



DIRECCIÓN DE NUEVAS CREACIONES
MODIFICACIONES Y/O CORRECCIONES

1. Identificación del Trámite

☐ Error material

☒ Modificación a una Solicitud en trámite

☒ Patente de Invención

☐ Patente de Modelo de Utilidad

☐ Registro de Diseño Industrial

☐ Esquema de Trazado de Circuitos Integrados

2. Datos del solicitante

Persona Natural ☐

Persona Jurídica ☒

INDIANA UNIVERSITY RESEARCH AND TECHNOLOGY CORPORATION

Nombre o denominación / Nombre o razón social completa

Nombre representante legal

Tipo de empresa

Micro ☐

Pequeña ☐

Mediana ☐

Otra ☒

Documento de identificación:

☐ C.C.

☐ C.E.

☐ NIT

☐ Otro Número EMPRESA EXTRANJERA

Nacionalidad/País de constitución	Dirección y domicilio del titular	Ciudad
USA	351 West 10 th Street, Indianapolis, IN 46202	INDIANAPOLIS
Dirección electrónica	No. Fax	Número telefónico



Autorizo expresamente a la Superintendencia de Industria y Comercio para que todas las comunicaciones sean enviadas a través de la dirección de correo electrónico

3. Datos del apoderado:

CARLOS ORLANDO MAYA RODRIGUEZ

CC. No. 17117818

No.17.402 C.S. de la J

Apellidos y Nombre

Documento de identificación

Tarjeta profesional

Dirección y domicilio:		Ciudad:
Cra. 13 A No. 28-38 Ofc. 230		BOGOTÁ D.C.
Dirección electrónica	No. Fax	Número telefónico
<u>consultas@tmtamayo.net</u>	(57 1) 2435423	(57 1) 3419841

En caso de haber presentado poder general para asuntos que se adelanten ante la Delegatura de Propiedad Industrial, sírvase indicar el número de su radicación o protocolo de poder general

4. Datos del trámite

Expediente No 13-145190

Aparece

Debe ser

Modificación:

☒ Modificación al capítulo reivindicatorio.

SE PRESENTA UN PLIEGO REIVINDICATORIO QUE CONSTA DE 135 REIVINDICACIONES PARA QUE SEA ESTE EL ESTUDIADO AL MOMENTO DEL EXAMEN (SE ANEXA EXPLICACIÓN DE LAS MODIFICACIONES) ACLARAMOS QUE AL MOMENTO DE LA SOLICITUD, SE APORTÓ PAGO POR EXCEDENTE EN REIVINDICACIONES, SIN QUE EL ACTUAL EXCEDA EL VALOR INICIAL.

☐ Modificación al capítulo descriptivo.

☐ Modificación al resumen.

☐ Modificación a los dibujos.

☐ Modificación al solicitante.

5. Anexos

- ☒ Comprobante pago de la tasa para la presentación de la modificación No 14-0032815
- ☐ Poder, si fuere el caso.
- ☒ Documento que contiene las modificaciones o correcciones. (CIENTO TREINTA Y CINCO (135) REIVINDICACIONES)
- ☐ Copia de la solicitud y sus anexos en formato magnético.

6. Firma

CARLOS ORLANDO MAYA RODRIGUEZ

Nombre y apellidos

17.117.818- Bogotá

C.C

Firma

17.402 del C. S de la J.

Tarjeta Profesional

SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO

NIT : 800.176.089-2

- / -



Industria y Comercio
SUPERINTENDENCIA

RECIBO DE CAJA

No. 14 - 0032815

Bogotá D.C., Marzo 26 de 2014 - 11:36:47

RECIBIDO DE : TM TAMAYO Y ASOCIADOS LTDA

NI 830.091.650

RE

***** Soporte del Pago *****

TIPO PAGO	BANCO	CUENTA	No. PAGO	FECHA PAGO	VR PAGO
RECIBO DE CA	999999999	32183	25/03/2014		335.000.00
CONSIGNACION	BANCO DE BOGOTA	062754387	493238071	26/03/2014	313.000.00

***** Conceptos Pagados *****

CANT.	RENTISTICO	CONCEPTO	Vr.UNDITARIO	Vr.CONCEPTO
1	50005-01-03 CAMBIO DE MODALIDAD Y MODIFICACIONES	EN N. CREACION CORRECCION A SOLICITUD EN TRAMITE / MODIFICA	128.000.00	128.000.00
				<u>\$128.000.00</u>

SON: **CIENTO VEINTIOCHO MIL PESOS MONEDA CORRIENTE**

Responsable: _____

Recibo de Caja Aplicado al Expediente No. 13-145190

SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO



No. 13-145190- 00005-0000

Fecha: 2014-03-27 12:56:42 Dep. 2020 DIR.NUEVASCR
Tra. 11 PATENTEIYII Eve: 378 FASENACIONALI
Act. 608 MODIFICASOLICIT Folios: 37

Sede Centro: Carrera 13 No. 27 - 00 Pisos 3,4,5 y 10 Bogotá, D.C. - Colombia

Web: www.sic.gov.co e-mail: info@sic.gov.co Conmutador: (571) 5870000 Fax: (571) 5870284 Línea: 018000-910165 Call Center: (571) 6513240

, Marzo 26 de 2014 - 11:36:47

EXPLICACION DE LAS MODIFICACIONES:

Se hace una presentación voluntaria de modificación al pliego reivindicatorio, por lo que se aclara:

En este nuevo pliego, se han reubicado las reivindicaciones de manera tal que las anteriores cláusulas 52-61 han sido re-numeradas como las nuevas cláusulas 1-10.

Las cláusulas siguientes han sido re-numeradas, y su subordinación ha sido debidamente corregida.

Asimismo, se ha eliminado la anterior cláusula 136.

El actual pliego está enteramente sustentado en la memoria original por lo que no se ha ampliado el alcance de la materia divulgada originalmente.

R E I V I N D I C A C I O N E S

1. Un péptido **CARACTERIZADO** porque comprende la secuencia de

(a) SEQ ID No. 184,

HX₂X₃GTFTSDX₁₀SKYLDX₁₆RX₁₈AX₂₀X₂₁FVQWLX₂₇X₂₈X₂₉GPSSGX₃₅PPPS

(SEQ ID NO: 184)

en donde:

X₂ es AIB;

X₃ es Gln o análogo de Gln,

X₁₀ es Tyr o un aminoácido unido de forma covalente a un grupo acilo o alquilo de C12 a C18,

X₁₆ es cualquier aminoácido, opcionalmente, cualquier aminoácido que no sea Gly, Pro y Ser,

X₁₈ es Arg o Ala,

X₂₀ es un aminoácido con carga negativa o un aminoácido con carga neutral, opcionalmente, AIB o Gln,

X₂₁ es un aminoácido ácido, opcionalmente, Asp o Glu,

X₂₇ es Leu, Ala, Nle o Met,

X₂₈ es Ala o un aminoácido ácido (opcionalmente, Asp o Glu),

X₂₉ es Ala o Gly,

X₃₅ es Ala o un aminoácido básico (opcionalmente, Arg o Lys),

en donde, cuando X₂₈ es un aminoácido ácido, X₃₅ es un aminoácido básico,

en donde, cuando X₁₀ es Tyr, el péptido comprende en la posición 40 un aminoácido unido de forma covalente a un grupo

alquilo o acilo de C12 a C18 y en donde, opcionalmente, el péptido comprende Gly en posición 41, en donde, el aminoácido de extremo C del péptido está amidado o

(b) SEQ ID NO: 184 con hasta 3 modificaciones de aminoácido relacionadas con SEQ ID NO: 184, en donde el péptido presenta actividad agonista en el receptor de GIP humano, el receptor de GLP-1 y el receptor de glucagón humano.

2. El péptido de acuerdo con la reivindicación 1, **CARACTERIZADO** porque X₁₀ es Tyr, el péptido comprende en la posición 40 un aminoácido unido de forma covalente a un grupo alquilo o acilo de C12 a C18 y el péptido opcionalmente comprende Gly en posición 41.

3. El péptido de acuerdo con las reivindicaciones 1 o 2, **CARACTERIZADO** porque X₁₀ es un aminoácido unido de forma covalente a un grupo alquilo o acilo de C12 a C18.

4. El péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3, **CARACTERIZADO** porque X₂₀ es Gln.

5. El péptido de acuerdo con la reivindicación 4, **CARACTERIZADO** porque el aminoácido en posición 16 es un aminoácido con carga negativa, opcionalmente, Glu.

6. El péptido de acuerdo con la reivindicación 5, **CARACTERIZADO** porque X₁₈ es Ala.

7. El péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3, **CARACTERIZADO** porque X₂₀ es AIB.

8. El péptido de acuerdo con la reivindicación 7, **CARACTERIZADO** porque X₁₆ es un aminoácido distinto a AIB.

9. El péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 8, **CARACTERIZADO** porque (i) X₂₈ es un aminoácido ácido, opcionalmente Asp o Glu y X₃₅ es un aminoácido básico, opcionalmente Arg o Lys, (ii) sólo uno de X₂₇ X₂₈ y X₂₉ es un Ala, (iii) el péptido comprende un Gly amidado en el extremo C.

10. El péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 9, **CARACTERIZADO** porque las modificaciones de hasta 3 aminoácidos son sustituciones conservadoras.

11. Un análogo de glucagón (SEQ ID NO: 1) **CARACTERIZADO** porque comprende:

a. un aminoácido que comprende una cadena lateral de imidazola en posición 1;

b. un aminoácido protector de DPP-IV en posición 2, opcionalmente, AIB,

c. un aminoácido acilado o un aminoácido alquilado en cualquiera de las posiciones 9, 10, 12, 16 o 37-43, opcionalmente en donde el grupo acilo o alquilo se unen al aminoácido mediante un separador,

- d. un aminoácido alfa-alfa-disustituido en posición 20, y
- e. hasta 10 modificaciones de aminoácidos adicionales relacionadas con la SEQ ID NO: 1;

en donde, cuando el análogo de glucagón carece de una partícula hidrofílica, el análogo de glucagón presenta un porcentaje de potencia de GIP de, al menos, 0,1%, en donde el análogo de glucagón tiene una selectividad 100 veces menor para el receptor GLP-1 humano en comparación con el receptor GIP.

12. El análogo de glucagón de acuerdo con la reivindicación 11, **CARACTERIZADO** porque el aminoácido α,α -disustituido comprende R1 y R2, cada uno de los cuales está unido al carbono alfa, en donde R1 y R2 son seleccionados de forma independiente del grupo que consiste en alquilo C1-C4, opcionalmente sustituido por hidroxilo, amida, tiol, halo o R1 y R2 junto con el carbono alfa al cual se encuentran unidos para formar un anillo.

13. El análogo de glucagón de acuerdo con la reivindicación 12 **CARACTERIZADO** porque aminoácido α,α -disustituido en posición 20 es AIB.

14. El análogo de glucagón de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 11 a 13, **CARACTERIZADO** porque el aminoácido en posición 16 es una hélice alfa que estabiliza a los aminoácidos que no sean AIB.

15. El análogo de glucagón de acuerdo con la reivindicación 14, **CARACTERIZADO** porque el aminoácido en posición 16 es un aminoácido con carga, opcionalmente un aminoácido con carga negativa o un aminoácido con carga positiva.

16. El análogo de glucagón de acuerdo con la reivindicación 15, **CARACTERIZADO** porque el aminoácido con carga es Glu o Lys.

17. Un análogo de glucagón (SEQ ID NO: 1), **CARACTERIZADO** porque comprende:

a. un aminoácido **CARACTERIZADO** porque comprende una cadena lateral de imidazola en la posición 1,

b. un aminoácido protector DPP-IV en posición 2, opcionalmente AIB,

c. un aminoácido acilado o un aminoácido alquilado en cualquiera de las posiciones 9, 10, 12, 16, 20 o 37-43, opcionalmente, en donde el grupo acilo o alquilo está ligado al aminoácido a través de un separador,

d. una hélice alfa que estabiliza el aminoácido en una o más de las posiciones 16-21, opcionalmente, posición 16, en donde el análogo no comprende una hélice alfa que estabiliza el aminoácido en posición 20 y

e. hasta 10 modificaciones de aminoácido relacionadas con SEQ ID NO: 1,

en donde, cuando el análogo de glucagón carece de una partícula hidrofílica, el análogo de glucagón muestra un porcentaje de potencia de GIP de, al menos, 0,2%, en donde el

análogo de glucagón una selectividad 100 veces menor para el receptor de GLP-1 humano en comparación con el receptor de GIP.

18. El análogo de glucagon de acuerdo con la reivindicación 17, **CARACTERIZADO** porque comprende una hélice alfa que estabiliza el aminoácido en posición 16, opcionalmente, en donde la hélice alfa es un aminoácido con carga negativa o un aminoácido alfa, alfa-disustituido.

19. El análogo de glucagón de acuerdo con la reivindicación 18, **CARACTERIZADO** porque el aminoácido con carga negativa es Glu.

20. El análogo de glucagón de acuerdo con la reivindicación 18, **CARACTERIZADO** porque el aminoácido α,α -disustituido comprende R1 y R2, cada uno de los cuales está unido al carbono alfa, en donde R1 y R2 se seleccionan de forma independiente del grupo que consiste en alquilo C1-C4, opcionalmente sustituido con un hidroxilo, amida, tiol, halo o R1 y R2 junto con el carbono alfa al que están unidos para formar un anillo.

21. El análogo de glucagón de acuerdo con la reivindicación 20, **CARACTERIZADO** porque el aminoácido α,α -disustituido es AIB.

22. El análogo de glucagón de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 17 a 21, **CARACTERIZADO** porque comprende en la posición 18 un aminoácido alifático pequeño, opcionalmente, Ala, y un Arg en posición 17.

23. El análogo de glucagón de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 17 a 22, **CARACTERIZADO** porque el análogo no está modificado en la posición 20 en comparación con SEQ ID NO:1.

24. El análogo de glucagón de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 11 a 23, **CARACTERIZADO** porque comprende (i) una extensión de 1 a 21 aminoácidos de extremo C hasta el aminoácido en posición 29 o (ii) el aminoácido acilado o un aminoácido alquilado están en posición 10, 12 o 16.

25. El análogo de glucagón de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 11 a 24, en **CARACTERIZADO** porque el aminoácido en posición 1 es His o un derivado de His.

26. El análogo de glucagón de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 11 a 25, en **CARACTERIZADO** porque el aminoácido en posición 2 es un aminoácido alfa, alfa-disustituido.

27. El análogo de glucagón de acuerdo con la reivindicación 26, **CARACTERIZADO** porque el aminoácido α,α -disustituido comprende R1 y R2, cada uno de los cuales está unido al

carbono alfa, en donde R1 y R2 se seleccionan de forma independiente del grupo que consiste en alquilo C1-C4, opcionalmente sustituido con hidroxilo, amida, tiol, halo o R1 y R2 junto con el carbono alfa al que están unidos forman un anillo.

28. El análogo de glucagón de acuerdo con la reivindicación 27, **CARACTERIZADO** porque el aminoácido α,α -disustituido en posición 2 es AIB.

29. El análogo de glucagón de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 11 a 28, **CARACTERIZADO** porque comprende una extensión de 1 a 21 aminoácidos de extremo C hasta el aminoácido en posición 29.

30. El análogo de glucagón de acuerdo con la reivindicación 29, **CARACTERIZADO** porque el aminoácido en posición 29 es Gly.

31. El análogo de acuerdo con las reivindicaciones 29 o 30, **CARACTERIZADO** porque la extensión comprende una secuencia de aminoácido que forma una estructura de jaula de Trp.

32. El análogo de glucagón de acuerdo con la reivindicación 31, **CARACTERIZADO** porque la extensión comprende una secuencia de aminoácido de GPSSGAPPPS (SEQ ID NO:5) o una secuencia de ella sustituida de forma conservadora.

33. El análogo de glucagón de acuerdo con las reivindicaciones 29 o 30, **CARACTERIZADO** porque la extensión comprende al menos un aminoácido con carga.

34. El análogo de glucagón de acuerdo con la reivindicación 33, **CARACTERIZADO** porque la extensión comprende una secuencia de aminoácido de X1-X2, en donde X1 es un aminoácido cargado y X2 es un aminoácido alifático pequeño.

35. El análogo de glucagón de acuerdo con la reivindicación 34, **CARACTERIZADO** porque X1 es un aminoácido con carga positiva.

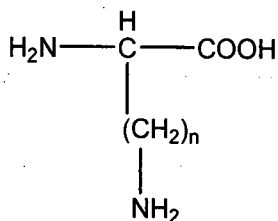
36. El análogo de glucagón de acuerdo con la reivindicación 35, **CARACTERIZADO** porque X1 es Arg.

37. El análogo de glucagón de acuerdo con la reivindicación 36 **CARACTERIZADO** porque la extensión comprende Arg-Gly.

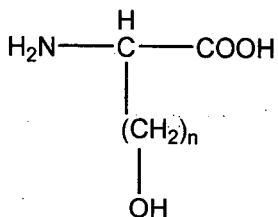
38. El análogo de glucagón de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 11 a 37, excepto la 24, **CARACTERIZADO** porque (i) el aminoácido que comprende un grupo alquilo o acilo no nativo está localizado en posición 10 o (ii) el análogo de glucagón comprende una extensión de 1 a 21 aminoácidos de extremo C hasta el aminoácido en posición 29 y un aminoácido acilado o un aminoácido alquilado en cualquiera de las posiciones 37-43, opcionalmente 40.

39. El análogo de glucagón de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 11 a 37 **CARACTERIZADO** porque el aminoácido acilado o aminoácido alquilado está en posición 14.

40. El análogo de glucagón de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 11 a 39, **CARACTERIZADO** porque el grupo acilo o el grupo alquilo está unido al amino ácido que comprende una estructura de Fórmula I (opcionalmente, Lys), Fórmula II (opcionalmente, Cys) o Fórmula III (opcionalmente, Ser), en donde las Fórmulas I, II y III es:

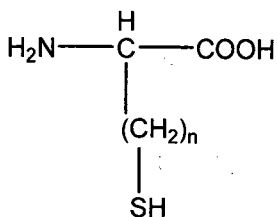


en donde $n = 1$ a 4
[Fórmula I]



en donde $n = 1$ a 4

[Fórmula II] y



en donde $n = 1$ a 4

[Fórmula III].

41. El análogo de glucagón de acuerdo con las reivindicaciones 11 a 39, **CARACTERIZADO** porque el aminoácido del grupo acilo o grupo alquilo está unido al amino-Phe o Tyr.

42. El análogo de glucagón de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 11 a 41, **CARACTERIZADO** porque el grupo acilo o grupo alquilo está unido a un aminoácido mediante a un separador de 3 a 10 átomos de longitud.

43. El análogo de glucagón de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 11 a 42, **CARACTERIZADO** porque el separador es un aminoácido o un dipéptido.

44. El análogo de glucagón de acuerdo con la reivindicación 43, **CARACTERIZADO** porque el separador comprende uno o dos residuos de aminoácido ácido.

45. El análogo de glucagón de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 11 a 44, **CARACTERIZADO** porque el aminoácido acilado o aminoácido alquilado está unido al grupo alquilo o acilo a través de un separador en donde la longitud total del separador y de grupo acilo es de una longitud aproximada de 14 a 28 átomos.

46. El análogo de glucagón de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 11 a 45, **CARACTERIZADO** porque el aminoácido acilado o aminoácido alquilado está unido a un grupo acilo graso de C12 a C18.

47. El análogo de glucagón de acuerdo con la reivindicación 46, **CARACTERIZADO** porque el grupo acilo es un grupo acilo graso de C14 a C16.

48. El análogo de glucagón de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 11 a 47, **CARACTERIZADO** porque comprende al menos un aminoácido con carga de extremo C al aminoácido en posición 27.

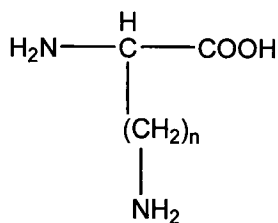
49. El análogo de glucagón de acuerdo con la reivindicación 48, **CARACTERIZADO** porque comprende un aminoácido con carga en posición 28.

50. El análogo de glucagón de acuerdo con las reivindicaciones 48 o 49, **CARACTERIZADO** porque el aminoácido con carga es un aminoácido con carga negativa.

51. El análogo de glucagón de acuerdo con la reivindicación 50, **CARACTERIZADO** porque el aminoácido con carga negativa es Asp.

52. El análogo de glucagón de acuerdo con las reivindicaciones 48 o 49, **CARACTERIZADO** porque el aminoácido con carga es un aminoácido con carga positiva.

53. El análogo de glucagón de acuerdo con la reivindicación 52, **CARACTERIZADO** porque el aminoácido con carga positiva es un aminoácido de Fórmula I:



en donde $n = 1$ a 4

[Fórmula I].

54. El análogo de acuerdo con la reivindicación 53, **CARACTERIZADO** porque es un aminoácido de Fórmula I en posición 28 es Lys.

55. El análogo de glucagón de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 11 a 54, **CARACTERIZADO** porque comprende una modificación de aminoácido en posición 27, en posición 29 o en ambas posiciones 27 y 29.

56. El análogo de glucagón de acuerdo con la reivindicación 55, **CARACTERIZADO** porque el aminoácido en posición 27 es Leu, Nle, Val o Lys.

57. El análogo de glucagón de acuerdo con las reivindicaciones 55 o 56, **CARACTERIZADO** porque el aminoácido en posición 29 es Gly o Thr.

58. El análogo de glucagón de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 11 a 57, **CARACTERIZADO** porque comprende uno o más de:

- i. un aminoácido protector DPP-IV en posición I,

- ii. un aminoácido ácido, opcionalmente, Glu, en posición 3,
 - iii. un Ile en posición 7,
 - iv. un Ile o Arg en posición 12,
 - v. un aminoácido ácido, opcionalmente Glu, en posición 15,
 - vi. un aminoácido alifático, opcionalmente, Ala en posición 18,
 - vii. un aminoácido ácido, opcionalmente, Glu en posición 21,
 - viii. un Asn, Ala o AIB en posición 24,
 - ix. un aminoácido alifático, opcionalmente, Ala, Leu o Nle, en posición 27,
 - x. un aminoácido ácido, opcionalmente, Glu o un aminoácido ácido alifático, opcionalmente, Ala en posición 28.
 - xi. un aminoácido alifático, opcionalmente, Ala en posición 29,
 - xii. amidación en el extremo C.
59. El análogo de glucagón de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 11 a 58, **CARACTERIZADO** porque comprende una secuencia de aminoácido de cualquiera de las SEQ ID Nos. 184 a 199.

60. El análogo de glucagón de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 11 a 58, **CARACTERIZADO** porque comprende cualquiera de las SEQ ID Nos: 28, 29, 31, 37-41, 79, 80, 89, 90, 95, 130, 145-152, 155-167, 171, 176, 177, 180, 203-207, 212 y 230.

61. El análogo de glucagón de acuerdo con la reivindicación 60, **CARACTERIZADO** porque comprende una secuencia de aminoácido de cualquiera de las SEQ ID Nos: 28, 37, 89, 95, 130, 171 y 180.

62. Un péptido **CARACTERIZADO** porque comprende la secuencia de
(a) SEQ ID NO: 185,

HX₂QGTFTSDX₁₀SKYLDX₁₆RX₁₈AX₂₀X₂₁FVQWLX₂₇X₂₈X₂₉GPSSGAPPPS

(SEQ ID NO: 185)

en donde:

X₂ es AIB

X₁₀ es Tyr o un aminoácido unido de forma covalente a un grupo alquilo o acilo de C12 a C18,

X₁₆ es Glu, un aminoácido alfa, alfa disustituido, Lys o

X₁₈ es Arg o Ala,

X₂₀ es AIB o Gln,

X₂₁ es Asp o Glu,

X₂₇ es Leu, Nle o Met,

X₂₈ es Ala, Asp o Glu,

X₂₉ es Gly o Thr y

en donde, cuando X₁₀ es Tyr, el peptide comprende en posición 40 un aminoácido uno de forma covalente a un grupo alquilo o

acilo de C12 a C18 y en donde, opcionalmente, el péptido comprende Gly en posición 41,
en donde el aminoácido de extreme C del péptido está amidado o

(b) SEQ ID NO: 185 con hasta 3 modificaciones de aminoácido relacionadas con SEQ ID NO: 185, en donde el péptido presenta actividad agonista en el receptor de GIP humano, el receptor GLP-1 humano y el receptor de glucagón humano.

63. El péptido de acuerdo con la reivindicación 62, **CARACTERIZADO** porque hasta 3 modificaciones de aminoácidos son sustituciones conservadoras.

64. Un péptido **CARACTERIZADO** porque comprende:

(a) la secuencia de SEQ ID NO 186

HX₂X₃GTFTSDX₁₀SKYLDX₁₆RX₁₈AX₂₀X₂₁FVQWLX₂₇X₂₈X₂₉

(SEQ ID NO: 186)

en donde:

X₂ es AIB

X₃ es Gln o análogo de Gln,

X₁₀ es Tyr o un aminoácido unido de forma covalente a un grupo alquilo o acilo de C10 a C26,

X₁₆ es cualquier aminoácido, opcionalmente cualquier aminoácido diferente de Gly, Pro y Ser;

X₁₈ es Arg o Ala,

X₂₀ es un aminoácido con carga negativa o un aminoácido de carga neutra, opcionalmente AIB o Gln,

X₂₁ es un aminoácido ácido, opcionalmente Asp o Glu,

X₂₇ es Leu, Ala, Nle o Met,

X₂₈ es Ala, o un aminoácido ácido (opcionalmente Asp o Glu),

X₂₉ es Ala, Gly o Thr y

en donde el péptido comprende un aminoácido unido de manera covalente a un grupo acilo o alquilo de C10 a C26, opcionalmente en la posición 10, y el aminoácido del extremo de C del péptido está amidado, o

(b) SEQ ID NO: 186 con hasta 3 modificaciones de aminoácido relacionadas con SEQ ID NO: 186, en donde el péptido presenta actividad agonista en cada uno del receptor de GIP humano, el receptor de GLP-1 humano y el receptor de glucagón humano.

65. El péptido de acuerdo con la reivindicación 64, **CARACTERIZADO** porque X₂₀ es AIB.

66. El péptido de acuerdo con la reivindicación 65, **CARACTERIZADO** porque X₂₉ es Thr y el péptido no comprende GPSSGAPPPS (SEQ ID NO: 5).

67. El péptido de acuerdo con las reivindicaciones 65 o 66, **CARACTERIZADO** porque X₁₆ es un aminoácido diferente a AIB.

68. El péptido de acuerdo con la reivindicación 64, **CARACTERIZADO** porque X₂₀ es Gln.

69. El péptido de acuerdo con la reivindicación 68, **CARACTERIZADO** porque el aminoácido en posición 16 es un aminoácido con carga negativa, opcionalmente, Glu.

70. El péptido de acuerdo con la reivindicación 69, **CARACTERIZADO** porque X₁₈ es Ala.

71. El péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 64 a 70, excepto la 66, **CARACTERIZADO** porque comprende una extensión de 1 a 21 aminoácidos de extremo C hasta el aminoácido en posición 29.

72. El péptido de acuerdo con la reivindicación 71, **CARACTERIZADO** porque el aminoácido en posición 29 es Gly.

73. El péptido de acuerdo con las reivindicaciones 71 o 72, **CARACTERIZADO** porque la extensión comprende la secuencia de aminoácido GPSSGAPPPS (SEQ ID NO: 5) o una secuencia de ella sustituida de forma conservadora, o en donde la extensión comprende la secuencia X1-X2, en donde X1 es un aminoácido cargado y X2 es un aminoácido alifático pequeño, opcionalmente, en donde X1 es un aminoácido con carga positiva.

74. El péptido de acuerdo con la reivindicación 73, **CARACTERIZADO** porque el aminoácido con carga positiva es Arg.

75. El péptido de acuerdo con la reivindicación 74, **CARACTERIZADO** porque la extensión comprende o consiste en Arg-Gly.

76. El péptido de acuerdo con la reivindicación 73, **CARACTERIZADO** porque la extensión comprende la secuencia de aminoácido GPSSGAPPPS (SEQ ID NO:5), seguido de Lys o Lys-Gly, en donde Lys está unido de forma covalente a un grupo acilo de C10 a C26.

77. El péptido de acuerdo con la reivindicación 64, que comprende SEQ ID No. 186, **CARACTERIZADO** porque X₂ es AIB, X₃ es Gln, X₁₀ es un aminoácido unido de forma covalente a un grupo alquilo o acilo de C10 a C26, X₁₈ es Arg o Ala, X₂₀ es AIB o Gln, X₂₁ es Asp o Glu, X₂₉ es Gly y el aminoácido de extremo C amidado, en donde Gly en posición 29 está fusionado con GPSSGAPPPS seguido de Lys o Lys-Gly, en donde el Lys es unido de forma covalente a un grupo acilo de C10 a C26.

78. El péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 64 a 77, **CARACTERIZADO** porque las modificaciones de hasta 3 aminoácidos son sustituciones conservadoras.

79. Un péptido **CARACTERIZADO** porque comprende

(a) la secuencia de SEQ ID NO: 187:

HX₂QGTFTSDX₁₀SKYLDX₁₆RX₁₈AX₂₀X₂₁FVQWLX₂₇X₂₈X₂₉

(SEQ ID NO: 187)

en donde:

X₂ es AIB,

X₁₀ es Tyr o un aminoácido unido de forma covalente a un grupo alquilo o acilo de C10 a C 26,

X₁₆ es Glu, aminoácido alfa, alfa-disustituido o Lys,

X₁₈ es Arg o Ala,

X₂₀ es un aminoácido con carga negativa o un aminoácido con carga neutral, opcionalmente, AIB o Gln,

X₂₁ es Asp o Glu,

X₂₇ es Leu, Ala, Nle o Met,

X₂₈ es Ala, Asp o Glu,

X₂₉ es Gly o Thr y

en donde el peptide comprende un aminoácido unido de forma covalente a un grupo alquilo o acilo de C12 a C18, opcionalmente, en posición 10 y el aminoácido de extremo C del péptido está amidado o

(b) SEQ ID NO: 187 con hasta 3 modificaciones de aminoácido relacionadas con SEQ ID NO: 187, en donde el péptido presenta actividad agonista en el receptor GIP humano, el receptor GLP-1 humano y el receptor de glucagón humano.

80. El péptido de acuerdo con la reivindicación 79, **CARACTERIZADO** porque las modificaciones de hasta 3 aminoácidos son sustituciones conservadoras.

81. Un péptido que comprende la secuencia SEQ ID No: 188 o una secuencia de SEQ ID No: 188 con hasta 3 modificaciones de aminoácido relacionadas con SEQ ID No: 188, **CARACTERIZADO**

porque el péptido presente actividad agonista en el receptor GIP humano y en el receptor GLP-1 humano.

82. Un péptido que comprende la secuencia de SEQ ID No: 189 o una secuencia de SEQ ID No: 189 con hasta 3 modificaciones de aminoácidos relacionadas con SEQ ID No: 189, **CARACTERIZADO** porque el péptido presenta actividad agonista en el receptor GIP y el receptor GLP-1 humano.

83. Un péptido que comprende una secuencia de SEQ ID No: 190 o una secuencia de SEQ ID No: 190 con hasta 3 modificaciones de aminoácidos relacionadas con SEQ ID No: 190, **CARACTERIZADO** porque el péptido presenta actividad agonista en el receptor de GIP humano y el receptor de GLP-1 humano.

84. Un péptido que comprende una secuencia de SEQ ID No: 191 o una secuencia de SEQ ID No: 191 con hasta 3 modificaciones de aminoácidos relacionadas con SEQ ID No: 191, **CARACTERIZADO** porque el péptido presenta actividad agonista en el receptor de GIP humano y el receptor de GLP-1 humano.

85. Un péptido que comprende una secuencia de SEQ ID No: 192 o una secuencia de SEQ ID No: 192 con hasta 3 modificaciones de aminoácidos relacionadas con SEQ ID No: 192, **CARACTERIZADO** porque el péptido presenta actividad agonista en el receptor de GIP humano y el receptor de GLP-1 humano y, opcionalmente, en donde el péptido presenta actividad agonista en el receptor de glucagón humano.

86. Un péptido que comprende una secuencia de SEQ ID No: 193 o una secuencia de SEQ ID No: 193 con hasta 3 modificaciones de aminoácidos relacionadas con SEQ ID No: 193, **CARACTERIZADO** porque el péptido presenta actividad agonista en el receptor de GIP humano y el receptor de GLP-1 humano y, opcionalmente, en donde el péptido presenta actividad agonista en el receptor de glucagón humano.

87. Un péptido que comprende una secuencia de SEQ ID No: 194 o una secuencia de SEQ ID No: 194 con hasta 3 modificaciones de aminoácidos relacionadas con SEQ ID No: 194, **CARACTERIZADO** porque el péptido presenta actividad agonista en el receptor de GIP humano y el receptor de GLP-1 humano y, opcionalmente, en donde el péptido presenta actividad agonista en el receptor de glucagón humano.

88. Un péptido que comprende una secuencia de SEQ ID No: 195 o una secuencia de SEQ ID No: 195 con hasta 3 modificaciones de aminoácidos relacionadas con SEQ ID No: 195, **CARACTERIZADO** porque el péptido presenta actividad agonista en el receptor de GIP humano y el receptor de GLP-1 humano y, opcionalmente, en donde el péptido presenta actividad agonista en el receptor de glucagón humano.

89. El péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 52 a 88, **CARACTERIZADO** porque el grupo alquilo o acilo graso de C12-C18 es un grupo alquilo o acilo graso de C14-C16, opcionalmente unido mediante un separador.

90. El péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 52 a 89, **CARACTERIZADO** porque el aminoácido unido de forma covalente a un grupo alquilo o acilo de C12 a C18 es un Lys o un amino-Phe o Tyr o Cys unido de forma covalente a un grupo alquilo o acilo de C12 a C 18.

91. El péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 52 a 90, **CARACTERIZADO** porque el separador es un aminoácido o un dipéptido, opcionalmente, en donde el separador comprende uno o dos residuos de aminoácido ácido.

92. Un péptido **CARACTERIZADO** porque comprende la secuencia de SEQ ID NO: 28.

93. Un péptido **CARACTERIZADO** porque comprende la secuencia de SEQ ID NO: 37.

94. Un péptido **CARACTERIZADO** porque comprende la secuencia de SEQ ID NO: 89.

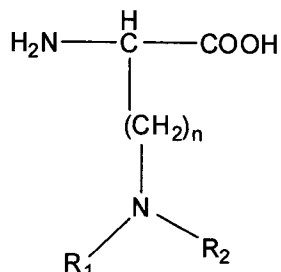
95. Un péptido **CARACTERIZADO** porque comprende la secuencia de SEQ ID NO: 171.

96. Un péptido **CARACTERIZADO** porque comprende la secuencia de SEQ ID NO: 180.

97. Un análogo de glucagón (SEQ ID NO: 1) que tiene actividad agonista de GIP y **CARACTERIZADO** porque comprende:

(a) un aminoácido que comprende una cadena lateral de imidazola en posición 1,

(b) en posición 16, un aminoácido de Fórmula IV:



[Fórmula IV],

en donde n es 1 a 7, en donde R1 y R2 se selecciona de forma independiente del grupo que consiste en H, C1-C18 alquilo, (C1-C18 alquilo)OH, (C1-C18 alquilo)NH2, (C1-C18 alquilo)SH, (C0-C4 alquilo)(C3-C6)cicloalquilo, (C0-C4 alquilo)(C2-C5 heterocíclico), (C0-C4 alquilo)(C6-C10 arilo)R7 y (C1-C4 alquilo)(C3-C9 heteroarilo), en donde R7 es H o OH, en donde opcionalmente la cadena lateral del aminoácido de Fórmula IV comprende un grupo amino libre,

(c) un aminoácido α,α -disustituido amino acid en posición 20,

(d) hasta 10 modificaciones de aminoácido adicionales relacionadas con SEQ ID NO:1,

en donde, cuando el análogo carece de una partícula hidrofílica, el análogo de glucagón presenta una actividad de al menos 0,1% de GIP nativo en el receptor de GIP, en donde el análogo de glucagón tiene una selectividad 100 veces menor para el receptor de GLP-1 humano en comparación con el receptor de GIP.

98. El análogo de glucagón de acuerdo con la reivindicación 97, **CARACTERIZADO** porque el aminoácido en posición 1 es His o un derivado de His.

99. El análogo de glucagón de acuerdo con las reivindicaciones 97 o 98, **CARACTERIZADO** porque el aminoácido de Fórmula IV en (b) es homoLys, Lys, Orn o ácido 2,4-diaminobutírico (Dab).

100. El análogo de glucagón de acuerdo con las reivindicaciones 97 a 99, **CARACTERIZADO** porque el aminoácido α,α -disustituido comprende R1 y R2, cada uno de los cuales está unido al carbono alfa, en donde R1 y R2 son seleccionados de forma independiente del grupo que consiste en C1-C4 alquilo, opcionalmente sustituido con hidroxilo, amida, tiol, halo o R1 y R2 junto con el carbono alfa al cual está unido forman un anillo.

101. El análogo de glucagón de acuerdo con la reivindicación 100, **CARACTERIZADO** porque el aminoácido α,α -disustituido en posición 20 es AIB.

102. El análogo de glucagón de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 97 a 101, **CARACTERIZADO** porque comprenden uno o más de:

a. un aminoácido protector DPP-IV en posición 2, opcionalmente AIB o D-Ser,

- b. un aminoácido no-polar, alifático, grande, en posición 12, opcionalmente Ile,
- c. un aminoácido distinto a Arg en posición 17, opcionalmente Gln,
- d. un aminoácido alifático pequeño en posición 18, opcionalmente Ala,
- e. un aminoácido distinto a Asp en posición 21, opcionalmente Glu,
- f. un aminoácido distinto a Gln en posición 24, opcionalmente Asn o Ala,
- g. un aminoácido distinto a Met en posición 27, opcionalmente, Leu,
- h. un aminoácido distinto a Asn en posición 28, opcionalmente Ala,
- i. un aminoácido distinto de Thr en posición 29, opcionalmente Gly,
- j. una extensión de 1 a 21 aminoácidos de extremo C hasta el amino ácido en posición 29 y
- k. la secuencia de aminoácido establecida como cualquiera de las SEQ ID Nos: 48, 52, 53 y 74.

103. Un análogo que comprende una secuencia madre con un total de hasta 3 modificaciones relacionadas con la secuencia madre, **CARACTERIZADO** porque la secuencia madre es cualquiera de las SEQ ID NOS: 27-33, 35-41, 43-46, 76-80, 83-87, 89, 90, 94-100, 102-112, 120-124 y 127-131 o cualquiera de las SEQ ID NOS: 48, 52, 53 y 74 o cualquiera de las SEQ ID NOS: 50, 51, 54, 56, 58-60, 62-66, 68-70, 72, 73, 75, 81, 82, 88, 92, 114-

119, 125, 126 y 133, en donde las modificaciones de aminoácidos se seleccionan del grupo que consiste en:

- a. aminoácido protector DPP-IV en posición 2, opcionalmente AIB o D-Ser,
- b. un aminoácido no-polar, alifático, grande, en posición 12, opcionalmente Ile,
- c. un aminoácido distinto de Arg en posición 17, opcionalmente Gln,
- d. un aminoácido alifático pequeño en posición 18, opcionalmente Ala,
- e. un aminoácido distinto de Asp en posición 21, opcionalmente Glu,
- f. un aminoácido distinto de Gln en posición 24, opcionalmente Asn o Ala,
- g. un aminoácido distinto de Met en posición 27, opcionalmente Leu,
- h. un aminoácido distinto de Asn en posición 28, opcionalmente Ala,
- i. un aminoácido distinto de Thr en posición 29, opcionalmente Gly,
- j. una extensión de 1 a 21 aminoácidos de extremo C hasta el aminoácido en posición 29, y
- k. la secuencia de aminoácido establecida en cualquiera de las SEQ ID Nos 48, 52, 53 y 74.

104. El análogo de glucagón o péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones precedentes, **CARACTERIZADO** porque el análogo de glucagón tiene una selectividad 100

veces menor para el receptor de GLP-1 humano en comparación con el receptor de GIP.

105. El análogo de glucagón o péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones precedentes, **CARACTERIZADO** porque el EC50 del análogo de glucagón en el receptor de GIP se encuentra entre aproximadamente 50 veces de su EC50 en el receptor de GLP-1.

106. El análogo de glucagón o péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones precedentes, **CARACTERIZADO** porque el EC50 del análogo de glucagón en el receptor de GIP se encuentra entre aproximadamente 40 veces de su EC50 en el receptor de GLP-1.

107. El análogo de glucagón o péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones precedentes, **CARACTERIZADO** porque el EC50 del análogo de glucagón en el receptor de GIP se encuentra entre aproximadamente 30 veces de su EC50 en el receptor de GLP-1.

108. El análogo de glucagón o péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones precedentes, **CARACTERIZADO** porque el EC50 del análogo de glucagón en el receptor de GIP se encuentra entre aproximadamente 20 veces de su EC50 en el receptor de GLP-1.

109. El análogo de glucagón o péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones precedentes, **CARACTERIZADO** porque el EC50 del análogo de glucagón en el receptor de GIP se encuentra entre aproximadamente 10 veces de su EC50 en el receptor de GLP-1.

110. El análogo de glucagón o péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones precedentes, **CARACTERIZADO** porque el EC50 del análogo de glucagón en el receptor de GIP se encuentra entre aproximadamente 5 veces de su EC50 en el receptor de GLP-1.

111. El análogo de glucagón o péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones precedentes, **CARACTERIZADO** porque el análogo de glucagón presenta un porcentaje de actividad de GIP de al menor 1%.

112. El análogo de glucagón de acuerdo con la reivindicación 111, **CARACTERIZADO** porque el porcentaje de potencia de GIP es del menos 10%.

113. El análogo de glucagón de acuerdo con la reivindicación 112, **CARACTERIZADO** porque el porcentaje de potencia de GIP es más del 15% o más del 20%.

114. El análogo de glucagón de acuerdo con la reivindicación 113, **CARACTERIZADO** porque el porcentaje de potencia de GIP es del menos 50%.

115. El análogo de glucagón de acuerdo con la reivindicación 114, **CARACTERIZADO** porque el porcentaje de potencia de GIP es mayor o aproximadamente del 100%.

116. El análogo de glucagón o péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones anteriores, **CARACTERIZADO** porque el análogo de glucagón presenta un porcentaje de potencia de GLP-1 de al menos 1%.

117. El análogo de glucagón o péptido de acuerdo con la reivindicación 116, **CARACTERIZADO** porque el porcentaje de potencia de GLP-1 es al menos 10%.

118. El análogo de glucagón o péptido de acuerdo con la reivindicación 117, **CARACTERIZADO** porque el porcentaje de potencia de GLP-1 es al menos 50%.

119. El análogo de glucagón o péptido de acuerdo con la reivindicación 118, **CARACTERIZADO** porque el porcentaje de potencia de GLP-1 es mayor o aproximadamente del 100%.

120. El análogo de glucagón o péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones anteriores, **CARACTERIZADO** porque el porcentaje de potencia de GIP es 10 veces mayor o menor que el porcentaje de potencia de GLP-1.

121. El análogo de glucagón o péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones anteriores **CARACTERIZADO** porque el porcentaje de potencia es al menos 1%.

122. El análogo de glucagón o péptido de acuerdo con la reivindicación 121, **CARACTERIZADO** porque el porcentaje de potencia de glucagón es al menos 10%.

123. El análogo de glucagón o péptido de acuerdo con la reivindicación 122, **CARACTERIZADO** porque el porcentaje de potencia de glucagón es al menos 50%.

124. El análogo de glucagón o péptido de acuerdo con la reivindicación 123, **CARACTERIZADO** porque el porcentaje de potencia de glucagón es mayor o aproximadamente 100%.

125. El análogo de glucagón o péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones anteriores, **CARACTERIZADO** porque el porcentaje de potencia de GIP es 10 veces mayor o menor que el porcentaje de potencia del glucagón.

126. Un dímero o multidímero **CARACTERIZADO** porque comprende uno o más análogos de glucagón o péptidos de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones anteriores.

127. Un conjugado **CARACTERIZADO** porque comprende dos o más análogos de glucagón o péptidos de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones anteriores.

128. El conjugado de acuerdo con la reivindicación 127, **CARACTERIZADO** porque el análogo de glucagón está fusionado con un análogo de péptido heterólogo.

129. Una composición farmacéutica **CARACTERIZADO** porque comprende un análogo de glucagón o péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones anteriores, un dímero o multidímero de acuerdo con la reivindicación 126, un conjugado de acuerdo con la reivindicación 127 o 128 o una combinación de ellos y un excipiente, diluyente o transportador farmacéuticamente aceptable.

130. Un método para reducir el aumento de peso o inducir la pérdida de peso a un sujeto que lo necesite, **CARACTERIZADO** porque comprende la administración al paciente de una composición farmacéutica de acuerdo con la reivindicación 129 en una cantidad efectiva para reducir el aumento de peso o inducir la pérdida de peso.

131. El método de acuerdo con la reivindicación 130, **CARACTERIZADO** porque la cantidad efectiva para el tratamiento de la obesidad en un sujeto que la necesite.

132. Un método para el tratamiento de la diabetes **CARACTERIZADO** porque comprende la administración a un paciente de una composición farmacéutica de acuerdo con la reivindicación 129 en una cantidad efectiva para reducir los niveles de glucosa en sangre.

133. Un método para inducir parálisis temporaria del tracto intestinal, **CARACTERIZADO** porque comprende la administración a un paciente de una composición farmacéutica de acuerdo con la reivindicación 129 en una cantidad efectiva para inducir la parálisis temporaria del tracto intestinal.

134. El uso de un análogo de glucagón o péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones anteriores, un dímero o multidímero de acuerdo con la reivindicación 126, un conjugado de acuerdo con las reivindicaciones 127 o 128 o una combinación de ellas, **CARACTERIZADO** porque es útil en la fabricación de un medicamento para tratar la diabetes, reducir el aumento de peso o inducir la pérdida de peso o inducir parálisis temporaria del tracto intestinal.

135. El uso de un análogo de glucagón o péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones anteriores, un dímero o multidímero de acuerdo con la reivindicación 126, un conjugado de acuerdo con las reivindicaciones 127 o 128 o una combinación de ellos **CARACTERIZADO** porque sirve para tratar la diabetes u obesidad, reducir el aumento de peso o inducir la pérdida de peso o inducir la parálisis temporaria del tracto intestinal.