REIVINDICACIONES

1. Un péptido que tiene la siguiente fórmula (Ib):

N_{ter}-Ac-X_{10}-E-G-R-E-X_{15}-V-R-X_{18}-X_{19}-I-X_{21}-X_{22}-E-G-X_{25}-S-X_{27}-X_{28}-X_{29}-X_{30}-R-X_{32}-X_{33}-NH_2-C_{ter}

donde:

N_{ter} representa el extremo aminoterminal del péptido;

C_{ter} representa el extremo carboxiterminal del péptido;

Ac representa un grupo acetilo;

X_{10} representa un aminoácido seleccionado del grupo constituido por leucina, Nε-acetillisina y ácido 2-aminoisobutírico;

E representa ácido glutámico;

G representa glicina;

R representa arginina;

X_{15} representa un aminoácido seleccionado del grupo constituido por lisina, arginina, homolisina, glutamina, fenilalanina y leucina;

V representa valina;

X_{18} representa un aminoácido seleccionado del grupo constituido por alanina, ácido 2-aminoisobutírico y Nε-acetillisina;

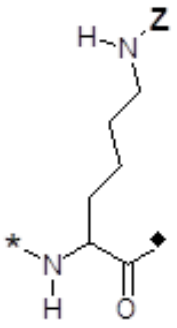
X_{19} representa un aminoácido seleccionado del grupo constituido por lisina, Nε-acetillisina, glutamina y citrulina;

I representa isoleucina;

X_{21} representa un aminoácido seleccionado del grupo constituido por ácido 2-aminoisobutírico y alanina;

X_{22} representa un aminoácido seleccionado del grupo constituido por ácido 2-aminoisobutírico e isoleucina;

X_{25} representa la siguiente estructura:



en la cual:

- * representa un enlace covalente con la glicina que precede a X_{25} en la fórmula (Ib);

- ◆ representa un enlace covalente con la serina que sigue a X_{25} en la fórmula (Ib); y

Z se selecciona del grupo constituido por un -$(TTDS)_2$-$(gE)_3$-Palm, -$(TTDS)_3$-$(gE)_3$-Palm, -$(PEG_2DGA)_3$-$(gE)_3$-Palm, -$(PEG_2)_4$-$(gE)_3$-Palm, -$(TTDS)_2$-$(gE)_2$-Palm, -$(TTDS)_2$-$(gE)_3$-Estea, -$(TTDS)_3$-$(gE)_3$-Estea, -$(PEG_2DGA)_3$-$(gE)_3$-Estea, -$(PEG_2DGA)_3$-$(gE)_4$-Estea, -$(PEG_2)_3$-$(gE)_3$-Palm, -$(PEG_2)_4$-$(gE)_3$-Estea, -$(PEG_2)_5$-$(gE)_3$-Palm, -$(PEG_2)_5$-$(gE)_4$-Palm, -$(TTDS)_3$-$(gE)_4$-Estea, -$(TTDS)_2$-$(gE)_4$-Palm, -$(TTDS)_3$-$(gE)_2$-Estea, -$(TTDS)_2$-$(gE)_4$-Estea, -$(TTDS)_4$-$(gE)_3$-Estea, -$(TTDS)_3$-$(gE)_4$-Palm, -$(TTDS)_4$-$(gE)_3$-Palm, -$(TTDS)_3$-$(gE)_3$-Myr y -$(TTDS)_3$-$(gE)_4$-Myr donde

gE representa ácido gamma-glutámico

TTDS representa 4-[3-[2-[2-(3-aminopropoxi)etoxi]etoxi]propilamino]-4-oxo-butanoilo;

PEG2 representa 2-[2-(2-aminoetoxi)etoxi]acetilo;

PEG2DGA representa 2-[2-[3-[2-[2-(3-aminopropoxi)etoxi]etoxi]propilamino]-2-oxo-etoxi]acetilo;

Palm representa Palmitoílo;

Estea representa Estearoílo;

Myr representa Miristoilo

S representa serina;

X_{27} representa un aminoácido seleccionado del grupo constituido por treonina, glutamina, arginina y lisina;

X_{28} representa un aminoácido seleccionado del grupo constituido por

triptófano, fenilalanina, 5-Clorotriptófano, α-Metilfenilalanina, 4-Fluorofenilalanina y 5-Fluorotriptófano;

X_{29} representa un aminoácido seleccionado del grupo constituido por serina, D-serina, ácido 2-aminoisobutírico, Nε-acetillisina, treonina y valina;

X_{30} representa un aminoácido seleccionado del grupo constituido por ácido 2-aminoisobutírico, α-metillisina, D-lisina, lisina, homolisina y arginina;

X_{32} representa un aminoácido seleccionado del grupo constituido por lisina, alanina, arginina y Nε-acetillisina; y

X_{33} representa un aminoácido seleccionado entre lisina, Nε-acetillisina y arginina;

o una sal de este.

2. Un péptido de acuerdo con la reivindicación 1, donde este tiene una secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo constituido por las secuencias de aminoácidos de referencia de las SEQ ID NO: 1-97.

3. Un péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 o 2, donde Z se selecciona del grupo constituido por un -$(TTDS)_2$-$(gE)_3$-Palm, -$(TTDS)_3$-$(gE)_3$-Palm, -$(PEG_2DGA)_3$-$(gE)_3$-Palm, -$(PEG_2)_4$-$(gE)_3$-Palm, -$(TTDS)_2$-$(gE)_2$-Palm, -$(TTDS)_2$-$(gE)_3$-Estea, -$(TTDS)_3$-$(gE)_3$-Estea, -$(PEG_2DGA)_3$-$(gE)_3$-Estea, -$(PEG_2)_3$-$(gE)_3$-Palm, -$(PEG_2)_4$-$(gE)_3$-Estea, -$(PEG_2)_5$-$(gE)_3$-Palm, -$(TTDS)_3$-$(gE)_4$-Estea, -$(TTDS)_2$-$(gE)_4$-Palm, -$(TTDS)_2$-$(gE)_4$-Estea, -$(TTDS)_4$-$(gE)_3$-Estea, -$(TTDS)_3$-$(gE)_4$-Palm, -$(TTDS)_4$-$(gE)_3$-Palm, -$(TTDS)_3$-$(gE)_3$-Myr y -$(TTDS)_3$-$(gE)_4$-Myr.

4. Un péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3, que tiene una secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo constituido por las SEQ ID NO: 3, 6, 7, 9-12, 20-22, 26, 28, 30-34, 45, 47-49, 51, 54-62, 64, 67-69, 71-86, 91, 93 y 96.

5. Un péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 4, que tiene una secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo constituido por las SEQ

ID NO: 3, 6, 7, 20, 26, 30-34, 45, 48, 49, 51, 54-61, 67, 71, 73, 75-79, 81, 83-86 y 97.

6. Un péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 5, donde este tiene una secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo constituido por las secuencias de aminoácidos de referencia de las SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7 y SEQ ID NO: 20.

7. Un péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 6, donde este tiene la secuencia de aminoácidos de referencia de la SEQ ID NO: 3.

8. Una composición farmacéutica que comprende un péptido de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 7, o una sal farmacéuticamente aceptable de este, junto con un portador farmacéuticamente aceptable.