

## **REIVINDICACIONES**

1. Un análogo de amilina, que es un compuesto de la siguiente fórmula:  
 $R^1-Z-R^2$
- 5 en donde  
 $R^1$  es hidrógeno,  $C_{1-4}$  acilo, benzoílo o  $C_{1-4}$  alquilo, o un resto M para extender la vida media, en donde M está unida opcionalmente a Z por medio de un resto conector L;  
 $R^2$  es OH o  $NHR^3$ , en donde  $R^3$  es hidrógeno o  $C_{1-3}$ -alquilo; y
- 10 Z es una secuencia de aminoácidos de la fórmula I:  
 $X1-X2-X3-X4-X5-X6-X7-Ala-Thr-X10-Arg-Leu-Ala-X14-Phe-Leu-X17-Arg-X19-X20-Phe-Gly(Me)-Ala-Ile(Me)-X27-Ser-Ser-Thr-Glu-X32-Gly-Ser-X35-Thr-X37$   
(I)  
en donde
- 15 X1 se selecciona del grupo que consiste en Arg, Lys y Glu;  
X3 se selecciona del grupo que consiste en Gly, Gln y Pro;  
X4 se selecciona del grupo que consiste en Thr y Glu;  
X5 se selecciona del grupo que consiste en Ala y Leu;  
X6 se selecciona del grupo que consiste en Thr y Ser;
- 20 X10 se selecciona del grupo que consiste en Glu y Gln;  
X14 se selecciona del grupo que consiste en Aad, His, Asp, Asn y Arg;  
X17 se selecciona del grupo que consiste en Gln, His y Thr;  
X19-X20 se seleccionan entre Ser-Ser, Thr-Thr, Ala-Thr, Ala-Ala, Gly-Thr, Gly-Gly y Ala-Asn o están ausentes;
- 25 X27 se selecciona del grupo que consiste en Leu y Pro;

X32 se selecciona del grupo que consiste en Val y Thr;

X35 se selecciona del grupo que consiste en Asn y Ser;

X37 se selecciona del grupo que consiste en Hyp y Pro; y

X2 y X7 son residuos de aminoácidos cuyas cadenas laterales forman juntas

5 un puente de lactama,

en donde:

X2 es Asp y X7 es Lys;

X2 es Asp y X7 es Orn;

X2 es Asp y X7 es Dab;

10 X2 es Asp y X7 es hLys;

X2 es Dap y X7 es Aad;

X2 es Glu y X7 es Dab; o

X2 es Dab y X7 es Glu;

o una sal o un solvato farmacéuticamente aceptables del mismo.

15

2. Un análogo de amilina de acuerdo con la reivindicación 1, en donde X1 se selecciona entre Arg y Lys.

3. Un análogo de amilina de acuerdo con la reivindicación 1 o la  
20 reivindicación 2, en donde X3 es Gly, X4 es Thr, X5 es Ala y/o X6 es Thr.

4. Un análogo de amilina de acuerdo con la reivindicación 3, en donde X3 es Gly, X4 es Thr, X5 es Ala y X6 es Thr.

25 5. Un análogo de amilina de acuerdo con una cualquiera de las

reivindicaciones anteriores, en donde X14 se selecciona entre His, Asp y Aad.

6. Un análogo de amilina de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en donde X17 es Gln.

5

7. Un análogo de amilina de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en donde X19-X20 se seleccionan entre Ser-Ser y Thr-Thr, o están ausentes.

10 8. Un análogo de amilina de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en donde X32 es Val, X35 es Asn y/o X37 es Hyp.

9. Un análogo de amilina de acuerdo con la reivindicación 1, en donde Z es una secuencia de aminoácidos de la fórmula II:

15 X1-X2-Gly-Thr-Ala-Thr-X7-Ala-Thr-X10-Arg-Leu-Ala-X14-Phe-Leu-Gln-Arg-X19-X20-Phe-Gly(Me)-Ala-Ile(Me)-X27-Ser-Ser-Thr-Glu-Val-Gly-Ser-Asn-Thr-Hyp (II)

en donde

X1 se selecciona entre Arg y Lys;

20 X10 se selecciona del grupo que consiste en Glu y Gln;

X14 se selecciona del grupo que consiste en Aad, Asp y His;

X19-X20 se seleccionan entre Ser-Ser y Thr-Thr o están ausentes;

X27 se selecciona del grupo que consiste en Leu y Pro; y

25 X2 y X7 son residuos de aminoácidos cuyas cadenas laterales forman juntas un puente de lactama,

en donde:

X2 es Asp y X7 es Lys;

X2 es Asp y X7 es Orn;

X2 es Asp y X7 es Dab;

5 X2 es Asp y X7 es hLys;

X2 es Dap y X7 es Aad;

X2 es Glu y X7 es Dab; o

X2 es Dab y X7 es Glu.

10 10. Un análogo de amilina de acuerdo con la reivindicación 9, en donde X14 es Aad, X19-X20 son Ser-Ser y X27 es Leu.

11. Un análogo de amilina de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en donde:

15 X2 es Asp y X7 es Lys; o

X2 es Asp y X7 es Orn.

12. Un análogo de amilina de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 9 u 11, en donde X14 se selecciona entre Asp y Aad.

20

13. Un análogo de amilina de acuerdo con la reivindicación 1, en donde Z es una secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo que consiste en:

RD()GTAT-Dab()-ATERLAHFLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-

LSSTEVGST-Hyp

RD()GTAT-Orn()-ATERLAHFLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-

LSSTEVGSNT-Hyp

RD()GTAT-Orn()-ATERLAHFLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-

PSSTEVGSNT-Hyp

RD()GTAT-Orn()-ATERLAHFLQRF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-

LSSTEVGSNT-Hyp

RD()GTAT-Orn()-ATERLAHFLHRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-

LSSTEVGSNTP

RD()GTAT-Orn()-ATQRLAHFLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-

LSSTEVGSNT-Hyp

RD()GTAT-Orn()-ATQRLAHFLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-

PSSTEVGSNT-Hyp

RD()GTAT-Orn()-ATERLARFLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-

LSSTEVGSNT-Hyp

ED()GTATK()ATERLAHFLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGSNT-

Hyp

RD()GEATK()ATERLAHFLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGSNT-

Hyp

RD()GTLTK()ATERLAHFLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGSNT-

Hyp

RD()GTASK()ATERLAHFLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGSNT-

Hyp

RD()GTATK()ATQRLAHFLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-

PSSTEVGSNT-Hyp

RD()GTATK()ATQRLAHFLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGSNT-

Hyp

RD()GTATK()ATERLAHFLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-PSSTEVGsNT-Hyp

RD()GTATK()ATERLAHFLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGsNT-Hyp

RD()GTAT-hLys()-ATERLAHFLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGsNT-Hyp

RD()GTAT-Orn()-ATERLA-Aad-FLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGsNT-Hyp

RD()GTAT-Orn()-ATERLA-Aad-FLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-PSSTEVGsNT-Hyp

RD()GTAT-Orn()-ATERLA-Aad-FLTRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGsNT-Hyp

RD()GTAT-Orn()-ATERLA-Aad-FLQRTTF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGsNT-Hyp

RD()GTAT-Orn()-ATERLA-Aad-FLQRTTF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-PSSTEVGsNT-Hyp

RD()GTAT-Orn()-ATERLA-Aad-FLQRATF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGsNT-Hyp

RD()GTAT-Orn()-ATERLA-Aad-FLQRAAF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGsNT-Hyp

RD()GTAT-Orn()-ATERLA-Aad-FLQRGTF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGsNT-Hyp

RD()QTAT-Orn()-ATERLA-Aad-FLQRGTF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGsNT-Hyp

RD()PTATK()ATERLA-Aad-FLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-

LSSTEVGSNTHyp

ED()GTATK()ATERLA-Aad-FLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-

PSSTEVGSNTHyp

RD()GTATK()ATERLA-Aad-FLQRAAF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-

LSSTEVGSNTHyp

RD()GTATK()ATERLA-Aad-FLQRGGF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-

LSSTEVGSNTHyp

RD()GTATK()ATERLA-Aad-FLQRANF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-

LSSTEVGSNTHyp

RD()GTATK()ATERLA-Aad-FLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-

PSSTEVGSNTHyp

RD()GTATK()ATERLA-Aad-FLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-

LSSTEVGSNTHyp

RD()GTATK()ATERLA-Aad-FLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-

LSSTETGSNTHyp

ED()GTATK()ATERLA-Aad-FLQRSSFGly(Me)-A-Ile(Me)-

LSSTEVGSNTHyp

RD()GTATK()ATERLA-Aad-FLQRTTF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-

LSSTEVGSNTHyp

KD()GTATK()ATQRLA-Aad-FLQRSSF-Gly(Me)-Alle(Me)-

LSSTEVGSNTHyp

RD()GTATK()ATQRLA-Aad-FLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-

LSSTEVGSNTHyp

RD()GTATK()ATQRLADFLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGSNTHyp

RD()GTATK()ATQRLADFLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTETGSNT-Hyp

KD()GTATK()ATQRLANFLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGST-Hyp

KD()GTATK()ATQRLANFLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTETGSNT-Hyp

R-Dap()-GTAT-Aad()-ATERLAHFLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGST-Hyp

R-Dab()-GTATE()-ATERLAHFLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGST-Hyp

RE()GTAT-Dab()-ATERLAHFLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGST-Hyp

o una sal o un solvato farmacéuticamente aceptables del mismo, donde se forma un enlace de lactama intramolecular entre las cadenas laterales de los residuos indicados entre paréntesis "()".

5 14. Un análogo de amilina de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en donde R<sup>1</sup> es M o M-L-.

15. Un análogo de amilina de acuerdo con la reivindicación 14, en donde M es un sustituyente lipofílico que comprende una cadena hidrocarbonada que  
10 tiene entre 10 y 24 átomos de C, por ejemplo, entre 14 y 22 átomos de C, por ejemplo, entre 16 y 20 átomos de C.

16. Un análogo de amilina de acuerdo con la reivindicación 15, en donde el



sustituyente lipofílico comprende un grupo de ácido carboxílico al final de la cadena hidrocarbonada.

17. Un análogo de amilina de acuerdo con la reivindicación 16, en donde el sustituyente lipofílico es un resto 15-carboxi-pentadecanoílo, 17-carboxi-  
5 heptadecanoílo o 19-carboxi-nonadecanoílo.

18. Un análogo de amilina de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 14 a 17, en donde el conector L comprende un residuo de Gly, Pro, Ala, Val, Leu, Ile, Met, Cys, Phe, Tyr, Trp, His, Lys, Arg, Gln, Asn,  $\alpha$ -Glu,  $\gamma$ -  
10 Glu,  $\epsilon$ -Lys, Asp,  $\beta$ -Asp, Ser, Thr, Gaba, Aib,  $\beta$ -Ala (es decir, 3-aminopropanoílo), 4-aminobutanoílo, 5-aminopentanoílo, 6-aminohexanoílo, 7-aminohexanoílo, 8-aminooctanoílo, 9-aminononanoílo, 10-aminodecanoílo o 8Ado (es decir, 8-amino-3,6-dioxaoctanoílo).

15 19. Un análogo de amilina de acuerdo con la reivindicación 18, en donde L es un residuo de Glu,  $\gamma$ -Glu,  $\epsilon$ -Lys,  $\beta$ -Ala, 4-aminobutanoílo, 8-aminooctanoílo o 8Ado.

20. Un análogo de amilina de acuerdo con la reivindicación 19, en donde R1  
20 es un grupo 19-carboxi-nonadecanoílo unido de manera covalente al grupo alfa amino de un conector de ácido isoglutámico ([19CD]-isoGlu).

21. Un análogo de amilina de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en donde R<sup>2</sup> es NH<sub>2</sub>.

22. Un análogo de amilina de acuerdo con la reivindicación 1, que es:

|                                                                                                         |                   |
|---------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------|
| [19CD]-isoGlu-RD()GTAT-Dab()-ATERLAHFLQRSSF-Gly(Me)-<br>A-Ile(Me)-LSSTEVGsNT-Hyp-NH <sub>2</sub>        | (Compuesto<br>2)  |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTAT-Orn()-ATERLAHFLQRSSF-Gly(Me)-<br>A-Ile(Me)-LSSTEVGsNT-Hyp-NH <sub>2</sub>        | (Compuesto<br>3)  |
| [19CD]-isoGlu-isoGlu-RD()GTAT-Orn()-ATERLAHFLQRSSF-<br>Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGsNT-Hyp-NH <sub>2</sub> | (Compuesto<br>4)  |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTAT-Orn()-ATERLAHFLQRSSF-Gly(Me)-<br>A-Ile(Me)-PSSTEVGsNT-Hyp-NH <sub>2</sub>        | (Compuesto<br>5)  |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTAT-Orn()-ATERLAHFLQRF-Gly(Me)-A-<br>Ile(Me)-LSSTEVGsNT-Hyp-NH <sub>2</sub>          | (Compuesto<br>6)  |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTAT-Orn()-ATERLAHFLHRSSF-Gly(Me)-<br>A-Ile(Me)-LSSTEVGsNTP-NH <sub>2</sub>           | (Compuesto<br>7)  |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTAT-Orn()-ATQRLAHFLQRSSF-Gly(Me)-<br>A-Ile(Me)-LSSTEVGsNT-Hyp-NH <sub>2</sub>        | (Compuesto<br>8)  |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTAT-Orn()-ATQRLAHFLQRSSF-Gly(Me)-<br>A-Ile(Me)-PSSTEVGsNT-Hyp-NH <sub>2</sub>        | (Compuesto<br>9)  |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTAT-Orn()-ATERLARFLQRSSF-Gly(Me)-<br>A-Ile(Me)-LSSTEVGsNT-Hyp-NH <sub>2</sub>        | (Compuesto<br>10) |
| [19CD]-isoGlu-ED()GTATK()ATERLAHFLQRSSF-Gly(Me)-A-<br>Ile(Me)-LSSTEVGsNT-Hyp-NH <sub>2</sub>            | (Compuesto<br>11) |
| [19CD]-isoGlu-RD()GEATK()ATERLAHFLQRSSF-Gly(Me)-A-<br>Ile(Me)-LSSTEVGsNT-Hyp-NH <sub>2</sub>            | (Compuesto<br>12) |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTLTK()ATERLAHFLQRSSF-Gly(Me)-A-<br>Ile(Me)-LSSTEVGsNT-Hyp-NH <sub>2</sub>            | (Compuesto<br>13) |

|                                                                                                 |                |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------|
| [19CD]-isoGlu-RD()GTASK()ATERLAHFLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGST-Hyp-NH <sub>2</sub>         | (Compuesto 14) |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTATK()ATQRLAHFLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-PSSTEVGST-Hyp-NH <sub>2</sub>         | (Compuesto 15) |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTATK()ATQRLAHFLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGST-Hyp-NH <sub>2</sub>         | (Compuesto 16) |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTATK()ATERLAHFLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-PSSTEVGST-Hyp-NH <sub>2</sub>         | (Compuesto 17) |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTATK()ATERLAHFLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGST-Hyp-NH <sub>2</sub>         | (Compuesto 18) |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTAT-hLys()-ATERLAHFLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGST-Hyp-NH <sub>2</sub>    | (Compuesto 19) |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTAT-Orn()-ATERLA-Aad-FLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGST-Hyp-NH <sub>2</sub> | (Compuesto 20) |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTAT-Orn()-ATERLA-Aad-FLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-PSSTEVGST-Hyp-NH <sub>2</sub> | (Compuesto 21) |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTAT-Orn()-ATERLA-Aad-FLTRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGST-Hyp-NH <sub>2</sub> | (Compuesto 22) |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTAT-Orn()-ATERLA-Aad-FLQRTTF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGST-Hyp-NH <sub>2</sub> | (Compuesto 23) |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTAT-Orn()-ATERLA-Aad-FLQRTTF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-PSSTEVGST-Hyp-NH <sub>2</sub> | (Compuesto 24) |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTAT-Orn()-ATERLA-Aad-FLQRATF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGST-Hyp-NH <sub>2</sub> | (Compuesto 25) |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTAT-Orn()-ATERLA-Aad-FLQRAAF-                                                | (Compuesto     |

|                                                      |            |
|------------------------------------------------------|------------|
| Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGST-Hyp-NH <sub>2</sub>      | 26)        |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTAT-Orn()-ATERLA-Aad-FLQRGTF-     | (Compuesto |
| Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGST-Hyp-NH <sub>2</sub>      | 27)        |
| [19CD]-isoGlu-RD()QTAT-Orn()-ATERLA-Aad-FLQRGTF-     | (Compuesto |
| Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGST-Hyp-NH <sub>2</sub>      | 28)        |
| [19CD]-isoGlu-RD()PTATK()ATERLA-Aad-FLQRSSF-Gly(Me)- | (Compuesto |
| A-Ile(Me)-LSSTEVGST-Hyp-NH <sub>2</sub>              | 29)        |
| [19CD]-isoGlu-ED()GTATK()ATERLA-Aad-FLQRSSF-Gly(Me)- | (Compuesto |
| A-Ile(Me)-PSSTEVGST-Hyp-NH <sub>2</sub>              | 30)        |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTATK()ATERLA-Aad-FLQRAAF-Gly(Me)- | (Compuesto |
| A-Ile(Me)-LSSTEVGST-Hyp-NH <sub>2</sub>              | 31)        |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTATK()ATERLA-Aad-FLQRGGF-Gly(Me)- | (Compuesto |
| A-Ile(Me)-LSSTEVGST-Hyp-NH <sub>2</sub>              | 32)        |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTATK()ATERLA-Aad-FLQRANF-Gly(Me)- | (Compuesto |
| A-Ile(Me)-LSSTEVGST-Hyp-NH <sub>2</sub>              | 33)        |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTATK()ATERLA-Aad-FLQRSSF-Gly(Me)- | (Compuesto |
| A-Ile(Me)-PSSTEVGST-Hyp-NH <sub>2</sub>              | 34)        |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTATK()ATERLA-Aad-FLQRSSF-Gly(Me)- | (Compuesto |
| A-Ile(Me)-LSSTEVGST-Hyp-NH <sub>2</sub>              | 35)        |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTATK()ATERLA-Aad-FLQRSSF-Gly(Me)- | (Compuesto |
| A-Ile(Me)-LSSTETGST-Hyp-NH <sub>2</sub>              | 36)        |
| [19CD]-isoGlu-ED()GTATK()ATERLA-Aad-FLQRSSFGly(Me)-  | (Compuesto |
| A-Ile(Me)-LSSTEVGST-Hyp-NH <sub>2</sub>              | 37)        |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTATK()ATERLA-Aad-FLQRTTF-Gly(Me)- | (Compuesto |
| A-Ile(Me)-LSSTEVGST-Hyp-NH <sub>2</sub>              | 38)        |

|                                                                                                     |                   |
|-----------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------|
| [19CD]-isoGlu-KD()GTATK()ATQRLA-Aad-FLQRSSF-Gly(Me)-<br>Alle(Me)-LSSTEVGSNTHyp-NH <sub>2</sub>      | (Compuesto<br>39) |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTATK()ATQRLA-Aad-FLQRSSF-Gly(Me)-<br>A-Ile(Me)-LSSTEVGSNTHyp-NH <sub>2</sub>     | (Compuesto<br>40) |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTATK()ATQRLADFLQRSSF-Gly(Me)-A-<br>Ile(Me)-LSSTEVGSNTHyp-NH <sub>2</sub>         | (Compuesto<br>41) |
| [19CD]-isoGlu-RD()GTATK()ATQRLADFLQRSSF-Gly(Me)-A-<br>Ile(Me)-LSSTETGSNT-Hyp-NH <sub>2</sub>        | (Compuesto<br>42) |
| [19CD]-isoGlu-KD()GTATK()ATQRLANFLQRSSF-Gly(Me)-A-<br>Ile(Me)-LSSTEVGSNTHyp-NH <sub>2</sub>         | (Compuesto<br>43) |
| [19CD]-isoGlu-KD()GTATK()ATQRLANFLQRSSF-Gly(Me)-A-<br>Ile(Me)-LSSTETGSNT-Hyp-NH <sub>2</sub>        | (Compuesto<br>44) |
| [19CD]-isoGlu-R-Dap()-GTATD()ATERLAHFLQRSSF-Gly(Me)-<br>A-Ile(Me)-LSSTEVGSNTHyp-NH <sub>2</sub>     | (Compuesto<br>45) |
| [19CD]-isoGlu-R-Dab()-GTATD()ATERLAHFLQRSSF-Gly(Me)-<br>A-Ile(Me)-LSSTEVGSNTHyp-NH <sub>2</sub>     | (Compuesto<br>46) |
| [19CD]-isoGlu-R-Orn()-GTATD()ATERLAHFLQRSSF-Gly(Me)-<br>A-Ile(Me)-LSSTEVGSNTHyp-NH <sub>2</sub>     | (Compuesto<br>47) |
| [19CD]-isoGlu-R-Dap()-GTAT-Aad()-ATERLAHFLQRSSF-<br>Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGSNTHyp-NH <sub>2</sub> | (Compuesto<br>48) |
| [19CD]-isoGlu-R-Dab()-GTATE()ATERLAHFLQRSSF-Gly(Me)-<br>A-Ile(Me)-LSSTEVGSNTHyp-NH <sub>2</sub>     | (Compuesto<br>49) |
| [19CD]-isoGlu-R-Aad()-GTAT-Dap()-ATERLAHFLQRSSF-<br>Gly(Me)-A-Ile(Me)-LSSTEVGSNTHyp-NH <sub>2</sub> | (Compuesto<br>50) |
| [19CD]-isoGlu-RE()GTAT-Dab()-ATERLAHFLQRSSF-Gly(Me)-                                                | (Compuesto        |

A-Ile(Me)-LSSTEVGSTNT-Hyp-NH<sub>2</sub> 51)

o una sal o un solvato farmacéuticamente aceptables del mismo,  
donde se forma un enlace de lactama intramolecular entre las cadenas laterales de los residuos indicados entre paréntesis “()”.

5 23. Un análogo de amilina que comprende la fórmula:

[19CD]-isoGlu-RD()GTATK()ATERLA-Aad-FLQRSSF-Gly(Me)-A-Ile(Me)-  
LSSTEVGSTNT-Hyp-NH<sub>2</sub> (Compuesto 35)

o una sal o un solvato farmacéuticamente aceptables del mismo,  
donde se forma un enlace de lactama intramolecular entre las cadenas  
10 laterales de los residuos indicados entre paréntesis “()”.

24. Una composición farmacéutica que comprende un análogo de amilina de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en combinación con un soporte, excipiente o vehículo farmacéuticamente aceptables.

15

25. Un procedimiento para la síntesis de un análogo de amilina de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 23, que comprende sintetizar el análogo mediante una metodología de síntesis de péptidos en fase sólida o en fase líquida, opcionalmente aislar y/o purificar el producto final y que  
20 opcionalmente también comprende el paso de formar un enlace amida entre las cadenas laterales en las posiciones 2 y 7.