

Información del Listado de Secuencias:

DTD Versión: V1_3
Nombre del archivo: OPA23010.xml
Nombre del software: WIPO Sequence
Versión del software: 2.2.0
Fecha de producción: 07-03-2023

Información General:

Solicitud actual / Oficina IP: KR
Solicitud actual / Referencia del expediente del solicitante:
OPA23010

Primera solicitud de prioridad / Oficina IP: KR
Primera solicitud de prioridad / Número de solicitud: 10-
2022-0032090

Primera solicitud de prioridad / Fecha de presentación: 15-
03-2022

Nombre del solicitante: GC BIOPHARMA CORP.
Nombre del solicitante / Idioma: es
Nombre del inventor: Miroo Kim
Nombre del inventor / Idioma: es
Título de la invención: Formulación líquida que comprende una
proteína de fusión que incluye α -galactosidasa A (es)
Cantidad total de secuencias: 5

Secuencias:

Número de secuencia (ID): 1
Longitud: 429
Tipo de molécula: AA
Ubicación de las características/Calificadores:
- fuente, 1..429
 > tipo_mol, proteína
 > organismo, Homo sapiens

Residuos:

MQLRNPELHL	GCALALRFLA	LVSWDIPGAR	ALDNGLARTP	TMGWLHWERF	MCNLDCQEEP	60
DSCISEKLFM	EMAELMVSEG	WKDAGYEYLC	IDDCWMAQR	DSEGRQLQADP	QRFPHGIRQL	120
ANYVHSKGLK	LGIYADVGNK	TCAGFPGSFG	YYDIDAQTFA	DWGVDLLKFD	GCYCDSLENL	180
ADGYKHMSLA	LNRTGRSIVY	SCEWPLYMWP	FQKPNYTEIR	QYCNHWRNFA	DIDDSWKSIL	240
SILDWTSFNQ	ERIVDVAGPG	GWNDPDMPLV	GNFGLSWNQ	VTQMALWAIM	AAPLFMSNDL	300
RHISPAKAL	LQDKDVIAIN	QDPLGKQGYQ	LRQGDNFEVW	ERPLSGLAWA	VAMINRQEIG	360
GPRSYTIAVA	SLGKGVACNP	ACFITQLLPV	KRKLGFYEW	SRLRSHINPT	GTVLLQLENT	420
MQMSLKDLL						429

Número de secuencia (ID): 2
Longitud: 30
Tipo de molécula: AA
Ubicación de las características/Calificadores:
- REGIÓN, 1..30
 > nota, enlazador peptídico
- fuente, 1..30
 > tipo_mol, proteína
 > organismo, constructo sintético

Residuos:
GGGSGGGGS GGGSGGGGS GGGSGGGGS 30

Número de secuencia (ID): 3
Longitud: 221

Tipo de molécula: AA

Ubicación de las características/Calificadores:

- REGIÓN, 1..221
 - > nota, variante de Fc
- fuente, 1..221
 - > tipo_mol, proteína
 - > organismo, constructo sintético

Residuos:

PPCPAPEFLG	GPSVFLFPPK	PKDTLMISRT	PEVTCVVVDV	SQEDPEVQFN	WYVDGVEVHN	60
AKTKPREEQF	QSTYRVVSVL	TVLHQDWLNG	KEYKCKVSNK	GLPSSIEKTI	SKAKGQPREP	120
QVYTLPPSQE	EMTKNQVSLT	CLVKGFYPSD	IAVEWESNGQ	PENNYKTPP	VLDSDGSFFL	180
YSRLTVDKSR	WQEGNVFSCS	VMHEALHNHY	TQKSLSLSLG	K		221

Número de secuencia (ID): 4

Longitud: 680

Tipo de molécula: AA

Ubicación de las características/Calificadores:

- REGIÓN, 1..680
 - > nota, proteína de fusión alfa galactosidasa-Fc
- fuente, 1..680
 - > tipo_mol, proteína
 - > organismo, constructo sintético

Residuos:

MQLRNPFLHL	GCALALRFLA	LVSWDIPGAR	ALDNGLARTP	TMGWLHWERF	MCNLDCQEEP	60
DSCISEKLFM	EMAELMVSEG	WKDAGYEYLC	IDDCWMAQQR	DSEGRQLQADP	QRFPHGIRQL	120
ANYVHSKGLK	LGIYADVGNK	TCAGFPGSFG	YYDIDAQTFA	DWGVDLLKFD	GCYCDSLENL	180
ADGYKHMSLA	LNRTGRSIVY	SCEWPLYMWP	FQKPNYTEIR	QYCNHWRNFA	DIDDSWKSII	240
SILDWTSFNQ	ERIVDVAGPG	GWNDPDMLEI	GNFGLSWNQQ	VTQMALWAIM	AAPLFMSNDL	300
RHISPAKAL	LQDKDVIAIN	QDPLGKQGYQ	LRQGDNFEVW	ERPLSGLAWA	VAMINRQEI	360
GPRSYTIAVA	SLGKGVACNP	ACFITQLLPV	KRKLGFYEWT	SRLRSHINPT	GTVLLQLENT	420
MQMSLKDLLG	GGSGGGGGSG	GGSGGGGGSG	GGSGGGGGSP	PCPAPEFLGG	PSVFLFPPKP	480
KDTLMISRTG	EVTCTVVVDVS	QEDPEVQFNW	YVDGVEVHNA	KTKPREEQFQ	STYRVVSVLT	540
VLHQDWLNGK	EYKCKVSNKG	LPSSIEKTIS	KAKGQPREPQ	VYTLPPSQEE	MTKNQVSLTC	600
LVKGFYPSDI	AVEWESNGQP	ENNYKTPPV	LDSDGSFFLY	SRLTVDKSRW	QEGNVFSCSV	660
MHEALHNHYT	QKSLSLSLGK					680

Número de secuencia (ID): 5

Longitud: 2043

Tipo de molécula: ADN

Ubicación de las características/Calificadores:

- misc_característica, 1..2043
 - > nota, proteína de fusión alfa galactosidasa-Fc
- fuente, 1..2043
 - > tipo_mol, otro ADN
 - > organismo, constructo sintético

Residuos:

atgcagctga	ggaaccaga	actacatctg	ggctgcgcgc	ttgcgcttcg	cttcctggcc	60
ctcgcttctc	gggacatccc	tggggctaga	gcactggaca	atggattggc	aaggacgcct	120
accatgggct	ggctgcactg	ggagcgcttc	atgtgcaacc	ttgactgcca	ggaagagcca	180
gattcctgca	tcagtgaaga	gctcttcatg	gagatggcag	agctcatggt	ctcagaaggc	240
tggaaggatg	caggttatga	gtacctctgc	attgatgact	gttgatggc	tcccaaaga	300
gattcagaag	gcagacttca	ggcagaccct	cagcgctttc	ctcatgggat	tcgccagcta	360
gctaattatg	ttcacagcaa	aggactgaag	ctagggattt	atgcagatgt	tggaaataaa	420
acctgcgcag	gcttccctgg	gagttttgga	tactacgaca	ttgatgcccc	gacctttgct	480
gactggggag	tagatctgct	aaaatttgat	ggttgttact	gtgacagttt	ggaaaatttg	540
gcagatgggt	ataagcacat	gtccttgccc	ctgaatagga	ctggcagaag	cattgtgtac	600
tcctgtgagt	ggcctcttta	tatgtggccc	tttcaaaagc	ccaattatac	agaaatccga	660

cagtactgca	atcactggcg	aaatdddgt	gacattgatg	attcctggaa	aagtataaag	720
agtatcttgg	actggacatc	ttttaaccag	gagagaattg	ttgatgttgc	tggaccaggg	780
ggttggaatg	accagatat	gttagtgatt	ggcaactttg	gcctcagctg	gaatcagcaa	840
gtaactcaga	tggccctctg	ggctatcatg	gctgctcctt	tattcatgtc	taatgacctc	900
cgacacatca	gccctcaagc	caaagctctc	cttcaggata	aggacgtaat	tgccatcaat	960
caggacccct	tggaagca	agggtaccag	cttagacagg	gagacaactt	tgaagtgtgg	1020
gaacgacctc	tctcaggctt	agcctgggct	gtagctatga	taaaccggca	ggagattggg	1080
ggacctcgct	cttataccat	cgcagttgct	tccctgggta	aaggagtggc	ctgtaatcct	1140
gcctgcttca	tcacacagct	cctccctgtg	aaaaggaagc	tagggttcta	tgaatggact	1200
tcaaggttaa	gaagtcacat	aaatcccaca	ggcactgttt	tgcttcagct	agaaaataca	1260
atgcagatgt	cattaaaaga	cttacttggt	ggcggaggtt	caggtggtgg	tggctctggc	1320
ggtggagggg	cggggggagg	cggctctgga	ggagggggct	cgggtggggg	aggtagccca	1380
ccatgccag	cacctgagtt	cctgggggga	ccatcagctc	tctgttccc	cccaaaacc	1440
aaggacacc	tcatgatctc	ccggaccctt	gaggtcacat	gcgtggtggt	ggacgtgagc	1500
caggaagacc	ctgaggtcca	gttcaactgg	tacgtggacg	gcgtggaggt	gcataatgcc	1560
aagacaaagc	cgcgggagga	gcagttccaa	agcacgtacc	gtgtggtcag	cgtctcacc	1620
gtcctgcacc	aggactggct	gaatggcaag	gagtacaagt	gcaaggtctc	caaaaaggc	1680
ctcccatcct	ccatcgagaa	aacctctcc	aaagccaaag	ggcagccccg	agaaccacag	1740
gtgtacaccc	tgccccatc	ccaggaggag	atgaccaaga	accaggtcag	cctgacctgc	1800
ctggtcaaag	gcttctatcc	cagcgacatc	gccgtggagt	gggagagcaa	tgggcagccg	1860
gagaacaact	acaagaccac	gcctcccgtg	ctggactccg	acggctcctt	cttcctctac	1920
agcaggctaa	ccgtggacaa	gagcaggtgg	caggagggga	acgtcttctc	atgctccgtg	1980
atgcatgagg	ctctgcacaa	ccactacacg	cagaagagcc	tctccctgtc	tctgggtaaa	2040
tga						2043

FIN