

ED DE BIOLOGIE MOLECULAIRE

- Année 2022/2023 -

La cardiomyopathie hypertrophique (CMH) est la plus fréquente des maladies cardiaques d'origine génétique. Elle est caractérisée par un épaissement anormal des parois du cœur (essentiellement le ventricule gauche) prédominant le plus souvent au niveau du septum interventriculaire (Figure 1). Cette maladie constitue l'une des causes principales de mort subite du sujet jeune, notamment chez le sportif de moins de 35 ans.

Le mode de transmission est très majoritairement **autosomique dominant**. La prévalence a été estimée à 0,2 % de la population générale.

Les études moléculaires ont permis de déterminer que le gène causal le plus prévalent dans cette pathologie est le gène *MYBPC3* codant respectivement la protéine C cardiaque de liaison à la myosine (Figure 2). Le gène *MYBPC3*, localisé sur le chromosome 11, a une taille de 21,3 kb et contient 35 exons. L'ARNm *MYBPC3* mature a une taille de 4161 nucléotides.

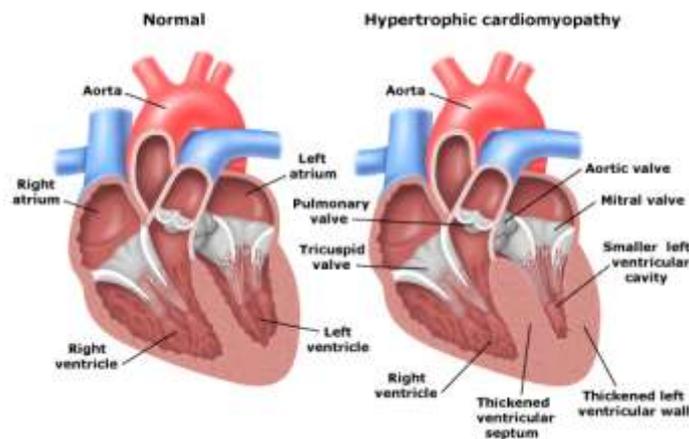


Figure 1. La cardiomyopathie hypertrophique

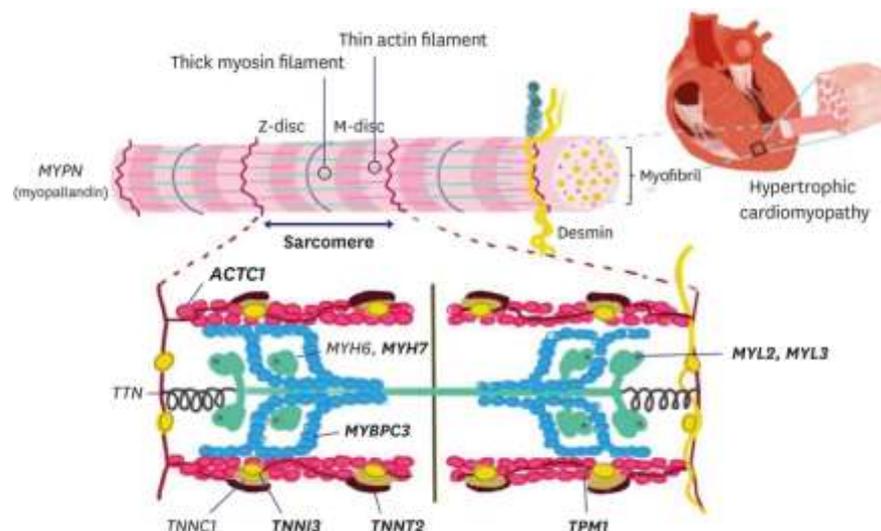


Figure 2. Structure du sarcomère

I. A propos du gène *MYBPC3*

QCM 1. Le gène *MYBPC3*

- A- Il est localisé dans le réticulum endoplasmique des cellules
- B- Il est localisé au sein du génome mitochondrial
- C- Il est présent sous forme d'un seul allèle au sein d'un patient donné
- D- Il est présent uniquement dans les cellules musculaires
- E- Il est localisé au sein du génome nucléaire

QCM 2. Le gène *MYBPC3*

- A- Il contient 34 introns
- B- Il code une protéine constituée de 7100 résidus d'acides aminés
- C- Il code une protéine constituée de 1387 résidus d'acides aminés
- D- Il contient des séquences non codantes
- E- Il contient des séquences exoniques non codantes

QCM 3. Le gène *MYBPC3*

- A- Il appartient à la catégorie des ADN à séquence unique
- B- Il appartient à la catégorie des ADN à séquence répétée dispersée
- C- Il appartient à la catégorie des ADN à séquence répétée en tandem
- D- Il appartient à la catégorie des ADN junk
- E- Il n'appartient à aucune des catégories précédemment citées

QCM 4. Le gène *MYBPC3*

- A- Il est composé d'un brin sens et d'un brin matrice
- B- Il est composé d'un brin sens et d'un brin codant
- C- Il est composé d'un brin sens et d'un brin transcrit
- D- Il est composé d'un brin sens et d'un brin antisens qui sont anti-parallèles
- E- Il est composé d'un seul brin

QCM 5. Les exons du gène *MYBPC3*

- A- Ils sont tous suivis d'un intron
- B- Ils sont tous précédés d'un intron
- C- Ils ont tous une taille en paires de bases qui est un multiple de 3
- D- Ils possèdent une séquence nucléotidique plus conservée que celle présente dans les introns
- E- La longueur de la séquence exonique totale est probablement inférieure à celle de la séquence intronique

QCM 6. Les exons du gène *MYBPC3*

- A- L'exon 1 du gène *MYBPC3* contient obligatoirement le codon d'initiation de la traduction
- B- L'exon 1 du gène *MYBPC3* contient obligatoirement une région non traduite
- C- L'exon 35 du gène *MYBPC3* contient obligatoirement le codon stop
- D- L'exon 35 du gène *MYBPC3* contient obligatoirement une région non traduite
- E- La séquence d'ADN présente dans les premiers exons du gène code l'extrémité C-terminale de la protéine

QCM 7. La régulation de la transcription du gène *MYBPC3*...

- A- nécessite le fonctionnement correct de certains opérons
- B- nécessite des séquences cis-régulatrices
- C- nécessite des facteurs trans-régulateurs
- D- nécessite des modifications de la chromatine
- E- nécessite l'intervention d'ADN non-codants

QCM 8. La régulation intégrée de la transcription du gène *MYBPC3* met en jeu:

- A- Les enzymes de polyadénylation
- B- Le complexe basal de transcription
- C- Le médiateur
- D- L'interaction entre les facteurs régulateurs de transcription et le médiateur
- E- L'ADN polymérase

QCM 9. La régulation épigénétique du gène *MYBPC3* a pour effet de...

- A- contrôler la régulation post-transcriptionnelle des gènes
- B- contrôler la régulation post-traductionnelle des gènes
- C- modifier la structure de la chromatine
- D- apporter des modifications post-traductionnelles sur les histones
- E- contrôler l'interaction de l'ADN avec les facteurs de transcription

QCM 10. L'acétylation des histones au niveau du gène *MYBPC3* a pour effet de...

- A- rendre la chromatine moins compacte
- B- condenser la chromatine
- C- permettre la transcription du gène
- D- permettre la réplication du gène
- E- déterminer le site de démarrage de la transcription

QCM 11. La régulation transcriptionnelle du gène *MYBPC3* implique la modification de la chromatine...

- A- par clivage des histones sur les nucléosomes
- B- par modification post-traductionnelle des histones par des enzymes spécifiques
- C- par acétylation des histones
- D- par la sortie des histones du noyau
- E- par phosphorylation des histones au niveau de l'acide aminé Sérine à certaines positions de la protéine

QCM 12. Les régions de la chromatine activement transcrites sont en général...

- A- très faiblement méthylées
- B- très fortement méthylées
- C- très fortement acétylées
- D- dans une configuration très condensée
- E- très riches en ribosomes

QCM 13. Les micro-ARN...

- A- ont une taille, une fois mature, généralement supérieure à 100 nucléotides
- B- peuvent inhiber la traduction
- C- bloquent la transcription de gènes spécifiques
- D- codent pour des protéines inhibitrices de la transcription
- E- peuvent déstabiliser des ARNm spécifiques

QCM 14. La traduction de l'ARN mature obtenu après transcription du gène *MYBPC3*...

- A- est réalisée dans le noyau des cellules
- B- nécessite l'utilisation de ribosomes composés d'une grande sous-unité 60S et d'une petite sous-unité 40s
- C- nécessite l'utilisation d'acides aminés
- D- nécessite l'utilisation d'ARNt
- E- nécessite l'utilisation d'ATP

II. Etude de la séquence du gène *MYBPC3*...

A propos du début du gène *MYBPC3*...

Les séquences fournies ci-dessous correspondent :

- au brin sens du gène et contient l'exon 1 dans sa globalité, une partie de l'intron 1 (le début et la fin) (séquence en italique), puis l'exon 2 dans sa totalité

```
1      2
AGTCCCTCTTTGGGTGACCTGTGCCTGCTTCGTGCCTGGTGTGACGTCTCTCAGGATGCCTGAGCCGGGG
AAGAAGCCAGGTAGCTTTATGACTGGGGTTGGGTCTAAGTGTGGGAGCAGGGGGGTGTCTACAATTGGGG
AGCAGGGCTAGGAGGGAGTTCTTGAGGGGGTTGACGAGGACGTGGCCTCTGAGCCCCAGGACAGGGGCAG
CCAGTCCCTCCAGGGTCTTTTTTTGATTCTCGGTTTCTTTTTTCCCAT...TGCACGCTCCAACCAGGGGCCG
TGTAGCCTCCACCTGGCCCTTCAGTCTCAGCTTTTAGCAAGAAGCCACGGTCAGTGGAAGTGGCCGCAGG
CAGCCCTGCCGTGTTTCGAGGCCGAGACAGAGCGGGCAGGAGTGAAGGTGCGCTGGCAGCGCGGAGGCAGT
GACATCAGCGCCAGCAACAAATACGGCCTGGCCACAGAGGGCACACGGCATACTGACAGTGCGGGAAG
TGGGCCCTGCCGACCAGGGATCTTACGCAGTCATTGCTGGCTCCTCCAAGGTCAAGTTCGACCTCAAGGT
5
ATAGAGGCAG
```

- à la séquence de l'exon 1 du brin sens du gène *MYBPC3*

```
AGTCCCTCTT TGGGTGACCT GTGCCTGCTT CGTGCCTGGT GTGACGTCTC TCAGGATGCC
TGAGCCGGGG AAGAAGCCAG
```

QCM 15. Parmi les séquences encadrées, déterminer celle qui correspond au codon d'initiation de la traduction.

- A- La séquence 1
- B- La séquence 2
- C- La séquence 3
- D- La séquence 4
- E- La séquence 5

QCM 16. Quels seront les 5 premiers résidus d'acides aminés présents au niveau de l'extrémité N-terminale de la protéine *MYBPC3* (code génétique fourni à la fin du document) ?

- A- Met-Val-Val-Ala-Glu
- B- Met-Asp-Thr-Ala-Gly
- C- Met-Pro-Glu-Pro-Gly
- D- Met-Pro-Pro-Ala-Tyr
- E- Ser-Pro-Ser-Leu-Gly

QCM 17. Quelle est la longueur de la région 5' non-traduite (5'UTR) de l'ARNm *MYBPC3* ?

- A- 135 pb
- B- 80 pb
- C- 55 pb
- D- La longueur de la région 5' non-traduite (5'UTR) de l'ARNm *MYBPC3* ne peut pas être déterminée à l'aide des éléments qui sont fournis dans l'énoncé
- E- L'ARNm *MYBPC3* ne contient pas de région 5' non-traduite (5'UTR)

QCM 18. Quel sera le 1^{er} nucléotide du brin non-codant du gène *MYBPC3* qui sera transcrit ?

- A- A
- B- C
- C- T
- D- G
- E- U

A propos de la fin du gène *MYBPC3*...

La séquence fournie ci-dessous correspond au brin sens du gène et contient l'exon 34 dans sa totalité, l'intron 34 (en italique), puis l'exon 35 qui est le dernier exon de ce gène. Le codon stop est indiqué en rouge et est localisé dans l'exon 34.

TGCCTCAGTG ACCAGGCTGG CTCCTGGGGA TGGCCAGCCA GGCTGGCTCC TGGGGATGGC CAGGTATGTA
CCACCCGACA CCCAGGGCAC AAGTCAGTGG CTGAGCCCTG GCCCTTGGTC CTGGGGCAGC CATCAGTAAA
TGGGAGGCTG TAGGGGCCCT CCATTCACCTC GTAAGATAAC CTGTGTTGCA GGTACAACCG GATGCCAGCC
CCGTGCCAGG AGCCTGGAGG GAAGTTGGGG AAACCCCTCC CTACTGTTGG ATGTATGTGT GACAAGTGTG
TCTCCTGTGC TGCGATGGGG GATCAGCAGG GCAGTTGTCTG GGCAGTCCTG AGTGGGTGTT GCACAGACTG
GTCCACAGGG CTCCTGAAGG AAGCCCTGG ATCTTTGGGG TAAAAGGAGG GTGGCCTCAA GAAACAATGT
CTGGGGACAG GCCTTTCTGG CCTGCTATGT CTTCCCAATG TTTATTGGGC AATAAAGATA AGTGCAGTCA
CAGAGAACTCA

QCM 19. Au vu de vos connaissances sur les microARN, déterminer si l'un ou plusieurs des micro-ARN suivants pourrait se fixer sur la séquence soulignée au sein de la région 3'UTR du gène *MYBPC3* (les séquences fournies dans les propositions correspondent aux séquences des miR matures).

- A- miR-137 : 5' **UUAUUGCUU**AAGAAUACGCGUAG3'
- B- miR-208a : 5' **AUAAGACGAG**CAAAAAGCUUGU3'
- C- miR-22 : 5' **AAGCUGCC**AGUUGAAGAACUGU3'
- D- miR-21 : 5' **UACCUUAUC**AGACUGAUGUUGA3'
- E- Aucun microARN ne peut se fixer

QCM 20. Au vu de vos connaissances sur les microARN, déterminer si l'un ou plusieurs des micro-ARN suivants pourrait se fixer sur la séquence soulignée au sein de la région 3'UTR de l'ARNm *MYBPC3* (les séquences fournies dans les propositions correspondent aux séquences des miR matures).

- A- miR-137 : 5' **UUAUUGCUU**AAGAAUACGCGUAG3'
- B- miR-208a : 5' **AUAAGACGAG**CAAAAAGCUUGU3'
- C- miR-22 : 5' **AAGCUGCC**AGUUGAAGAACUGU3'
- D- miR-21 : 5' **UACCUUAUC**AGACUGAUGUUGA3'
- E- Aucun microARN ne peut se fixer

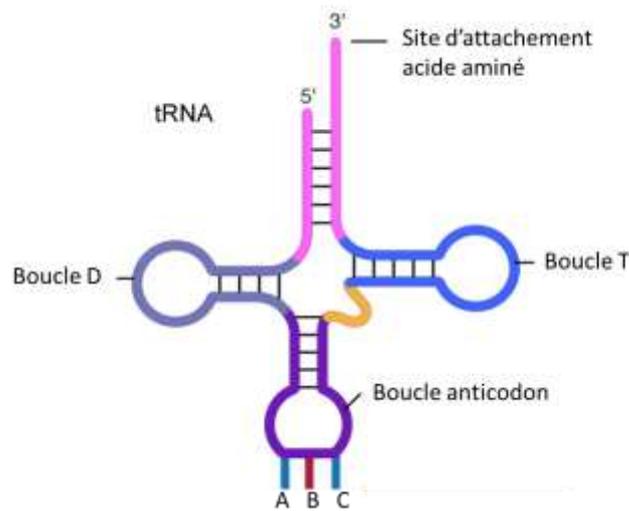
QCM 21. Le signal de polyadénylation de ce gène est situé...

- A- dans l'exon 1
- B- dans l'exon 12
- C- dans l'exon 24
- D- dans l'exon 34
- E- dans l'exon 35

QCM 22. A propos de la queue poly-A

- A- La queue polyA sera ajoutée à la fin du gène *MYBPC3*
- B- La queue polyA sera ajoutée à l'extrémité 5' de l'ARNm *MYBPC3*
- C- La queue polyA sera ajoutée à l'extrémité 3' de l'ARNm *MYBPC3*
- D- Le gène *MYBPC3* ne contient pas de queue poly-A
- E- L'ARNm *MYBPC3* ne contient pas de queue poly-A

Le schéma ci-dessus représente la structure globale d'un ARNt. La séquence de l'anticodon a été remplacée par les lettres ABC.



QCM 23. Si l'on considère le dernier codon codant de l'ARNm MYBPC3, quel serait la séquence réelle de l'anticodon pour obtenir l'insertion du bon acide aminé lors de la traduction (par quel triplet de nucléotides peut-on remplacer le triplet ABC) ?

- A- CAG
- B- GAC
- C- GUC
- D- CUG
- E- UCA

QCM 24. Si l'on considère l'avant-dernier codon de l'ARNm MYBPC3, quel est l'acide aminé qui doit être chargé sur l'extrémité de l'ARNt pour obtenir l'insertion du bon acide aminé lors de la traduction ?

- A- Glutamine
- B- Alanine
- C- Thréonine
- D- Proline
- E- Glycine

III. Etude de 2 patients présentant une cardiomyopathie hypertrophique

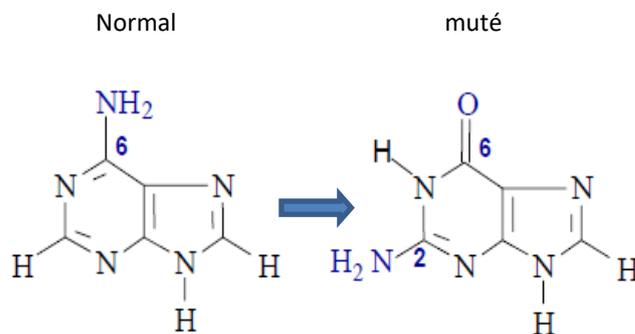
• III.1. Patiente A

QCM 25. En supposant qu'un caryotype soit réalisé chez une patiente A présentant une CMH causée par une variation du gène *MYBPC3*, déterminez, parmi les propositions suivantes, lesquelles sont exactes ?

- A- Le caryotype permettra de visualiser le gène mais pas la variation
- B- Le caryotype permettra de visualiser le gène et également la variation
- C- Le caryotype ne permettra pas de visualiser le gène
- D- Le caryotype permettra de visualiser l'ARNm *MYBPC3*
- E- Le caryotype permettra de visualiser la protéine codée par ce gène

QCM 26. Un prélèvement sanguin a été fait à cette patiente pour identifier l'anomalie moléculaire responsable de sa pathologie. Quelles sont les conséquences sur l'ADN si le tube contenant l'ADN extrait était chauffé à 95°C ?

- A- L'ensemble des liaisons covalentes présentes dans l'ADN sont rompues
- B- L'ADN est dénaturé par rupture de l'ensemble des liaisons covalentes et non covalentes
- C- L'ADN est dénaturé par rupture uniquement des liaisons hydrogènes
- D- L'ADN est totalement dégradé
- E- L'ADN ne subit aucune modification



QCM 27. L'analyse moléculaire faite sur l'ADN de cette patiente a permis d'identifier une substitution nucléotidique sur le gène *MYBPC3*. Ce changement concerne les bases représentées ci-dessus :

La base azotée normalement présente est...

- A- une pyrimidine
- B- une purine
- C- une guanosine
- D- une adénine
- E- une thymine

QCM 28. La base azotée normalement présente...

- A- peut également être dénommée 6-aminopurine
- B- peut également être dénommée 2-amino-6-oxopurine
- C- peut également être dénommée 4-amino-2-oxopyrimidine
- D- peut également être dénommée 2,4-dioxypyrimidine
- E- peut également être dénommée 5-méthyl-2,4-dioxypyrimidine

QCM 29. La base azotée apparue suite à la variation est...

- A- une pyrimidine
- B- une purine
- C- une guanosine
- D- une adénine
- E- une thymine

Le séquençage de l'ADN de cette patiente sur une partie du gène *MYBPC3* a abouti à l'électrophorégramme représenté ci-dessous (Figure 3) et a permis d'identifier la variation recherchée (voir flèche). En effet, sachant qu'un pic correspond à un nucléotide, au niveau d'une position précise du génome, on peut visualiser 2 pics superposés (voir flèche).

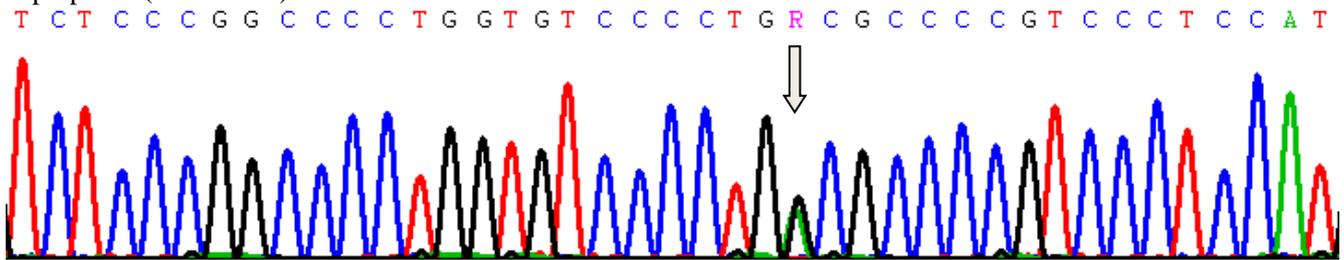


Figure 3. Séquence partielle du gène *MYBPC3* de l'ADN de la patiente (brin sens)

QCM 30. Comment interpréter la présence de ce double pic ?

- A- Il s'agit obligatoirement d'un artefact expérimental
- B- La variation n'est présente que dans la moitié des cellules
- C- La variation n'est présente sur un seul des 2 allèles du gène
- D- La variation n'est présente que sur une seule chromatide de chaque chromosome
- E- Au vu des éléments fournis, aucune explication citée ci-dessus n'est valable

Pour essayer de prédire la conséquence fonctionnelle de cette variation de séquence, il serait nécessaire de la localiser plus précisément. Pour cela, une séquence partielle du gène *MYBPC3* (Figure 4) et de l'ARNm *MYBPC3* (Figure 5) vous est fournie (NB : pour vous permettre de comparer plus facilement les 2 séquences, **vous disposez comme repère d'une séquence soulignée qui se trouve dans l'exon 6**).

Il est à noter que :

- la séquence génomique fournie (Figure 4) contient la fin de l'intron 5, l'exon 6, et de le début de l'intron 6
- la séquence ARNm fournie (Figure 5) contient la séquence complète des exons 5 à 7.

5' -GAGCCACCGCGCCCGGCCACTCCCAGTCTCCTTTAAGGGTGC GGAGCCTTGTCTCCCGGCCCTGGTGTCCCTGACGCCCCGTCCCTCCATGCACACAGGTCTATCTGTTTCGAGCTGCACATCACCAGATGCCCAGCCTGCCTTCACTGGCAGCTACCGCTGTGAGGTGTCCACCAAGGACAAATTTGACTGCTCCAACCTCAATCTCACTGTCCTCCACCGGTGAGGGGGCCCTGGTGTCTGTCTGGGCTCGGGCTCCCCATGGGTCTCTTACCTCCTTTTCCCAACACTAAGGAGGATGCCTCGTCCCATCCA-3'

Figure 4. Séquence partielle du gène *MYBPC3* (brin sens)

5' -GUGGCAGCAUCACCUUCUCAGCCCCGCGUGGCCGGCGCCAGCCUCCUGAAGCCGCCUGUGGUCAAGUGGUUC AAGGGCAA AUGGGUGGACCUGAGCAGCAAGGUGGGCCAGCACCUGCAGCUGCAGCAGCUACGACCGCGCCA GCAAGGUCUAUCUGUUCGAGCUGCACAUCACCGAUGCCAGCCUGCCUUCACUGGCAGCUACCGCUGUGAGGU GUCCACCAAGGACAAAUUUGACUGCUCCAACUCAAUCUCACUGUCCACGAGGCCAUGGGCACC GGAGACCUG GACCUCCUAUCAGCCUUCGCGGCAC-3'

Figure 5. Séquence partielle de l'ARNm *MYBPC3*

QCM 31. En vous aidant des figures 4 et 5, déterminer, parmi les **nucléotides indiqués en gras** dans la figure 3, celui qui correspond au 1^o nucléotide de l'exon 6 ?

- A- A
- B- C
- C- G
- D- T
- E- Aucune des 4 propositions n'est exacte

QCM 32. En vous aidant des figures 4 et 5, déterminer parmi les nucléotides double-souignés dans la figure 4 celui qui correspond au dernier nucléotide de l'exon 6 ?

- A- A
- B- C
- C- G
- D- T
- E- Aucune des 4 propositions n'est exacte

QCM 33. En vous aidant des figures 4 et 5, déterminer quel est le premier nucléotide de l'exon 7 du gène *MYBPC3*?

- A- Adénine
- B- Cytosine
- C- Guanine
- D- Thymine
- E- Uracile

QCM 34. En vous aidant des figures 3 et 4 (**première ligne de la figure 4**), déterminer la localisation de la variation de la patiente au sein du gène *MYBPC3* ?

- A- Exon 5
- B- Intron 5
- C- Exon 6
- D- Intron 6
- E- Exon 7

QCM 35. Quelle est la conséquence de cette variation sur la séquence peptidique ?

- A- Elle transforme un acide aminé en un autre acide aminé
- B- Elle transforme un acide aminé en un codon stop
- C- Elle pourrait avoir un impact sur l'épissage
- D- Elle transforme un codon sérine en un codon leucine
- E- Elle ne peut pas modifier la séquence peptidique

QCM 36. Au vu de sa position, quelle pourrait éventuellement être la conséquence de cette variation sur l'épissage du transcrit *MYBPC3* ?

- A- Perte du site accepteur de l'intron 5 *MYBPC3*
- B- Perte du site donneur de l'intron 5 *MYBPC3*
- C- Création d'un nouveau site donneur dans l'intron 5 *MYBPC3*
- D- Création d'un nouveau site accepteur dans l'intron 5 *MYBPC3*
- E- Perte du site de branchement

• III.2. Patients B et C

Un prélèvement sanguin a été fait aux patients B et C pour identifier leur anomalie moléculaire respective responsable de leur pathologie.

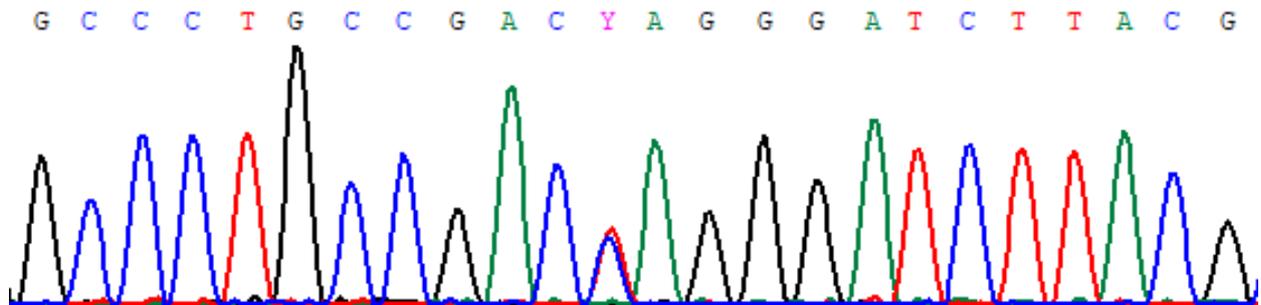
Ces dernières sont localisées dans l'exon 2 du gène *MYBPC3* dont les principales caractéristiques sont les suivantes :

- Séquence du brin sens de l'exon 2 (taille: 267 pb) :

```
TCTCAGCTTT TAGCAAGAAG CCACGGTCAG TGGAAGTGGC CGCAGGCAGC CCTGCCGTGT
TCGAGGCCGA GACAGAGCGG GCAGGAGTGA AGGTGCGCTG GCAGCGCGGA GGCAGTGACA
TCAGCGCCAG CAACAAGTAC GGCCTGGCCA CAGAGGGCAC ACGGCATACG CTGACAGTGC
GGGAAGTGGG CCCTGCCGAC CAGGGATCTT ACGCAGTCAT TGCTGGCTCC TCCAAGGTCA
AGTTTCGACCT CAAGGTCATA GAGGCAG
```

- Le premier nucléotide du brin sens de l'exon 2 (qui est une thymine) correspond au 26^{ème} nucléotide codant de l'ARNm

Sachant que la séquence partielle de l'exon 2 du gène *MYBPC3* du patient B correspond à l'électrophorégramme ci-dessous, répondez aux QCM 37 et 38



QCM 37. A l'aide des nouvelles données ci-dessus, déterminer quel est le nucléotide qui a été modifié sur l'exon 2 du patient B.

- A- Le 26^{ème} nucléotide codant de l'ARNm
- B- Le 76^{ème} nucléotide codant de l'ARNm
- C- Le 126^{ème} nucléotide codant de l'ARNm
- D- Le 226^{ème} nucléotide codant de l'ARNm
- E- Le 276^{ème} nucléotide codant de l'ARNm

QCM 38. Sachant que la séquence partielle de l'exon 2 du gène *MYBPC3* du patient B correspond à l'électrophorégramme ci-dessus, quelle est la conséquence de cette variation sur la séquence peptidique ?

- A- Elle transforme un acide aminé en un autre acide aminé
- B- Elle aboutit à l'apparition d'un codon stop prématuré
- C- Elle pourrait avoir un impact sur l'épissage
- D- Elle transforme un codon sérine en un codon leucine
- E- Elle ne peut pas modifier la séquence peptidique

QCM 39. Sachant que la séquence partielle de l'exon 2 du gène *MYBPC3* du patient C a permis de mettre en évidence la délétion de la cytosine qui correspond au 4^{ème} nucléotide de l'exon 2, déterminer quel est le nucléotide codant qui a été modifié sur l'exon 2 du patient C.

- A- Le 29^{ème} nucléotide codant de l'ARNm
- B- Le 129^{ème} nucléotide codant de l'ARNm
- C- Le 179^{ème} nucléotide codant de l'ARNm
- D- Le 229^{ème} nucléotide codant de l'ARNm
- E- Le 279^{ème} nucléotide codant de l'ARNm

QCM 40. Quelle est la conséquence de la délétion de cette cytosine sur la séquence peptidique ?

- A- Elle transforme un acide aminé en un autre acide aminé
- B- Elle aboutit à l'apparition d'un codon stop prématuré
- C- Elle pourrait avoir un impact sur l'épissage
- D- Elle transforme un codon sérine en un codon leucine
- E- Elle ne peut pas modifier la séquence peptidique

Code génétique

| | | Deuxième lettre | | | | |
|-----------------|---|-----------------|---------|---------|---------|---|
| | | U | C | A | G | |
| Première lettre | U | Phe (F) | Ser (S) | Tyr (Y) | Cys (C) | U |
| | | Phe (F) | Ser (S) | Tyr (Y) | Cys (C) | C |
| | | Leu (L) | Ser (S) | STOP | STOP | A |
| | | Leu (L) | Ser (S) | STOP | Trp (W) | G |
| | C | Leu (L) | Pro (P) | His (H) | Arg (R) | U |
| | | Leu (L) | Pro (P) | His (H) | Arg (R) | C |
| | | Leu (L) | Pro (P) | Gln (Q) | Arg (R) | A |
| | | Leu (L) | Pro (P) | Gln (Q) | Arg (R) | G |
| | A | Ile (I) | Thr (T) | Asn (N) | Ser (S) | U |
| | | Ile (I) | Thr (T) | Asn (N) | Ser (S) | C |
| | | Ile (I) | Thr (T) | Lys (K) | Arg (R) | A |
| | | Met (M) | Thr (T) | Lys (K) | Arg (R) | G |
| | G | Val (V) | Ala (A) | Asp (D) | Gly (G) | U |
| | | Val (V) | Ala (A) | Asp (D) | Gly (G) | C |
| | | Val (V) | Ala (A) | Glu (E) | Gly (G) | A |
| | | Val (V) | Ala (A) | Glu (E) | Gly (G) | G |

Chaque acide aminé est indiqué en utilisant son abréviation soit en 3 lettres, soit en une lettre (voir ci-dessous).

Liste des acides aminés

- Acide aspartique (Asp, D);
- Acide glutamique (Glu, E);
- Alanine (Ala, A);
- Arginine (Arg, R);
- Asparagine (Asn, N);
- Cystéine (Cys, C);
- Glutamine (Gln, Q);
- Glycine (Gly, G);
- Histidine (His, H);
- Isoleucine (Ile, I);
- Leucine (Leu, L);
- Lysine (Lys, K);
- Méthionine (Met, M);
- Phénylalanine (Phe, F);
- Proline (Pro, P);
- Sérine (Ser, S);
- Thréonine (Thr, T);
- Tryptophane (Trp, W);
- Tyrosine (Tyr, Y);
- Valine (Val, V).