an isolated letter or number should be avoided; hyphenated construction is also undesirable.

7. To facilitate the translation and pronunciation of INN, "f" should be used instead of "ph", "t" instead of "th", "e" instead of "ae" or "oe", and "i" instead of "y"; the use of the letters "h" and "k" should be avoided.

8. Provided that the names suggested are in accordance with these principles, names proposed by the person discovering or first developing and marketing a pharmaceutical preparation, or names already officially in use in any country, should receive preferential consideration.

9. Group relationship in INN (see General principle 2) should if possible be shown by using a common stem. The following list contains examples of stems for groups of substances, particularly for new groups. There are many other stems in active use.² Where a stem is shown without any hyphens it may be used anywhere in the name.

¹ In its Twentieth report (WHO Technical Report Series, No. 581, 1975), the WHO Expert committee on Nonproprietary Names for Pharmaceutical Substances reviewed the general principles for devising, and the procedures for selecting, INN in the light of developments in pharmaceutical compounds in recent years. The most significant change has been the extension to the naming of synthetic chemical substances of the practice previously used for substances originating in or derived from natural products. This practice involves the use of a characteristic "stem" indicative of a common property of the members of a group. The reason for, and the implications of, the change are fully discussed.

The guiding principles were updated during the 13th consultation on nonproprietary names for pharmaceutical substances (Geneva, 27-29 April 1983) (PHARM S/NOM 928 13 May 1983, revised 18 August 1983).

² A more extensive listing of stems is contained in the working document WHO/EMP/RHT/TSN/2018.1 which is regularly updated and can be requested from the INN Programme, WHO, Geneva.

Latin	English	
-acum	-ac	anti-inflammatory agents, ibufenac derivatives
-adolum	-adol }	analgesics
-adol-	-adol-}	
-astum	-ast	antiasthmatic, antiallergic substances not acting primarily as antihistaminics
-astinum	-astine	antihistaminics
-azepamum	-azepam	diazepam derivatives
bol	bol	steroids, anabolic
-cain-	-cain-	class I antiarrhythmics, procainamide and lidocaine derivatives
-cainum	-caine	local anaesthetics
cef-	cef-	antibiotics, cephalosporanic acid derivatives
-cillinum	-cillin	antibiotics, 6-aminopenicillanic acid derivatives
-conazolum	-conazole	systemic antifungal agents, miconazole derivatives
cort	cort	corticosteroids, except prednisolone derivatives
-coxibum	-coxib	selective cyclo-oxygenase inhibitors
-entanum	-entan	endothelin receptor antagonists
gab	gab	gabamimetic agents
gado-	gado-	diagnostic agents, gadolinium derivatives
-gatr anum	-gatr an	thrombin inhibitors, antithrombotic agents
gest	gest	steroids, progestogens
gli	gli	antihyperglycaemics
io-	io-	iodine-containing contrast media
-metacinum	-metacin	anti-inflammatory, indometacin derivatives
-mycinum	-mycin	antibiotics, produced by <i>Streptomyces</i> strains
-nidazolum	-nidazole	antiprotozoal substances, metronidazole derivatives
-ololum	-olol	β-adrenoreceptor antagonists
-oxacinum	-oxacin	antibacterial agents, nalidixic acid derivatives
-platinum	-platin	antineoplastic agents, platinum derivatives
-poetinum	-poetin	erythropoietin type blood factors
-pril(at)um	-pril(at)	angiotensin-converting enzyme inhibitors
-profenum	-profen	anti-inflammatory substances, ibuprofen derivatives
prost	prost	prostaglandins
-relinum	-relin	pituitary hormone release-stimulating peptides
-sartanum	-sartan	angiotensin II receptor antagonists, antihypertensive (non-peptidic)
-vaptanum	-vaptan	vasopressin receptor antagonists
vin-	vin- }	vinca-type alkaloids
-vin-	-vin-}	

ANNEXE 1

PROCEDURE A SUIVRE EN VUE DU CHOIX DE DENOMINATIONS COMMUNES INTERNATIONALES RECOMMANDEES POUR LES SUBSTANCES PHARMACEUTIQUES¹

L'Organisation mondiale de la Santé (également désignée ci-après sous l'appellation « OMS ») observe la procédure exposée ci-dessous pour l'attribution de dénominations communes internationales recommandées pour les substances pharmaceutiques, conformément à la résolution WHA3.11 de l'Assemblée mondiale de la Santé, et pour le remplacement de telles dénominations.

Article 1 - Les propositions de dénominations communes internationales recommandées et les propositions de remplacement de telles dénominations sont soumises à l'OMS sur la formule prévue à cet effet. L'examen de telles propositions est soumis au paiement d'une taxe administrative destinée uniquement à couvrir les coûts correspondants assumés par le Secrétariat de l'OMS (« le Secrétariat »). Le montant de cette taxe est déterminé par le Secrétariat et peut être modifié de temps à autre.

¹ Voir annexe 1 dans OMS, Série de Rapports techniques, N° 581, 1975. Le texte original a été adopté par le Conseil exécutif dans sa résolution EB15.R7 et amendé dans ses résolutions EB43.R9 et EB115.R4.

Article 2 - Ces propositions sont soumises par le Secrétariat aux experts désignés à cette fin parmi les personnalités inscrites au Tableau d'experts de la Pharmacopée internationale et des Préparations pharmaceutiques, ci-après désignés sous l'appellation « le Groupe d'experts des DCI » ; elles sont examinées par les experts conformément aux « Directives générales pour la formation de dénominations communes internationales pour les substances pharmaceutiques » reproduites ci-après¹. La dénomination acceptée est la dénomination employée par la personne qui découvre ou qui, la première, fabrique et lance sur le marché une substance pharmaceutique, à moins que des raisons majeures n'obligent à s'écarter de cette règle.

Article 3 - Après l'examen prévu à l'article 2, le Secrétariat notifie qu'un projet de dénomination commune internationale est à l'étude.

a) Cette notification est faite par une insertion dans *WHO Drug Information*² et par l'envoi d'une lettre aux Etats Membres et aux commissions nationales et régionales de pharmacopée ou autres organismes désignés par les Etats Membres.

i) Notification est également faite à la personne qui a soumis la proposition (« le demandeur initial ») et à d'autres personnes portant à la dénomination mise à l'étude un intérêt notoire.

b) Cette notification contient les indications suivantes :

i) dénomination mise à l'étude;

ii) nom de l'auteur de la proposition tendant à attribuer une dénomination à la substance, si cette personne le demande ;

iii) définition de la substance dont la dénomination est mise à l'étude ;

iv) délai pendant lequel seront reçues les observations et les objections à l'égard de cette dénomination ; nom et adresse de la personne habilitée à recevoir ces observations et objections ;

v) mention des pouvoirs en vertu desquels agit l'OMS et référence au présent règlement.

c) En envoyant cette notification, le Secrétariat demande aux Etats Membres de prendre les mesures nécessaires pour prévenir l'acquisition de droits de propriété sur la dénomination proposée pendant la période au cours de laquelle cette dénomination est mise à l'étude par l'OMS.

Article 4 - Des observations sur la dénomination proposée peuvent être adressées à l'OMS par toute personne, dans les quatre mois qui suivent la date de publication de la dénomination dans *WHO Drug Information* (voir l'article 3).

Article 5 - Toute personne intéressée peut formuler une objection formelle contre la dénomination proposée dans les quatre mois qui suivent la date de publication de la dénomination dans *WHO Drug Information* (voir l'article 3).

Cette objection doit s'accompagner des indications suivantes :

i) nom de l'auteur de l'objection ;

ii) intérêt qu'il ou elle porte à la dénomination en cause ;

iii) raisons motivant l'objection contre la dénomination proposée.

Article 6 - Lorsqu'une objection formelle est formulée en vertu de l'article 5, l'OMS peut soit soumettre la dénomination proposée à un nouvel examen, soit intervenir pour tenter d'obtenir le retrait de l'objection. Sans préjudice de l'examen par l'OMS d'une ou de plusieurs appellations de

¹ Voir annexe 2.

² Avant 1987, les listes de dénominations communes internationales étaient publiées dans la *Chronique de l'Organisation mondiale de la Santé*.

remplacement, l'OMS n'adopte pas d'appellation comme dénomination commune internationale recommandée tant qu'une objection formelle présentée conformément à l'article 5 n'est pas levée.

Article 7 - Lorsqu'il n'est formulé aucune objection en vertu de l'article 5, ou que toutes les objections présentées ont été levées, le Secrétariat fait une notification conformément aux dispositions du paragraphe a) de l'article 3, en indiquant que la dénomination a été choisie par l'OMS en tant que dénomination commune internationale recommandée.

Article 8 - En communiquant aux Etats Membres, conformément à l'article 7, une dénomination commune internationale recommandée, le Secrétariat :

- a) demande que cette dénomination soit reconnue comme dénomination commune de la substance considérée ; et
- b) demande aux Etats Membres de prendre les mesures nécessaires pour prévenir l'acquisition de droits de propriété sur cette dénomination et interdire le dépôt de cette dénomination comme marque ou appellation commerciale.

Article 9 -

a) Dans le cas exceptionnel où une dénomination commune internationale déjà recommandée donne lieu à des erreurs de médication, de prescription ou de distribution ou en comporte un risque démontrable, en raison d'une similitude avec une autre appellation dans la pratique pharmaceutique et/ou de prescription, et où il apparaît que ces erreurs ou ces risques d'erreur ne peuvent être facilement évités par d'autres interventions que le remplacement éventuel d'une dénomination commune internationale déjà recommandée, ou dans le cas où une dénomination commune internationale déjà recommandée diffère sensiblement de la dénomination commune approuvée dans un nombre important d'Etats Membres, ou dans d'autres circonstances exceptionnelles qui justifient le remplacement d'une dénomination commune internationale recommandée, toute personne intéressée peut formuler une proposition dans ce sens. Cette proposition est présentée sur la formule prévue à cet effet et doit s'accompagner des indications suivantes :

- i) nom de l'auteur de la proposition ;
- ii) intérêt qu'il ou elle porte au remplacement proposé ;
- iii) raisons motivant la proposition ; et
- iv) description, faits à l'appui, des autres interventions entreprises pour tenter de régler le problème et exposé des raisons pour lesquelles ces interventions ont échoué.

Les propositions peuvent comprendre une proposition de nouvelle dénomination commune internationale de remplacement, établie conformément aux Directives générales, compte tenu de la substance pharmaceutique pour laquelle la nouvelle dénomination commune internationale de remplacement est proposée.

Le Secrétariat transmet une copie de la proposition pour examen, conformément à la procédure exposée plus loin au paragraphe b), au Groupe d'experts des DCI et au demandeur initial ou à son successeur (s'il s'agit d'une personne différente de celle qui a formulé la proposition de remplacement et pour autant que le demandeur initial ou son successeur soit connu ou puisse être retrouvé moyennant des efforts diligents, notamment des contacts avec les associations industrielles).

De plus, le Secrétariat demande aux entités et personnes ci-après de formuler des observations sur la proposition :

- i) les Etats Membres et les commissions nationales et régionales de pharmacopée ou d'autres organismes désignés par les Etats Membres (en insérant une note à cet effet dans la lettre mentionnée à l'article 3.a), et
- ii) toutes autres personnes portant au remplacement proposé un intérêt notoire.

La demande d'observations contient les indications suivantes :

- i) dénomination commune internationale recommandée pour laquelle un remplacement est proposé (et la dénomination de remplacement proposée, si elle est fournie) ;
- ii) nom de l'auteur de la proposition de remplacement (si cette personne le demande) ;
- iii) définition de la substance faisant l'objet du remplacement proposé et raisons avancées pour le remplacement ;
- iv) délai pendant lequel seront reçus les commentaires et nom et adresse de la personne habilitée à recevoir ces commentaires ; et
- v) mention des pouvoirs en vertu desquels agit l'OMS et référence au présent règlement.

Des observations sur la proposition de remplacement peuvent être communiquées par toute personne à l'OMS dans les quatre mois qui suivent la date de la demande d'observations.

b) Une fois échu le délai prévu ci-dessus pour la communication d'observations, le Secrétariat transmet les observations reçues au Groupe d'experts des DCI, au demandeur initial ou à son successeur et à l'auteur de la proposition de remplacement. Si, après avoir examiné la proposition de remplacement et les observations reçues, le Groupe d'experts des DCI, l'auteur de la proposition de remplacement et le demandeur initial ou son successeur reconnaissent tous qu'il est nécessaire de remplacer la dénomination commune internationale déjà recommandée, le Secrétariat soumet la proposition de remplacement au Groupe d'experts des DCI pour qu'il y donne suite.

Nonobstant ce qui précède, le demandeur initial ou son successeur n'est pas habilité à refuser son accord à une proposition de remplacement au cas où il ne peut être démontré qu'il porte un intérêt durable à la dénomination commune internationale recommandée qu'il est proposé de remplacer.

Dans le cas où une proposition de remplacement est soumise au Groupe d'experts des DCI pour qu'il y donne suite, le Groupe choisit une nouvelle dénomination commune internationale conformément aux Directives générales mentionnées à l'article 2 et selon la procédure décrite dans les articles 3 à 8 inclus. La notification faite par le Secrétariat en vertu de l'article 3 et de l'article 7, respectivement, y compris au demandeur initial ou à son successeur (si ce n'est pas la même personne que celle qui a proposé le remplacement et pour autant que le demandeur initial ou son successeur soit connu ou puisse être retrouvé moyennant des efforts diligents, notamment des contacts avec les associations industrielles), doit dans un tel cas indiquer que la nouvelle dénomination remplace une dénomination commune internationale déjà recommandée et que les Etats Membres peuvent souhaiter prendre des mesures transitoires pour les produits existants qui utilisent la dénomination commune internationale déjà recommandée sur leur étiquette conformément à la législation nationale.

Si, après examen de la proposition de remplacement et des observations communiquées conformément à la procédure exposée plus haut, le Groupe d'experts des DCI, le demandeur initial ou son successeur et l'auteur de la proposition de remplacement ne s'accordent pas sur le fait qu'il y a des raisons impératives de remplacer une dénomination commune internationale déjà recommandée, cette dernière est conservée (étant entendu toujours que le demandeur initial ou son successeur n'est pas habilité à refuser son accord à une proposition de remplacement au cas où il ne peut être démontré qu'il porte un intérêt durable à la dénomination commune internationale recommandée qu'il est proposé de remplacer). Dans un tel cas, le Secrétariat informe l'auteur de la proposition de remplacement, ainsi que le demandeur initial ou son successeur (s'il s'agit d'une personne différente de celle qui a formulé la proposition de remplacement et pour autant que le demandeur initial ou son successeur soit connu ou puisse être retrouvé moyennant des efforts diligents, notamment des contacts avec les associations industrielles), les Etats Membres, les commissions nationales et régionales de pharmacopée, les autres organismes désignés par les Etats Membres et toutes autres personnes portant un intérêt notoire au remplacement proposé que, malgré une proposition de remplacement, il a été décidé de conserver la dénomination commune internationale déjà recommandée (avec une brève description de la ou des raisons pour lesquelles la proposition de remplacement n'a pas été jugée suffisamment impérative).

ANNEXE 2

**DIRECTIVES GENERALES POUR LA FORMATION DE
DENOMINATIONS COMMUNES INTERNATIONALES APPLICABLES
AUX SUBSTANCES PHARMACEUTIQUES¹**

1. Les dénominations communes internationales (DCI) devront se distinguer les unes des autres par leur consonance et leur orthographe. Elles ne devront pas être d'une longueur excessive, ni prêter à confusion avec des appellations déjà couramment employées.
 2. La DCI de chaque substance devra, si possible, indiquer sa parenté pharmacologique. Les dénominations susceptibles d'évoquer pour les malades des considérations anatomiques, physiologiques, pathologiques ou thérapeutiques devront être évitées dans la mesure du possible.
- Outre ces deux principes fondamentaux, on respectera les principes secondaires suivants :*
3. Lorsqu'on formera la DCI de la première substance d'un nouveau groupe pharmacologique, on tiendra compte de la possibilité de former ultérieurement d'autres DCI appropriées pour les substances apparentées du même groupe.
 4. Pour former des DCI des acides, on utilisera de préférence un seul mot. Leurs sels devront être désignés par un terme qui ne modifie pas le nom de l'acide d'origine : par exemple « oxacilline » et « oxacilline sodique », « ibufénac » et « ibufénac sodique ».
 5. Les DCI pour les substances utilisées sous forme de sels devront en général s'appliquer à la base active (ou à l'acide actif). Les dénominations pour différents sels ou esters d'une même substance active ne différeront que par le nom de l'acide inactif (ou de la base inactive). En ce qui concerne les substances à base d'ammonium quaternaire, la dénomination s'appliquera de façon appropriée au cation et à l'anion en tant qu'éléments distincts d'une substance quaternaire. On évitera de choisir une désignation évoquant un sel aminé.
 6. On évitera d'ajouter une lettre ou un chiffre isolé ; en outre, on renoncera de préférence au trait d'union.
 7. Pour simplifier la traduction et la prononciation des DCI, la lettre « f » sera utilisée à la place de « ph », « t » à la place de « th », « e » à la place de « ae » ou « oe », et « i » à la place de « y » ; l'usage des lettres « h » et « k » sera aussi évité.
 8. On retiendra de préférence, pour autant qu'elles respectent les principes énoncés ici, les dénominations proposées par les personnes qui ont découvert ou qui, les premières, ont fabriqué et lancé sur le marché les préparations pharmaceutiques considérées, ou les dénominations déjà officiellement adoptées par un pays.
 9. La parenté entre substances d'un même groupe (voir Directive générale 2) sera si possible indiquée dans les DCI par l'emploi de segments-clés communs. La liste ci-après contient des exemples de segments-clés pour des groupes de substances, surtout pour des groupes récents. Il y a beaucoup d'autres segments-clés en utilisation active.² Les segments-clés indiqués sans trait d'union pourront être insérés n'importe où dans une dénomination.

¹ Dans son vingtième rapport (OMS, Série de Rapports techniques, N° 581, 1975), le Comité OMS d'experts des Dénominations communes pour les Substances pharmaceutiques a examiné les directives générales pour la formation des dénominations communes internationales et la procédure à suivre en vue de leur choix, compte tenu de l'évolution du secteur pharmaceutique au cours des dernières années. La modification la plus importante a été l'extension aux substances de synthèse de la pratique normalement suivie pour désigner les substances tirées ou dérivées de produits naturels. Cette pratique consiste à employer des syllabes communes ou groupes de syllabes communes (segments-clés) qui sont caractéristiques et indiquent une propriété commune aux membres du groupe des substances pour lequel ces segments-clés ont été retenus. Les raisons et les conséquences de cette modification ont fait l'objet de discussions approfondies.

Les directives ont été mises à jour lors de la treizième consultation sur les dénominations communes pour les substances pharmaceutiques (Genève, 27-29 avril 1983) (PHARM S/NOM 928, 13 mai 1983, révision en date du 18 août 1983).

² Une liste plus complète de segments-clés est contenue dans le document de travail WHO/EMP/RHT/TSN/2018.1 qui est régulièrement mis à jour et qui peut être demandé auprès du programme des DCI, OMS, Genève

Latin	Français	
-acum	-ac	substances anti-inflammatoires du groupe de l'ibufénac analgésiques
-adolum	-adol	
-adol-	-adol-	
-astum	-ast	antiasthmatiques, antiallergiques n'agissant pas principalement en tant qu'antihistaminiques
-astinum	-astine	antihistaminiques
-azepamum	-azépam	substances du groupe du diazépam
bol	bol	stéroïdes anabolisants
-caïn-	-caïn-	antiarythmiques de classe I, dérivés du procaïnamide et de la lidocaïne
-cainum	-caïne	anesthésiques locaux
cef-	céf-	antibiotiques, dérivés de l'acide céphalosporanique
-cillinum	-cilline	antibiotiques, dérivés de l'acide 6-aminopénicillanique
-conazolum	-conazole	agents antifongiques systémiques du groupe du miconazole
cort	cort	corticostéroïdes, autres que les dérivés de la prednisolone
-coxibum	-coxib	inhibiteurs sélectifs de la cyclo-oxygénase
-entanum	-entan	antagonistes du récepteur de l'endothéline
gab	gab	gabamimétiques
-gado-	-gado-	agents diagnostiques, dérivés du gadolinium
-gatranum	-gatran	antithrombines, antithrombotiques
gest	gest	stéroïdes progestogènes
gli	gli	antihyperglycémiants
io-	io-	produits de contraste iodés
-metacinum	-métacine	substances anti-inflammatoires du groupe de l'indométacine
-mycinum	-mycine	antibiotiques produits par des souches de <i>Streptomyces</i>
-nidazolum	-nidazole	substances antiprotozoaires du groupe du métronidazole
-ololum	-olol	antagonistes des récepteurs β-adrénergiques
-oxacinum	-oxacine	substances antibactériennes du groupe de l'acide nalidixique
-platinum	-platine	antinéoplasiques, dérivés du platine
-poetinum	-poétine	facteurs sanguins de type érythropoïétine
-pril(at)um	-pril(ate)	inhibiteurs de l'enzyme de conversion de l'angiotensine
-profenum	-profène	substances anti-inflammatoires du groupe de l'ibuprofène
prost	prost	prostaglandines
-relinum	-réline	peptides stimulant la libération d'hormones hypophysaires
-sartanum	-sartan	antagonistes d'un récepteur de l'angiotensine II, antihypertenseurs (non peptidiques)
-vaptanum	-vaptan	antagonistes du récepteur de la vasopressine
vin-	vin-	alcaloïdes du type vinca
-vin-	-vin-	

ANEXO 1

**PROCEDIMIENTO DE SELECCIÓN DE DENOMINACIONES
COMUNES INTERNACIONALES RECOMENDADAS PARA
SUSTANCIAS FARMACÉUTICAS¹**

La Organización Mundial de la Salud (OMS) seguirá el procedimiento que se expone a continuación tanto para seleccionar denominaciones comunes internacionales recomendadas para las sustancias farmacéuticas, de conformidad con lo dispuesto en la resolución WHA3.11, como para sustituir esas denominaciones.

Artículo 1 - Las propuestas de denominaciones comunes internacionales recomendadas y las propuestas de sustitución de esas denominaciones se presentarán a la OMS en los formularios que se proporcionen a estos efectos. El estudio de estas propuestas estará sujeto al pago de una tasa destinada a sufragar los costos de administración que ello suponga para la Secretaría de la OMS («la Secretaría»). La Secretaría establecerá la cuantía de esa tasa y podrá ajustarla periódicamente.

Artículo 2 - Estas propuestas serán sometidas por la Secretaría a los miembros del Cuadro de Expertos en Farmacopea Internacional y Preparaciones Farmacéuticas encargados de su estudio, en adelante designados como «el Grupo de Expertos en DCI», para que las examinen de conformidad con los «Principios generales de orientación para formar denominaciones comunes internacionales para sustancias farmacéuticas», anexos a este procedimiento.² A menos que haya poderosas razones en contra, la denominación aceptada será la empleada por la persona que haya descubierto o fabricado y comercializado por primera vez esa sustancia farmacéutica.

Artículo 3 - Tras el examen al que se refiere el artículo 2, la Secretaría notificará que está en estudio un proyecto de denominación internacional.

a) Esa notificación se hará mediante una publicación en *Información Farmacéutica OMS*³ y el envío de una carta a los Estados Miembros y a las comisiones nacionales y regionales de las farmacopeas u otros organismos designados por los Estados Miembros.

i) La notificación será enviada también a la persona que haya presentado la propuesta («el solicitante inicial») y a otras personas que tengan un interés especial en una denominación objeto de estudio.

b) En esa notificación se incluirán los siguientes datos:

i) la denominación sometida a estudio;

ii) la identidad de la persona que ha presentado la propuesta de denominación de la sustancia, si lo pide esa persona;

iii) la identidad de la sustancia cuya denominación está en estudio;

iv) el plazo fijado para recibir observaciones y objeciones, así como el nombre y la dirección de la persona a quien deban dirigirse; y

v) los poderes conferidos para el caso a la OMS y una referencia al presente procedimiento.

¹ Véase el anexo 1 en OMS, Serie de Informes Técnicos, N° 581, 1975. El texto vigente fue adoptado por el Consejo Ejecutivo en su resolución EB15.R7 y modificado en las resoluciones EB43.R9 y EB115.R4..

² Véase el anexo 2.

³ Hasta 1987 las listas de DCI se publicaban en la *Crónica de la Organización Mundial de la Salud*.

c) Al enviar esa notificación, la Secretaría solicitará de los Estados Miembros la adopción de todas las medidas necesarias para impedir la adquisición de derechos de patente sobre la denominación propuesta, durante el periodo en que la OMS la tenga en estudio.

Artículo 4 - Toda persona puede formular a la OMS observaciones sobre la denominación propuesta dentro de los cuatro meses siguientes a su publicación en *Información Farmacéutica OMS*, conforme a lo dispuesto en el artículo 3.

Artículo 5 - Toda persona interesada puede presentar una objeción formal a una denominación propuesta dentro de los cuatro meses siguientes a su publicación en *Información Farmacéutica OMS*, conforme a lo dispuesto en el artículo 3.

Esa objeción deberá acompañarse de los siguientes datos:

- i) la identidad de la persona que formula la objeción;
- ii) las causas que motivan su interés por la denominación; y
- iii) las causas que motivan su objeción a la denominación propuesta.

Artículo 6 - Cuando se haya presentado una objeción formal en la forma prevista en el artículo 5, la OMS podrá reconsiderar el nombre propuesto o utilizar sus buenos oficios para intentar lograr que se retire la objeción. La OMS no seleccionará como denominación común internacional una denominación a la que se haya hecho una objeción formal, presentada según lo previsto en el artículo 5, que no haya sido retirada, todo ello sin perjuicio de que la Organización examine otra denominación o denominaciones sustitutivas.

Artículo 7 - Cuando no se haya formulado ninguna objeción en la forma prevista en el artículo 5, o cuando todas las objeciones presentadas hayan sido retiradas, la Secretaría notificará, conforme a lo dispuesto en el párrafo a) del artículo 3, que la denominación ha sido seleccionada por la OMS como denominación común internacional recomendada.

Artículo 8 - Al comunicar a los Estados Miembros una denominación común internacional, conforme a lo previsto en el artículo 7, la Secretaría:

a) solicitará que esta denominación sea reconocida como denominación común para la sustancia de que se trate; y

b) solicitará a los Estados Miembros que adopten todas las medidas necesarias para impedir la adquisición de derechos de patente sobre la denominación, y prohíban que sea registrada como marca de fábrica o como nombre comercial.

Artículo 9

a) En el caso excepcional de que, debido a su semejanza con otra denominación utilizada en las prácticas farmacéuticas y/o de prescripción, una denominación común internacional recomendada anteriormente ocasione errores de medicación, prescripción o distribución, o suponga un riesgo manifiesto de que esto ocurra, y parezca que tales errores o potenciales errores no sean fácilmente subsanables con otras medidas que no sean la posible sustitución de esa denominación común internacional recomendada anteriormente; en el caso de que una denominación común internacional recomendada anteriormente difiera considerablemente de la denominación común aprobada en un número importante de Estados Miembros, o en otras circunstancias excepcionales que justifiquen el cambio de una denominación común internacional recomendada, cualquier persona interesada puede presentar propuestas en este sentido. Esas propuestas se presentarán en los formularios que se proporcionen a estos efectos e incluirán los siguientes datos:

- i) la identidad de la persona que presenta la propuesta;
- ii) las causas que motivan su interés en la sustitución propuesta;
- iii) las causas que motivan la propuesta; y

iv) una descripción, acompañada de pruebas documentales, de las otras medidas que se hayan adoptado con el fin de resolver la situación y de los motivos por los cuales dichas medidas no han sido suficientes.

Entre esas propuestas podrá figurar una relativa a una nueva denominación común internacional sustitutiva, formulada con arreglo a los Principios generales y que tenga en cuenta la sustancia farmacéutica para la que se proponga la nueva denominación común internacional sustitutiva.

La Secretaría enviará al Grupo de Expertos en DCI y al solicitante inicial o a su sucesor (en el caso de que sea una persona diferente de la que ha presentado la propuesta de sustitución y siempre que el solicitante inicial o su sucesor sean conocidos o puedan ser encontrados mediante esfuerzos diligentes, como el contacto con las asociaciones industriales) una copia de la propuesta, para que sea examinada de conformidad con el procedimiento descrito en el párrafo *b) infra*.

Además, la Secretaría solicitará observaciones sobre la propuesta:

i) a los Estados Miembros y a las comisiones nacionales y regionales de las farmacopeas u otros organismos designados por los Estados Miembros (ello se hará incluyendo una notificación a tal efecto en la carta a la que se refiere el párrafo *a)* del artículo 3), y

ii) a cualquier persona que tenga un interés especial en la sustitución propuesta.

Al solicitar que se formulen estas observaciones se facilitarán los siguientes datos:

i) la denominación común internacional recomendada que se propone sustituir (y la denominación sustitutiva propuesta, si se ha facilitado);

ii) la identidad de la persona que ha presentado la propuesta de sustitución (si lo pide esa persona);

iii) la identidad de la sustancia a la que se refiere la sustitución propuesta y las razones para presentar la propuesta de sustitución;

iv) el plazo fijado para recibir observaciones, así como el nombre y la dirección de la persona a quien deban dirigirse; y

v) los poderes conferidos para el caso a la OMS y una referencia al presente procedimiento.

Toda persona puede formular a la OMS observaciones sobre la sustitución propuesta dentro de los cuatro meses siguientes a la fecha en que se realizó la solicitud de observaciones.

b) Una vez agotado el mencionado plazo para la formulación de observaciones, la Secretaría enviará todos los comentarios recibidos al Grupo de Expertos en DCI, al solicitante inicial o a su sucesor, y a la persona que haya presentado la propuesta de sustitución. Si después de examinar la propuesta de sustitución y las observaciones recibidas, el Grupo de Expertos en DCI, la persona que haya presentado la propuesta de sustitución y el solicitante inicial, o su sucesor, están de acuerdo en la necesidad de sustituir la denominación común internacional recomendada anteriormente, la Secretaría remitirá la propuesta de sustitución al Grupo de Expertos en DCI para que la tramite.

No obstante lo anterior, el solicitante inicial o su sucesor no tendrán derecho a impedir el acuerdo sobre una propuesta de sustitución en el caso de que hayan dejado de tener un interés demostrable en la denominación común internacional cuya sustitución se propone.

En caso de que la propuesta de sustitución sea presentada al Grupo de Expertos en DCI para que la tramite, este grupo seleccionará una nueva denominación común internacional de conformidad con los Principios generales a los que se refiere el artículo 2 y al procedimiento establecido en los artículos 3 a 8 inclusive. En ese caso, en las notificaciones que la Secretaría ha de enviar con arreglo a los artículos 3 y 7, respectivamente, incluida la notificación al solicitante

inicial o a su sucesor (en el caso de que no sea la misma persona que propuso la sustitución y siempre que el solicitante inicial o su sucesor sean conocidos o puedan ser encontrados mediante esfuerzos diligentes, como el contacto con las asociaciones industriales), se indicará que la nueva denominación sustituye a una denominación común internacional recomendada anteriormente y que los Estados Miembros podrán, si lo estiman oportuno, adoptar disposiciones transitorias aplicables a los productos existentes en cuya etiqueta se utilice, con arreglo a la legislación nacional, la denominación común internacional recomendada anteriormente que se haya sustituido.

En caso de que, después de haber estudiado la propuesta de sustitución y los comentarios recibidos de conformidad con el procedimiento descrito anteriormente, el Grupo de Expertos en DCI, el solicitante inicial o su sucesor y la persona que haya presentado la propuesta de sustitución no lleguen a un acuerdo sobre la existencia de razones poderosas para sustituir una denominación común internacional recomendada anteriormente, esta denominación se mantendrá (siempre en el entendimiento de que el solicitante inicial o su sucesor no tendrán derecho a impedir el acuerdo sobre una propuesta de sustitución en el caso de que hayan dejado de tener un interés demostrable en la denominación común internacional cuya sustitución se propone). En ese caso, la Secretaría comunicará a la persona que haya propuesto la sustitución, así como al solicitante inicial o a su sucesor (en el caso de que no sea la misma persona que propuso la sustitución y siempre que el solicitante inicial o su sucesor sean conocidos o puedan ser encontrados mediante esfuerzos diligentes, como el contacto con las asociaciones industriales), a los Estados Miembros, a las comisiones nacionales y regionales de las farmacopeas o a otros organismos designados por los Estados Miembros y a cualquier otra persona que tenga interés en la sustitución propuesta, que, pese a la presentación de una propuesta de sustitución, se ha decidido mantener la denominación común internacional recomendada anteriormente (con una descripción de la o las razones por las que se ha considerado que la propuesta de sustitución no estaba respaldada por razones suficientemente poderosas).

ANEXO 2

PRINCIPIOS GENERALES DE ORIENTACIÓN PARA FORMAR DENOMINACIONES COMUNES INTERNACIONALES PARA SUSTANCIAS FARMACÉUTICAS¹

1. Las denominaciones comunes internacionales (DCI) deberán diferenciarse tanto fonética como ortográficamente. No deberán ser incómodamente largas, ni dar lugar a confusión con denominaciones de uso común.

2. La DCI de una sustancia que pertenezca a un grupo de sustancias farmacológicamente emparentadas deberá mostrar apropiadamente este parentesco. Deberán evitarse las denominaciones que puedan tener connotaciones anatómicas, fisiológicas, patológicas o terapéuticas para el paciente.

Estos principios primarios se pondrán en práctica utilizando los siguientes principios secundarios:

3. Al idear la DCI de la primera sustancia de un nuevo grupo farmacológico, deberá tenerse en cuenta la posibilidad de poder formar DCI convenientes para las sustancias emparentadas que se agreguen al nuevo grupo.

4. Al idear DCI para ácidos, se preferirán las de una sola palabra; sus sales deberán denominarse sin modificar el nombre del ácido: p. ej. «oxacilina» y «oxacilina sódica», «ibufenaco» y «ibufenaco sódico».

¹ En su 20º informe (OMS, Serie de Informes Técnicos, N° 581, 1975), el Comité de Expertos de la OMS en Denominaciones Comunes para las Sustancias Farmacéuticas revisó los Principios generales para formar denominaciones comunes internacionales (DCI), y su procedimiento de selección, a la luz de las novedades registradas en los últimos años en materia de compuestos farmacéuticos. El cambio más importante había consistido en hacer extensivo a la denominación de sustancias químicas sintéticas el método utilizado hasta entonces para las sustancias originadas en productos naturales o derivadas de éstos. Dicho método conlleva la utilización de una «partícula» característica que indica una propiedad común a los miembros de un grupo. En el citado informe se examinan en detalle las razones y consecuencias de este cambio.

Los Principios generales de orientación se actualizaron durante la 13ª consulta sobre denominaciones comunes para sustancias farmacéuticas (Ginebra, 27 a 29 de abril de 1983) (PHARM S/NOM 928, 13 de mayo de 1983, revisado el 18 de agosto de 1983).

5. Las DCI para las sustancias que se usan en forma de sal deberán en general aplicarse a la base activa o al ácido activo. Las denominaciones para diferentes sales o ésteres de la misma sustancia activa solamente deberán diferir en el nombre del ácido o de la base inactivos. En los compuestos de amonio cuaternario, el catión y el anión deberán denominarse adecuadamente por separado, como componentes independientes de una sustancia cuaternaria y no como sales de una amina.
6. Deberá evitarse el empleo de letras o números aislados; también es indeseable el empleo de guiones.
7. Para facilitar la traducción y la pronunciación, se emplearán de preferencia las letras «f» en lugar de «ph», «t» en lugar de «th», «e» en lugar de «ae» u «oe», e «i» en lugar de «y»; se deberá evitar el empleo de las letras «h» y «k».
8. Siempre que las denominaciones propuestas estén de acuerdo con estos principios, recibirán una consideración preferente las denominaciones propuestas por la persona que haya descubierto las sustancias, o que fabrique y comercialice por primera vez una sustancia farmacéutica, así como las denominaciones ya adoptadas oficialmente en cualquier país.
9. El parentesco entre sustancias del mismo grupo se pondrá de manifiesto en las DCI (véase el Principio 2) utilizando una partícula común. En la lista que figura a continuación se indican ejemplos de partículas para grupos de sustancias, en particular para grupos nuevos. Existen muchas otras partículas que se usan habitualmente.¹ Cuando una partícula aparece sin guión alguno, puede utilizarse en cualquier lugar de la palabra.

Latin	Español	
-acum	-aco	antiinflamatorios derivados del ibufenaco
-adolum	-adol)	analgésicos
-adol-	-adol-)	
-astum	-ast	antiasmáticos, sustancias antialérgicas cuya acción principal no es la antihistamínica
-astinum	-astina	antihistamínicos
-azepamum	-azepam	derivados del diazepam
bol	bol	esteroides anabolizantes
-cain-	-caína-	antiarrítmicos de clase I, derivados de procainamida y lidocaína
-cainum	-caína-	anestésicos locales
cef-	cef-	antibióticos, derivados del ácido cefalosporánico
-cillinum	-cilina	antibióticos derivados del ácido 6-aminopenicilánico
-conazolum	-conazol	antifúngicos sistémicos derivados del miconazol
cort	cort	corticosteroides, excepto derivados de prednisolona
-coxibum	-coxib	inhibidores selectivos de ciclooxigenasa
-entanum	-entán	antagonistas del receptor de endotelina
gab	gab	gabamiméticos
gado-	gado-	agentes para diagnóstico derivados de gadolinio
-gartranum	-gatrán	inhibidores de la trombina antitrombóticos
gest	gest	esteroides progestágenos
gli	gli	hipoglucemiantes, antihiper glucémicos
io-	io-	medios de contraste iodados
-metacinum	-metacina	antiinflamatorios derivados de indometacina
-mycinum	-micina	antibióticos producidos por cepas de <i>Streptomyces</i>
-nidazolum	-nidazol	antiprotozoarios derivados de metronidazol
-ololum	-olol	antagonistas de receptores β-adrenérgicos

¹ En el documento de trabajo WHO/EMP/RHT/TSN/2018.1, que se actualiza periódicamente y puede solicitarse al Programa sobre Denominaciones Comunes Internacionales, OMS, Ginebra, figura una lista más amplia de partículas.

-oxacinum	-oxacino	antibacterianos derivados del ácido nalidíxico
-platinum	-platino	antineoplásicos derivados del platino
-poetinum	-poetina	factores sanguíneos similares a la eritropoyetina
-pril(at)um	-pril(at)	inhibidores de la enzima conversora de laangiotensina
-profenum	-profeno	antiinflamatorios derivados del ibuprofeno
prost	prost	prostaglandinas
-relinum	-relina	péptidos estimulantes de la liberación de hormonas hipofisarias
-sartanum	-sartán	antihipertensivos (no peptídicos) antagonistas del
-vaptanum	-vaptán	antagonistas del receptor de vasopresina
vin-	vin-)	alcaloides de la vinca
-vin-	-vin-)	