



# Université de Lyon

## Concours PACES 2017-2018

### **U.E. 1**

*Pr Yves MOREL (coordinateur)*  
*Pr Caroline MOYRET-LALLE*  
*Pr Pascal NEBOIS*  
*Pr Raphael TERREUX*  
*Dr Olivier MEURETTE*

**Epreuve du Mardi 12 décembre 2017 – 10h45 / 12h30**  
**Durée de l'épreuve : 105 minutes**

**Nombre de questions : 51 questions**

Les questions sont notées de 1 à 3 points.  
L'ensemble correspond à un total de 81 points.

Ce fascicule comprend :

- 21 pages manuscrites numérotées
- 5 pages de séquences (recto)

**Les calculatrices sont interdites**

En réponse à chaque question vous pouvez noircir **zéro à cinq cases** sur la grille correspondant à des propositions **justes**

**IMPORTANT** : vous devez impérativement vérifier au début de l'épreuve que votre livret est complet.

**QUESTION N°1 (1 point)**

- A Une transformation isobare est une transformation à pression constante
- B Lors d'une transition électronique d'un niveau excité vers le niveau fondamental, il y a toujours un seul photon libéré
- C Dans la fonction  $\Psi(\rho, \theta, \phi) = R(r) \cdot Y(\theta, \phi)$  ;  $Y(\theta, \phi)$  est appelée partie radiale
- D Le fluor (Z=9) est l'élément le plus électro-négatif du tableau périodique
- E Un système ouvert en thermodynamique permet d'échanger exclusivement de la matière et de l'énergie

**QUESTION N° 2 (2 points, une seule réponse juste)**

Indiquez la structure la plus probable de la molécule : ClFO<sub>3</sub> ?

Sachant que : Oxygène Z = 8 ; Fluor Z = 9 ; Chlore Z= 17.

Diagramme de Lewis de la molécule : ClFO <sub>3</sub>				
<b>A</b>	<b>B</b>	<b>C</b>	<b>D</b>	<b>E</b>

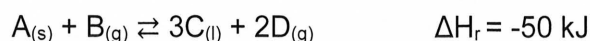
**QUESTION N° 3 (1 point)**

Suite de la question précédente, en utilisant le modèle VSEPR pour la molécule ClFO<sub>3</sub>,

- A AX<sub>4</sub>
- B AX<sub>4</sub>E<sub>1</sub>
- C Le Fluor est hypervalent
- D Il n'existe aucune déformation dans la structure
- E Il existe une déformation dans la structure

**QUESTION N° 4 (3 points)**

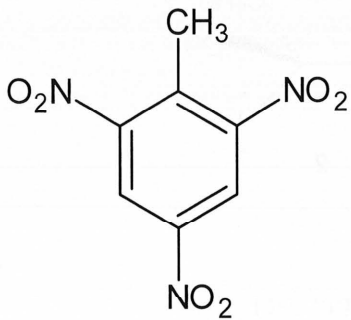
Dans un réacteur dont l'enceinte est dilatable, on effectue la réaction suivante :



- A Si on diminue la pression, la réaction est déplacée dans le sens indirect
- B Si on augmente la température, la réaction est déplacée dans le sens direct
- C Si on ajoute du D<sub>(g)</sub>, la réaction est déplacée dans le sens indirect
- D Si on ajoute du A<sub>(s)</sub>, la réaction est déplacée dans le sens direct
- E La réaction est endothermique



**QUESTION N° 5 (3 points, une seule réponse juste)**

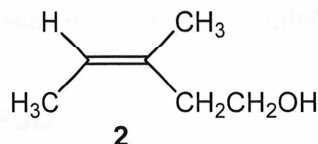
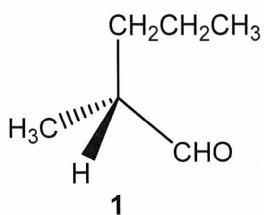
	<p>Données :</p> <p>Electronégativité :</p> <p>C = 2,55 ; O = 3,44 ; H = 2,2 ; N = 3,04</p> <p>Moment dipolaire:</p> <p>CH = 0,4D ; NO = 2,5 D ; CC = 0D ; CN = 1D</p> <p>Angle ONO = 120°</p>
---	--

Le moment dipolaire de la molécule ci-dessus est

- A 0,0 D
- B 0,4 D
- C 2,5 D
- D 5,4 D
- E 7,9 D

**QUESTION N°6 (1 point)**

Concernant les structures **1** et **2** suivantes :



- A Selon la nomenclature IUPAC, **1** est le (R)-2-méthylpentan-2-al
- B Selon la nomenclature IUPAC, **2** est le (E)-3-méthylpent-3-èn-1-ol
- C **1** et **2** sont isomères de constitution
- D **2** correspond à la forme énolique de **1**
- E **1** est un aldéhyde énolisable

**QUESTION N°7 (1 point)**

Concernant les structures **1** et **2** suivantes :



- A **2** est un alcool tertiaire
- B Selon la nomenclature IUPAC, **1** est le (R)-2-méthyl-3-phénylbutan-2-ol
- C **1** et **2** sont isomères de conformation
- D **1** et **2** sont énantiomères
- E Aucune relation d'isomérisation n'existe entre **1** et **2**

**QUESTION N°8 (1 point)**

Concernant les structures **1** et **2** suivantes :



- A **1** correspond à un composé chiral
- B Selon la nomenclature IUPAC, **1** est le (1R,2R)-1,2-dichloro-1-hydroxypropane
- C **1** et **2** sont isomères de conformation
- D **1** est de configuration méso
- E Aucune relation d'isomérisation n'existe entre **1** et **2**

**QUESTION N°9 (1 point)**

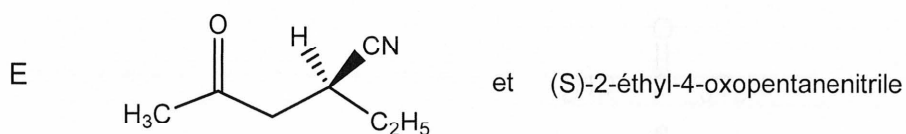
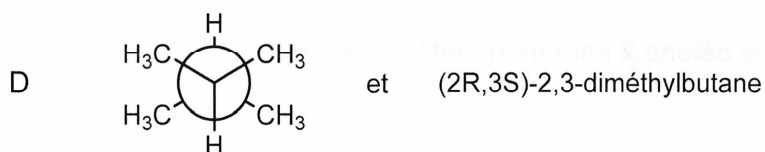
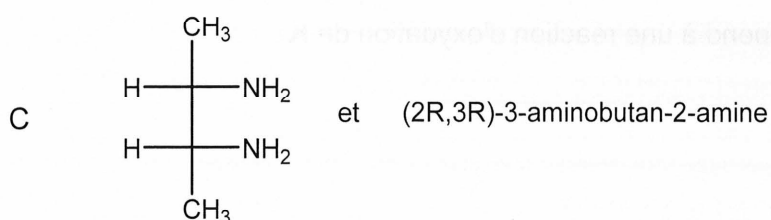
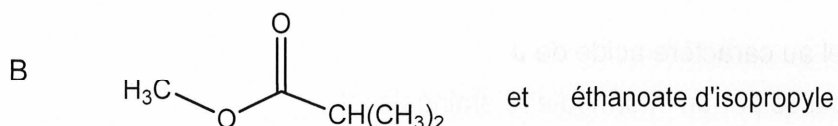
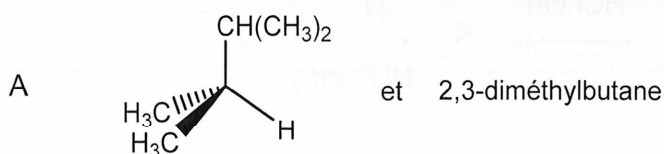
Concernant les structures **1** et **2** suivantes :



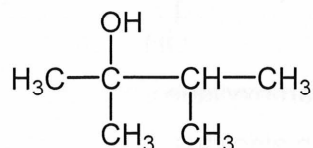
- A **2** correspond à un composé chiral
- B Selon la nomenclature IUPAC, **1** est l'acide (2R,3R)-2-hydroxy-2,3-diméthyl-4-oxobutanoïque
- C **1** et **2** sont isomères de constitution
- D **1** et **2** sont diastéréoisomères
- E **2** est de configuration méso

**QUESTION N°10 (1 point)**

Parmi les propositions **A** à **E** suivantes, la(les)quelle(s) associe(nt) un nom exact, selon la nomenclature IUPAC, à la structure proposée ?

**QUESTION N°11 (1 point)**

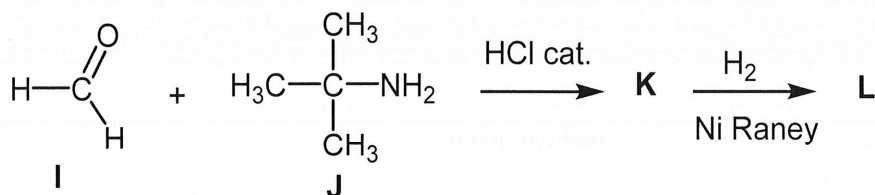
Cette question est relative à la déshydratation de l'alcool **1** en milieu  $\text{H}_2\text{SO}_4$  / chauffage

**1**

- A La déshydratation de **1** se fait par un mécanisme E1
- B La réaction de **1** avec  $\text{H}_2\text{SO}_4$  fait appel au caractère acide de **1**
- C Parmi les produits obtenus, il y a au moins un alcène de configuration Z
- D La réaction conduit à un mélange de trois alcènes dont deux sont diastéréoisomères
- E La réaction conduit à un mélange de deux alcènes isomères de constitution

## QUESTION N°12 (1 point)

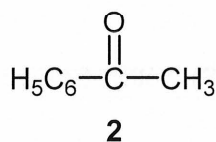
Cette question est relative à la suite réactionnelle suivante :



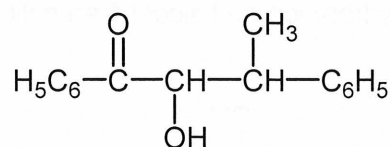
- A La réaction entre **I** et **J** fait appel au caractère acide de **J**
- B La réaction de formation de **K** passe par un intermédiaire aminoalcool
- C **K** est une imine
- D La réaction de formation de **L** correspond à une réaction d'oxydation de **K**
- E **L** est une amine secondaire

## QUESTION N°13 (1 point)

Concernant la réaction qui consiste à traiter la cétone **2** par une quantité catalytique d'une base ( $\text{HO}^-$  cat.) :



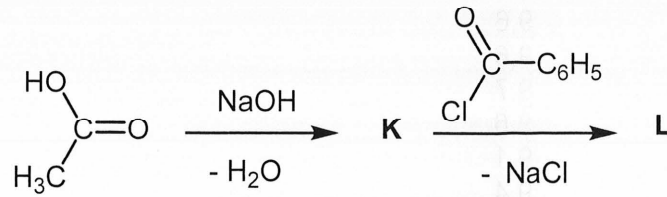
- A La réaction conduit au cétole suivant :



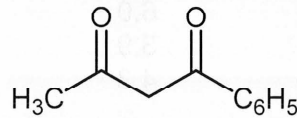
- B La réaction conduit à un acide carboxylique
- C La réaction est une condensation aldolique
- D Dans un premier temps, la cétone **2** réagit avec  $\text{HO}^-$  selon une réaction acide-base
- E La cétone **2** ne réagit pas dans ces conditions parce qu'elle n'est pas énolisable

## QUESTION N°14 (1 point)

Concernant les réactions suivantes :

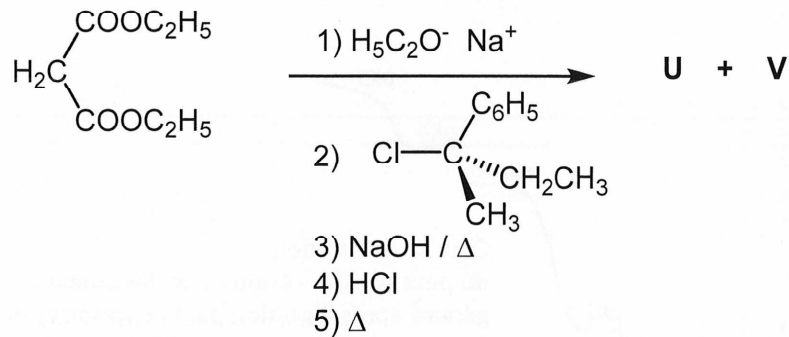


- A La réaction qui conduit à la formation de **K** est une réaction acide-base  
 B **K** est un ester  
 C La réaction qui conduit à **L** à partir de **K** met à profit le caractère nucléophile de **K**  
 D **L** est un anhydride d'acide  
 E La structure de **L** est :

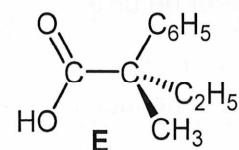
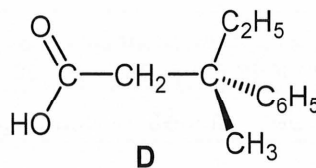
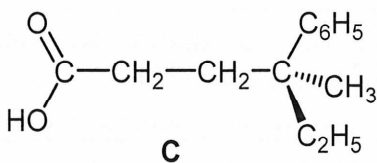
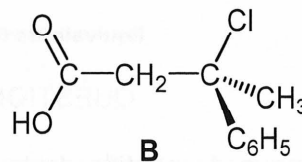
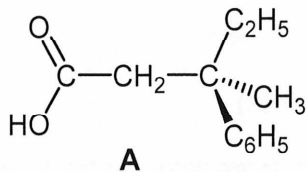


## QUESTION N°15 (1 point)

Concernant les réactions suivantes :



Parmi les cinq composés **A** à **E** suivants, quel(s) est(sont) celui(ceux) qui correspond(ent) à **U** ou **V** ?



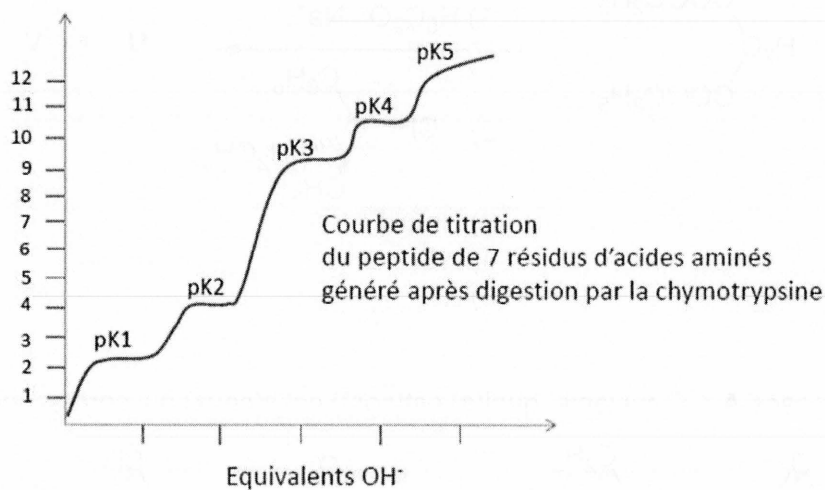
Rappel des valeurs de pK des 20 acides aminés courants pouvant être utilisées pour les questions suivantes

	pKa1	pKa2	pKaR
Gly	2,3	9,6	
Ala	2,3	9,7	
Val	2,3	9,6	
Leu	2,4	9,6	
Ileu	2,4	9,7	
Pro	2	9,6	
Phe	1,8	9,1	
Trp	2,4	9,4	
Asn	2	8,8	
Gln	2,2	9,1	
Tyr	2,2	9,1	10,1
Ser	2,2	9,2	
Thr	2,6	10,4	
Cys	1,7	10,8	8,3
Met	2,3	9,2	
Lys	2,2	9,2	10,5
Arg	2,2	9,2	12,5
His	1,8	9,2	6,0
Asp	2,1	9,8	3,9
Glu	2,2	9,7	4,3

Enoncé pour les QUESTIONS 16 et 17

L-L-G-D-F-F-R-K-S-K-E-K-I-G-K-E-F-K-R-I-P-V-Q-R-I-K-D-F-L-R-N-L-V-P-R-T-E-S

Le polypeptide PAM ci-dessus est digéré *in vitro* par la chymotrypsine en condition non standard avec un excès d'enzyme. Plusieurs acides aminés libres et plusieurs peptides sont générés.



QUESTION N° 16 (2 points)

- A Le point isoélectrique du peptide de la figure ci-dessus se situe entre la valeur de pK2 et la valeur de pK3
- B Un peptide de 8 acides aminés est produit après digestion par la chymotrypsine
- C Deux peptides de 4 acides aminés chacun, générés par la digestion, ont le même point isoélectrique
- D Parmi les acides aminés libres produits par la digestion, l'un d'eux absorbe dans l'UV
- E Les acides aminés libres produits par la digestion sont tous des acides aminés essentiels

**QUESTION N° 17 (1 point)**

- A Le peptide de 4 acides aminés présentant dans sa séquence 2 acides aminés à chaîne latérale chargée, a une charge négative à pH 10
- B Le polypeptide digéré par la chymotrypsine est un polypeptide impliqué dans l'immunité acquise, et est présent dans les muqueuses chez l'Homme
- C Le peptide de 8 acides aminés obtenu après digestion par la chymotrypsine, présente 2 fois dans sa séquence un acide aminé avec 2 carbones asymétriques
- D Une réaction colorimétrique au réactif de Biuret est réalisée sur tous les peptides produits par la digestion : tous les produits de la réaction sont détectés en dosage direct par colorimétrie à 540nm
- E L'acide aminé en position C-term du polypeptide PAM peut être impliqué dans des Tauopathies

**QUESTION N° 18 (1 point)**

A propos des acides aminés,

- A L'acide ascorbique est un co-facteur des enzymes prolyl et lysyl hydroxylases
- B Dans le test de Guthrie, la présence de tyrosine dans le sang lèvera l'inhibition de croissance du bacille *Bacillus subtilis* mis en présence d'un inhibiteur
- C Une solution contenant des ions chlorures est utilisée comme solution contre-ions dans la chromatographie d'échange d'ions à résine cationique
- D L'enzyme galactosyltransférase peut avoir un impact sur la structure des fibres de collagène
- E La décarboxylation de l'acide glutamique est un processus réversible qui permet de transformer l'acide glutamique en acide alpha-cétoglutarique

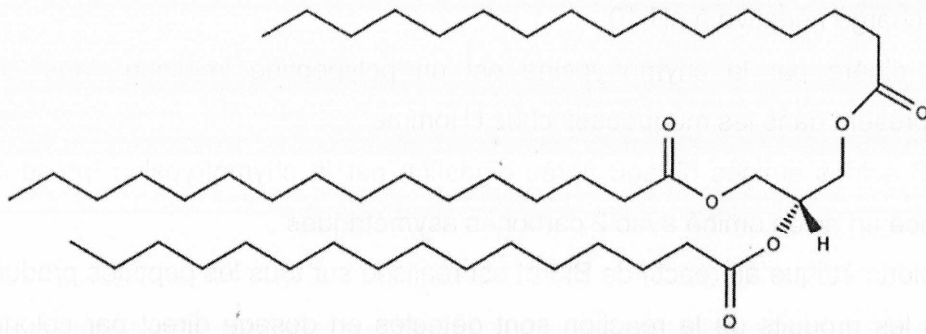
**QUESTION N° 19 (1 point)**

A propos des peptides,

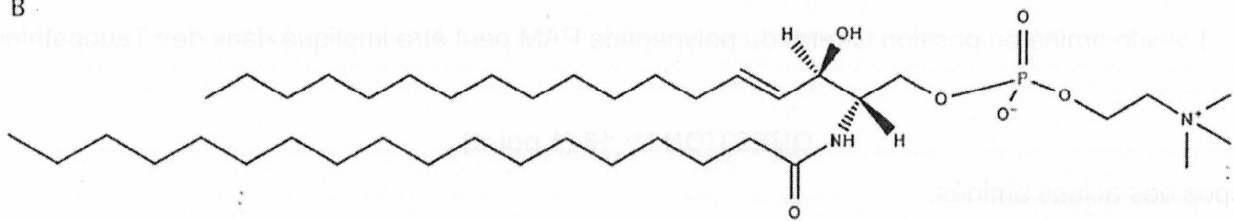
- A Le peptide ILPWKWPWWPWR est un peptide anti-microbien : il est de type cationique
- B *In vivo*, la chymotrypsine attaque les liaisons peptidiques en C-term des résidus en créant une liaison covalente entre le résidu sérine de son site catalytique et le groupement NH de la liaison peptidique attaquée
- C La diarginylinsuline est générée après coupure de la pro-insuline par la carboxypeptidase E
- D L'antibiotique gramicidine S est un peptide cyclisé par liaison isopeptidique
- E Après une électrophorèse bi-dimensionnelle et une coloration au nitrate d'argent, un échantillon protéique peut être prélevé dans le gel et séquencé avec de l'isothiocyanate de phényle

La figure ci-dessous concerne les QUESTIONS 20, 21 et 22

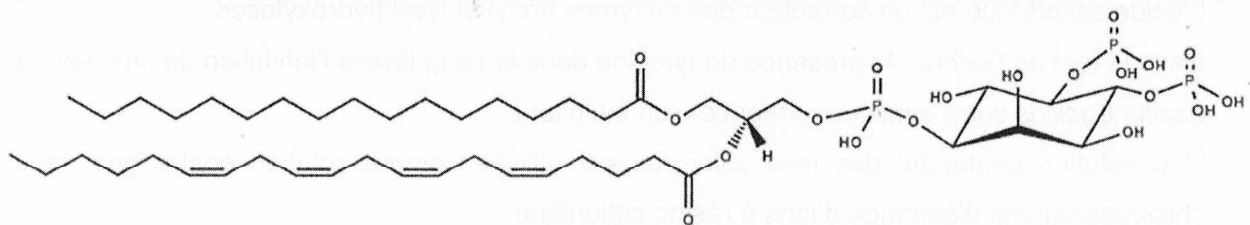
A



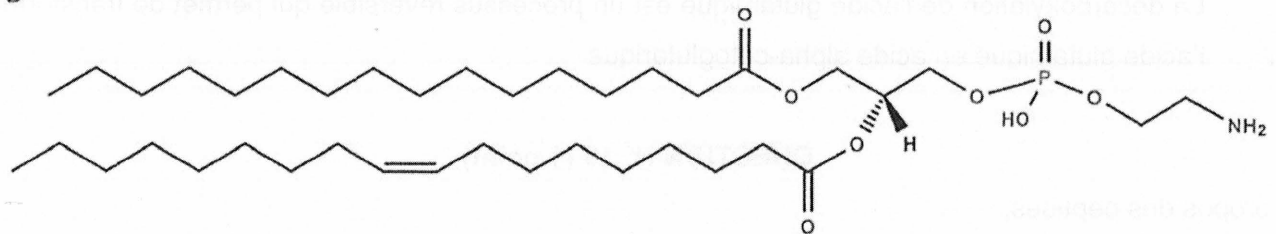
B



C



D



**QUESTION N° 20 (1 point)**

- A Le lipide A est un constituant des membranes biologiques.
- B Les quatre lipides représentés sont des lipides complexes.
- C Le lipide B est constituant des gaines de myéline.
- D Le lipide A peut-être transporté dans des lipoprotéines de haute densité (HDL).
- E Le lipide C est un précurseur de second messager.



**QUESTION N° 21 (1 point)**

- A L'action d'une phospholipase D sur le lipide C libère un précurseur des tromboxanes
- B L'action d'une phospholipase C sur le lipide A libère un diacyl-glycérol
- C La température de fusion de l'acide gras en seconde position sur le lipide A est supérieure à celle de l'acide gras en seconde position sur le lipide B
- D Le lipide C est un globoside
- E Le lipide B est présent au niveau de la face externe des membranes biologiques et le lipide D au niveau de la face interne

**QUESTION N° 22 (2 points)**

Une HPLC est réalisée avec les 6 acides gras suivants :

- 1 : produit de la réaction de la phospholipase A2 sur le lipide C
- 2 : acide laurique
- 3 : produit de la réaction de la phospholipase A2 sur le lipide D
- 4 : l'acide alpha-linolénique
- 5 : acide arachidique (C20 :0)
- 6 : acide octadécanoïque

- A En HPLC le temps de rétention de l'acide gras 3 est supérieur à celui de l'acide gras 5
- B En chromatographie en phase gazeuse, l'ordre d'apparition des pics sera 2, 4, 3, 5, 6, 1
- C En chromatographie en phase gazeuse, l'ordre d'apparition des pics sera le même qu'en HPLC
- D En HPLC, l'ordre d'apparition des pics correspondant aux acides gras 2 à 6 sera le suivant : 2, 4, 3, 6, 5
- E Les acides gras suivants 1, 3 et 4 sont classés dans le sens croissant de leur indice d'iode : 3, 4, 1

**QUESTION N° 23 (1 point)**

- A Des acides gras insaturés sous forme trans peuvent être produits par hydrogénation partielle des huiles contenant des acides gras insaturés
- B Les cérides sont formés à partir d'un alcool gras et d'un acide gras
- C Les terpènes sont des lipides complexes formés par la polymérisation et le remaniement de l'isoprène
- D Les glycérophospholipides sont dérivés de la sphinganine
- E Les plasmalogènes n'ont pas de liaisons ester

**QUESTION N° 24 (1 point)**

- A La réplication de l'ADN est bi-directionnelle chez les eucaryotes et chez les procaryotes
- B La primase est une ARN polymérase ADN dépendante
- C Chez les procaryotes, les unités de réplication ne sont pas activées en même temps
- D Les fragments d'Okazaki sont synthétisés par une ADN polymérase fonctionnant dans le sens 5' vers 3'
- E Tout comme le brin avancé, le brin retardé est discontinu pour permettre l'action des ADN polymérases dans le sens 5' vers 3'

**QUESTION N° 25 (1 point)**

- A La télomérase est une ADN polymérase ARN dépendante
- B Les protéines SSB (Single Strand Binding Protein) stabilisent l'ADN simple brin pour permettre l'action des hélicases
- C La protéine PCNA permet d'augmenter la processivité de l'ADN polymérase  $\delta$  chez les eucaryotes
- D La fidélité des ADN polymérases dépend de leur activité exonucléasique 3' vers 5'
- E L'ADN polymérase I chez les eucaryotes possède une activité exonucléasique 5' vers 3'

**QUESTION N° 26 (2 points)**

Soit la séquence suivante d'ADN génomique: 5' ACTGGTCGCTGCAGTC 3'

Suite à des lésions de l'ADN la séquence suivante est obtenue après deux réplifications :

5' ACTTGTCGTTACGGTC 3'.

- A La séquence obtenue contient quatre substitutions dont trois par transversion
- B La première substitution quand on lit la séquence dans le sens 5' vers 3', peut être le résultat d'une lésion spontanée de l'ADN ou de l'action d'un agent alkylant
- C La deuxième mutation par transition peut être le résultat de la désamination d'une cytosine
- D Ces mutations peuvent être réparées par le système BER
- E Deux des mutations présentées peuvent être le résultat de déaminations spontanées

## QUESTION N° 27 (2 points)

Figure 1

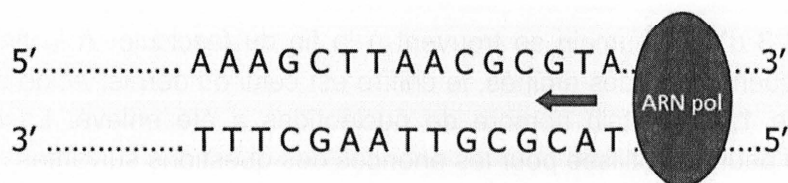


Figure 2



A propos de la transcription,

- A Sur la Figure 1, le brin antisens transcrit est le brin supérieur
- B Le transcrit correspondant à la séquence génique de la Figure 1 est :  
5' U A C G C G U U A A G C U U U 3'
- C Au cours de la transcription procaryote, le facteur sigma de l'ARN polymérase se détache de l'enzyme cœur au niveau du signal de terminaison de la transcription
- D Chez les eucaryotes, plusieurs séquences très conservées sont présentes dans les régions promotrices des gènes codant pour des protéines
- E Sur la Figure 2 est présenté l'ARNr précurseur des ARNr nucléolaires eucaryotes 18 S, 5,8 S et 28 S ; les séquences intergéniques (traits) seront éliminées par le mécanisme d'épissage

## QUESTION N° 28 (2 points)

Figure 1

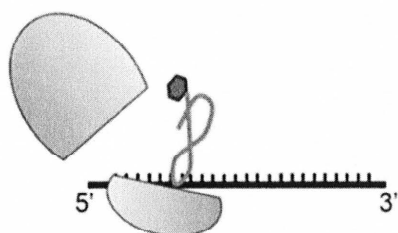
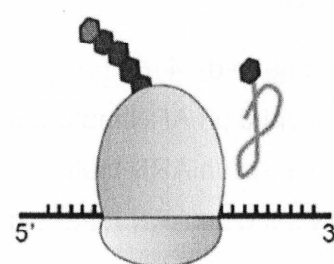


Figure 2



A propos de la traduction,

- A Sur la Figure 1, le losange gris à contour foncé représente le tryptophane
- B Dans la séquence ARN suivante: 5' G C C G C C [A/G] C C A U G G U A A C A C C C A U G 3', le 1<sup>er</sup> codon qui sera lu par l'ARNt initiateur sera le codon AUG situé à l'extrémité 3' de la séquence
- C La dégénérescence du code génétique signifie qu'à plusieurs acides aminés correspond un seul codon
- D La séquence SECIS présente sur un ARNm permet au ribosome de continuer la traduction au-delà du codon UGA
- E Les tétracyclines vont bloquer la réaction présentée sur la Figure 2

**L'énoncé ci-dessous ainsi que tous les énoncés des questions suivantes peuvent servir à répondre aux questions 29 à 44**

Trois séquences 1, 2 et 3 d'ADN humain se trouvent à la fin du fascicule. A la fin de chaque ligne correspondant à une séquence d'acides aminés, le chiffre est celui du dernier acide aminé noté par sa lettre. Dans la séquence 1, un certain nombre de nucléotides a été enlevé. La numérotation des nucléotides est exacte et peut être utilisée pour les énoncés des questions suivantes. Le dernier exon a une partie codante. Le transcrit primaire du gène du récepteur aux glucocorticoïdes (*NR3C1*) donne deux isoformes :

- La protéine GR $\alpha$  lie les glucocorticoïdes. La séquence 2 est complète et correspond à l'ADNc de GR $\alpha$ .
- La protéine GR $\beta$  ne lie pas les glucocorticoïdes et est présente dans le noyau. Seule la partie C-terminale est différente de la protéine GR $\alpha$ . La séquence 3 est très incomplète et correspond à l'ADNc de GR $\beta$ . Elle contient la fin de la région codante et la région non codante qui est amputée de très nombreux nucléotides. Le dernier exon commence au nucléotide 28404 de la séquence 1.

**QUESTION N° 29 (3 points)**

La protéine GR $\alpha$

- A est longue de 6784 bp
- B provient d'un ARN mature qui est formé de 8 exons
- C provient d'un ARN mature qui est formé de 9 exons
- D provient d'un ARN mature qui est formé de 10 exons
- E provient d'un transcrit primaire de 29684 nucléotides (à 10 nucléotides près)

**QUESTION N° 30 (3 points)**

La protéine GR $\beta$

- A est longue de 4154 bp
- B provient d'un ARN mature qui est formé de 8 exons
- C provient d'un ARN mature qui est formé de 9 exons
- D provient d'un ARN mature qui est formé de 10 exons
- E provient d'un transcrit primaire de 29684 nucléotides (à 10 nucléotides près)

**QUESTION N° 31 (1 point)**

Si on considère que la différence entre ces deux protéines est due à un épissage alternatif, ces deux protéines GR $\alpha$  et GR $\beta$  ont

- A un domaine de liaison à l'ADN différent
- B la même partie N-terminale
- C la même partie C-terminale
- D le même domaine de liaison au ligand
- E une activité transcriptionnelle

**QUESTION N° 32 (1 point)**

Les acides aminés du récepteur aux glucocorticoïdes GR $\alpha$  qui lient l'élément de réponse aux glucocorticoïdes (GRE)

- A ont cette liaison dans le petit sillon de l'ADN des gènes régulés par les glucocorticoïdes
- B comprennent les acides aminés G, S et V
- C sont situés dans un brin bêta
- D sont codés par l'exon 2
- E comprennent le peptide C-L-V-C

**QUESTION N° 33 (1 point)**

Les acides aminés du récepteur aux glucocorticoïdes GR $\alpha$  qui stabilisent la dimérisation au niveau de l'enhancer

- A permettent de créer une structure quaternaire
- B sont A-G-R-N-D
- C sont situés dans le 2<sup>ème</sup> doigt de zinc
- D sont codés par l'exon 3
- E contiennent le peptide C-G-S-C-K-V

**QUESTION N° 34 (1 point)**

La biosynthèse du cortisol à partir du cholestérol par la surrénale nécessite

- A une hydroxylation en 17
- B une coupure de la chaîne latérale du cholestérol pour donner un stéroïde en C19
- C une hydroxylation en 11
- D la formation d'une double liaison  $\Delta^4$
- E n'utilise que des cytochromes P450 comme enzymes

**QUESTION N° 35 (1 point)**

La concentration plasmatique du cortisol (200-500 nmol/L) est 1000 fois plus élevée que celle de l'aldostérone. Sachant que l'affinité du récepteur de l'aldostérone est la même pour ces deux stéroïdes, l'aldostérone agit spécifiquement dans ses tissus cibles (en particulier le rein) grâce à?

- A la conversion du cortisol en androgènes
- B l'action d'une hydroxy-stéroïde-déshydrogénase (HSD17) qui modifie l'hydroxyle en C17
- C l'action d'une hydroxy-stéroïde-déshydrogénase (HSD11) qui modifie l'hydroxyle en C11
- D l'action d'une hydroxy-stéroïde-déshydrogénase (HSD3) qui modifie l'hydroxyle en C3
- E l'inactivation en cortisone

**QUESTION N° 36 (2 points)**

Le variant c.1088A>G du gène NR3C1

- A modifie un acide aminé ayant une fonction acide
- B s'écrit D373S
- C donne un acide aminé qui peut être phosphorylé
- D le pHi de l'acide aminé créé est légèrement supérieur à celui de l'acide aminé modifié
- E se trouve dans l'exon 1

**QUESTION N° 37 (2 points)**

Des études *in vitro* montrent que ce variant augmente l'activité de transactivation du récepteur GR $\alpha$ . Des études de liaison *in vivo* utilisant un nombre limité d'individus ont montré que ce variant serait associé à :

- une sensibilité accrue aux glucocorticoïdes
- une augmentation de l'indice de masse corporelle (BMI)
- l'obésité
- un syndrome métabolique.

Ces études ont été faites, il y a une dizaine d'années, en amplifiant un fragment d'ADN commençant par le nucléotide 4001 et d'une taille d'environ 320 bp par la méthode de PCR.

Les amorces utilisées sont

- |   |    |                       |    |
|---|----|-----------------------|----|
| A | 5' | TCATTGATTTATATGTGTTTC | 3' |
| B | 5' | AGTAACTAAATATACACAAG  | 3' |
| C | 5' | GAACACATATAAATCAATGA  | 3' |
| D | 5' | TGCCATTTCTGTTCATGGTG  | 3' |
| E | 5' | GATTACCGATAAGTTCCATT  | 3' |

**QUESTION N° 38 (3 points, une seule réponse juste)**

Pour amplifier par la méthode PCR ce fragment d'ADN à partir de 50 ng d'ADN génomique (concentration de l'ADN génomique: 10 µg/ml), certaines **solutions mères** de produits listés ci-dessous sont utilisées.

- 1 - la concentration de chaque oligonucléotide est de 20 µg/ml
- 2 - la concentration du mélange des 4 dNTP est de 5 mM
- 3 - la concentration du mélange des 4 ddNTP est de 100 mM
- 4 - le tampon utilisé est de 10X
- 5 - la concentration du MgCl<sub>2</sub> est de 10mM
- 6 - la concentration du fragment de Klenow est de 200 U/ml
- 7 - la concentration de la Taq polymérase est de 50 U/ml

Ci-dessous vous avez les concentrations finales des produits s'ils sont utilisés pour amplifier ce fragment.

- 1- 1 µg/ml
- 2 - 100 µM
- 3 - 2 mM
- 4 - 1X
- 5 - 1 mM
- 6 - 50 U/ml
- 7 - 5 U/ml

Quelle quantité d'eau faut-il rajouter pour que le volume final de la réaction de PCR soit de 50 µl ?

- A 22 µl
- B 23 µl
- C 24 µl
- D 25 µl
- E 26 µl

**QUESTION N° 39 (1 point)**

Nous rappelons que les sites de reconnaissance des enzymes de restriction, Eco RI et Tsp509 I, sont les suivants:



Après amplification de ce fragment d'ADN, une enzyme de restriction est utilisée par mettre en évidence ce variant. Quelle(s) étape(s) suivante(s) est(sont) utilisée(s) pour distinguer un individu hétérozygote ou homozygote pour ce polymorphisme ?

- A digestion par l'enzyme Eco RI
- B électrophorèse en utilisant un gel d'agarose concentré permettant de distinguer des bandes différentes de 15 bp
- C coloration par le bleu de coomassie
- D transfert sur une feuille de nylon pour faire un Northern blot
- E transfert sur une feuille de nylon pour faire un Western blot



**QUESTION N° 40 (3 points)**

Le nombre de bandes obtenues (sans quantifications) ?

- A 2 bandes chez un individu homozygote pour ce variant
- B 3 bandes chez un individu homozygote pour ce variant
- C 4 bandes chez un individu homozygote pour ce variant
- D 3 bandes chez un individu hétérozygote pour ce variant
- E 4 bandes chez un individu hétérozygote pour ce variant

**QUESTION N° 41 (1 point)**

Depuis les premières études allemandes qui donnaient une fréquence d'environ 2%, la fréquence de ce variant est variable dans les bases de données.

Base ESP : européens et américains (3,06%), africains et noir américains (0,52%)

Base ExAC : allemands (1,96%) américains (0,89%), africains (0,47%), asiatiques de l'est à 0,12% ou du sud (0,64%), néerlandais (3,32%)

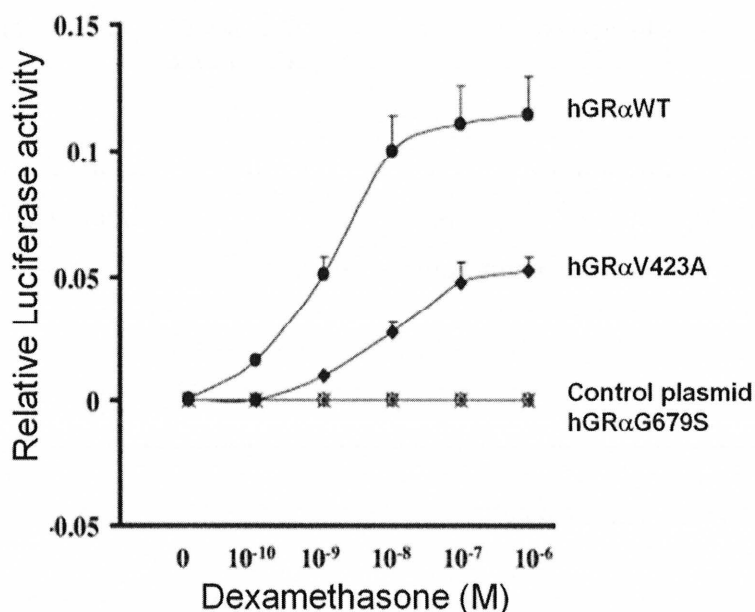
Néanmoins, les études de grandes cohortes (12500 et 3500) confirment une augmentation du risque d'avoir un syndrome métabolique pour les individus au moins hétérozygotes pour ce variant.

Avec ces données et celles des questions précédentes et en utilisant toutes les nomenclatures que vous connaissez, vous pouvez dire que ce variant est :

- A une mutation pathogène
- B une mutation probablement pathogène
- C un polymorphisme
- D un variant probablement bénin
- E un RFLP

**Enoncé pour les QUESTIONS 42, 43 et 44**

Pour étudier le retentissement fonctionnel *in vitro* des variants ponctuels non introniques en particulier ceux associés à l'insensibilité aux glucocorticoïdes, plusieurs méthodes sont utilisées. Le glucocorticoïde utilisé dans ces expériences est la dexaméthasone qui est un glucocorticoïde de synthèse.

**QUESTION N° 42 (1 point)**



A propos de l'expérience dont le résultat est sur la page précédente,

- A un même vecteur est cotransfecté avec l'un des 4 vecteurs : control plasmid, hGR $\alpha$ WT, hGR $\alpha$ V423A et hGR $\alpha$ G679S
- B l'un des vecteurs contient au moins un enhanceur GRE
- C le gène luciférase se trouve dans les 4 plasmides notés sur la figure
- D la dexaméthasone est ajoutée dans la culture des cellules qui ont été co-transfectées
- E il s'agit de la méthode de Scatchard

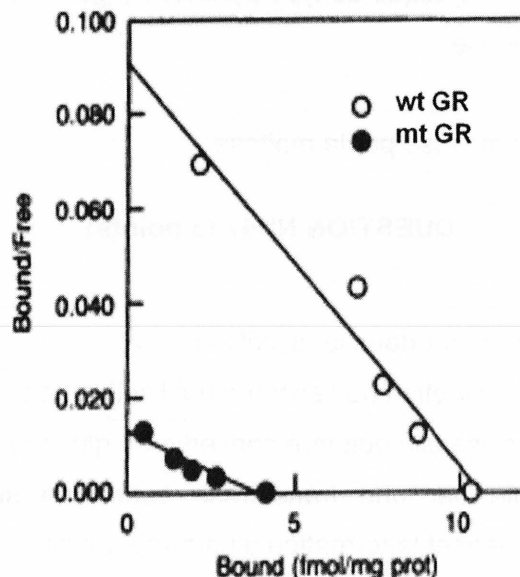
### QUESTION N° 43 (3 points)

D'après les résultats ci-dessus et la nature de la mutation étudiée,

- A le récepteur ayant la mutation hGR $\alpha$ V423A ne lie pas la dexaméthasone
- B le récepteur ayant la mutation hGR $\alpha$ G679S a une meilleure affinité pour la dexaméthasone que celui ayant la mutation hGR $\alpha$ V423A
- C le récepteur ayant la mutation hGR $\alpha$ G679S lie normalement les GRE lors d'une expérience de retard de migration de gel
- D le KD du récepteur ayant la mutation hGR $\alpha$ G679S est diminué par rapport au « hGR $\alpha$ WT »
- E la mutation p.G679S s'écrit aussi c.2035G>A

### QUESTION N° 44 (2 points)

En considération que mtGR est un variant pathogène, la figure ci-dessous permet de dire que

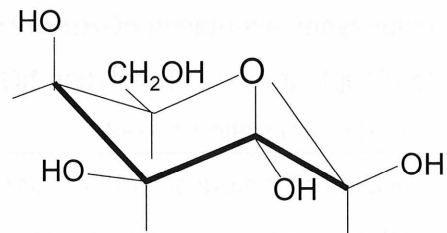
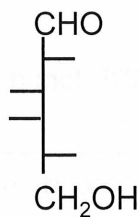


- A c'est une représentation de Lineweaver-Burke
- B le KD de wtGR est d'environ 10 fmol/mg
- C la mutation diminue l'affinité du récepteur pour la dexaméthasone
- D la mutation est localisée dans l'un des doigts de zinc
- E la mutation p.R469\* pourrait être cette mutation

**QUESTION N° 45 (2 points)**

L'acétylCoA dans le foie

- A provient de la décarboxylation oxydative du pyruvate par la pyruvate déshydrogénase si le niveau énergétique est bas
- B peut donner du glucose après avoir participé à la formation du pyruvate
- C se condense avec de l'oxaloacétate pour donner du citrate dans la mitochondrie
- D peut provenir de la bêta-oxydation cytosolique des acides gras
- E est composé d'un acétyl activé dû à sa liaison thioester avec le Coenzyme A qui est en partie constituée par une vitamine hydrosoluble, le pantothénate

**Formules pour les QUESTIONS 46 et 47****QUESTION N° 46 (1 point)**

Cette molécule

- A est le L-glucose
- B est sous une représentation cyclique de type pyranose (figure de droite)
- C est un épimère du D-mannose
- D est un anomère bêta
- E provient de l'hydrolyse du maltose par la maltase

**QUESTION N° 47 (3 points)**

A propos de cette molécule

- A elle doit être activée pour rentrer dans la glycolyse
- B son accumulation due à la mutation de l'enzyme qui l'active donne une maladie génétique grave
- C avant de rejoindre la glycolyse elle doit être convertie en glucose-1-phosphate
- D l'ajout de cette molécule par une transférase spécifique sur l'oligosaccharide de base déterminant l'antigène O permet la formation d'un autre antigène des groupes sanguins
- E rentre dans la composition du site d'ancrage des GAG dans les protéoglycanes

**QUESTION N° 48 (2 points)**

A distance des repas, le glucose qui maintient l'apport énergétique aux cellules nerveuses

- A provient de la néoglucogenèse musculaire
- B est capté par un transporteur du glucose ayant un  $K_M$  de 5 mM pour le glucose
- C provient de la dégradation du glycogène hépatique
- D est phosphorylé par l'hexokinase I, II ou III
- E doit être phosphorylé en 1 en consommant une molécule d'ATP

**QUESTION N° 49 (1 point)**

En anaérobiose, le bilan de la dégradation d'une molécule de glucose produit

- A 2 molécules de lactate
- B 4 molécules d'ATP
- C 2 molécules de NADH, H<sup>+</sup>
- D 2 molécules de pyruvate
- E 2 molécules d'acétylCoA

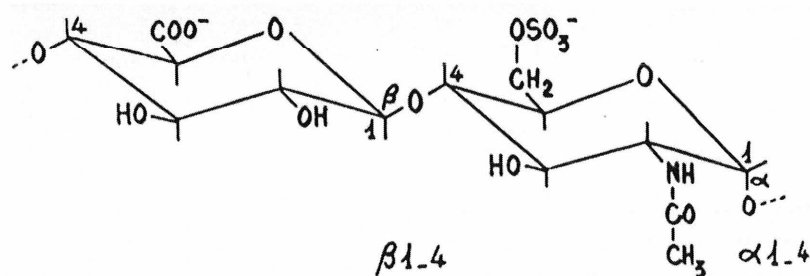
**QUESTION N° 50 (3 points)**

Concernant les étapes mitochondriales de la dégradation d'une molécule de glucose en aérobose

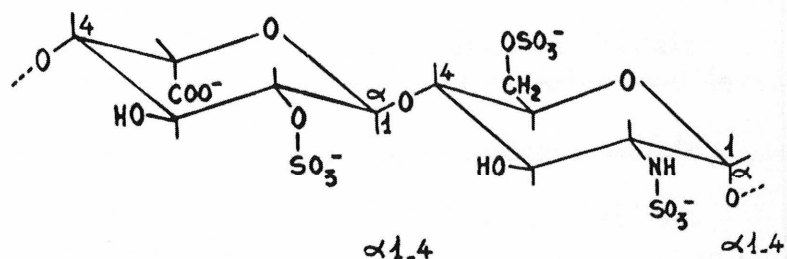
- A aucune molécule d'ATP n'est produite lors du cycle de Krebs
- B la phosphorylation oxydative consomme plusieurs molécules d'ATP
- C 26 ATP sont produits en comptant le NADH, H<sup>+</sup> provenant de la glycolyse qui utilise la navette malate aspartate,
- D l'ATP produit par l'ATP synthase est libéré dans l'espace situé entre les membranes interne et externe de la mitochondrie
- E l'ATP utilisé pour les biosynthèses doit être transféré par les transporteurs dans la matrice mitochondriale

**QUESTION N° 51 (2 points)**

Diholoside 1



Diholoside 2



A propos des deux diholosides ci-dessus retrouvées soit dans l'héparine soit l'héparane sulfate

- A ils sont retrouvés dans les glycoprotéines.
- B l'ose de gauche du diholoside 2 est un acide iduronique O sulfaté en 2
- C le diholoside 2 est répété dans l'héparine
- D l'ose de droite du diholoside 1 est un N-acétylgalactosamine sulfaté en 6
- E le diholoside 1 est répété dans l'héparane sulfate, constituant du protéoglycane présent dans la membrane glomérulaire, formant une barrière cationique aux protéines sériques

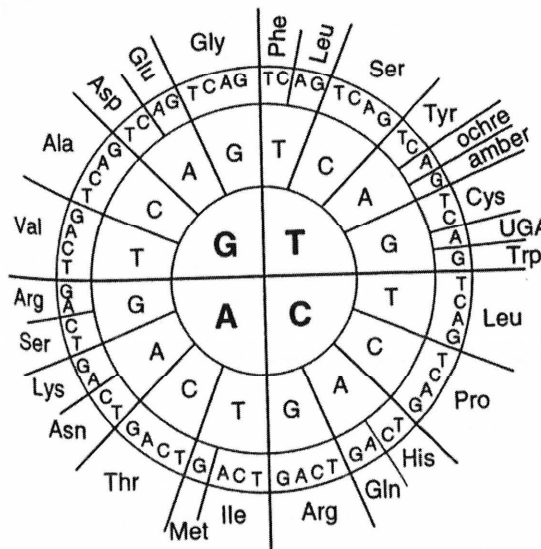
# Séquence 1

ACGCGGGCGTGCAGGCGCCGTCGGGGCCGGGGTGGCGGGGCCCGCGCGGAGGGCGTGGGGCAGGGACCGCGGGCGCCCC 80  
TGCAGTTGCCAAGCGTCACCAACAGGTTGCATCGTTCCCCCGCGCCGCCCGCGCGGCCCTCGGGCGGGGAGCGGCCGGGG 160  
GTGGAGTGGGAGCGCGTGTGTGCGAGTGTGTGCGCGCCGTGGCGCCGCCCTCCACCCGCTCCCGGCTCGGTCCCGCTCGCT 240  
CGCCCAGGCCGGGCTGCCCTTTTCGCGTGTCCGCGCTCTCTTCCCTCCGCCGCCGCTCCTCCATTTTTCGAGACTCGTGTC 320  
TGTGACGGGAGCCCGAGTACCCGCTGCCCCGTCGGGGACGGATTCTGTGGGTGGAAGGAGACGCCCGAGCCGGAGCGGCC 400  
GAAGCAGCTGGGACCGGGACGGGGCACGCGCGCCCGGAACCTCGACCCGCGGAGCCCGCGCGGGGCGGAGGGCTGGCTT 480  
GTCAGCTGGGCAATGGGAGACTTTCTTAAATAGGGGCTCTCCCCCACCCATGGAGAAAAGGGGCGGCTGTTTACTTCTT 560  
TTTTTAGAAAAAATAATATATTTCCCTCCTGCTCCTTCTGCGTTCACAAGCTAAGTTGTTTATCTCGGCTGCGGCGGGA 640  
ACTGCGGACGGTGGCGGGGAGCGGCTCCTCTGCCAGAGGTAAGAAGCGAGGCGGGAGGGGGCCGGGGCGCGCTCGCTCC 720  
CCCCAGGTGCCGCTGGGACCGGAGACAACCTCGGGGGCCGCCGCGGGAGCCTACAACTTTTATTAGCTCGGGGAGTGGG 800  
GGTGGGGGGCTGGCAAGGGCCGGGCGACGGTACGAAAGGGCAGCGCGGGGTGACAGCGCTGGCTCTTCTCTCCCTC 880  
CGCAGGCGTCCCCTGGCCGGGCGGAGGGGGAGGAACCTGACCTCGGACGCGGAGCGGAGCCCTGTGCAACTGCCGGGGG 960  
TTCGAGCCTCTCATTCCTCGCGGGAATCCTGGCCTCTTTTCTCCCCCTAGTGTCCCCTTTCCCTCCAAGGGGGTTCGCCCC 1040  
ACACCCGTTTTTCGTGGTGAACGCTAAGCCGCGTCTGAATTTTACTCGCCCGAATATTTGCACGCCACCCCGGCGCGCCCC 1120  
AGCGCGAGCCCGGGCTCCGGGGAGGCCCGGGCGGCGCCTGGCTTGAGGAGGGCGTGCGGGGCGCGTGGAGGGTGCACACGC 1200  
GGGGGGCTGACAGCCCGCAACTTGGAGACTGCGGCCGGGGCCGGCGTTATCTGTTAGAAGTGGGCGTGTGCGGAGAGAGAA 1280  
CTCAACAGGTCTGGACGTACTTCTCTTTTAACTTCGCACCTTTTTCCTCTCTCCACCCCGCCCCGCAAGGGCTTGCTCT 1360  
TTAGCGTTTGTGTTAATTCGCGCCTGAGGTTTCTAAGTGGCCCTTTTAGAAAAAGACCCCTGTAAACCGTAATGGTTT 1440  
TGTGCTGCGATTTTACAAGTGTAGTTGACGTTTGGGTTGCGAGCTTGATAATGCAACCTTGAATACCACCTAAG 1520  
ACCTCTGGCATTGGTTCAATAGGGCCAATTAATGTGGCTGGGTTATTTGCAACTTAACTGGGGGATAATGTCGCTTGAG 1600  
GGAGCGTTTTTCGTTTTAGGAAATATGTTTTGGTTTTGGGTTTTGAAGGCAGCTGTCAAAAAAGCGCATGGAAATTCATT 1680  
GGGCTCCATTCGATACCTCGTGTTTAGAGATCGTTATCGCCTCAGATAAACGGGGCAGAGAGTGGGGAGATAAGCAGTT 1760  
TACCCTCAAGATTTGTAGTGGCAAGTCCACACCCCTCTCTCTACCTTCATATTCACTTTTTCAGTGAGGGCCAGTGACATT 1840  
TATGCTGCCTAACGTCATCGCATAGGAAAAGTTACCTTTTATTGGACGGGATTTGACTATAGTGTCCCAAATGCGCTTCT 1920  
CCGTCTTAGCCCATCTCTTAAAACACCCCTGATTAACGATATACTAACAGTCTTACTCTCTTGAGAATAGGCTGAGAATTG 2000  
GGATAGGTGAAGGTTTGGATAGGTGAAGGCAGAGAAAATTTTGAACATTTTACTGGATACAGTTGTACCTGAATTTA 2080  
TATGAATGTGATTTTACGGTCTGTGTTTTTCCATTTTTCAGTACTTCGATATTTGTTTGGAAAAGGAAAGAACTTAGAGA 2160  
TGTAATAGCATTTCATATTTAGGATCTCAAGCAATGTAACAATGTAGCTTAATCTAGATGTTTTTGTGAGTTATGATA 2240  
AGGGTCAGCTATATTTAAGTTATGTAAGCTAACAACGTAGTGAGAACTACTACACCTTCTCTCTGCTCTTAAAATCT 2320  
AAATTTTAGTTGGCCTATATAAAGTGTATCTCATTTTCATATATCCAAAATTTGGAGGTAGGCACATCCAGTCAGAAGTAT 2400  
GGGTTAAAAGCCTTTTCCAGCCTGTCCGAAGATAAGCAGATCAGCATTGTTTATTTTCAAAGAAAACGTGCATGGTT 2480  
CACCAGTTGGTTGTACTCAAAGGTTTGGATGTGTGACTAGCTGGTAGGAGGGAAATTTGGAAGTAATTAGGGATTGAGAA 2560  
TTCTAGCATAGTATTTATCAAATGTTATATGTATTTGGTCTCAGAAAAGCAAACAGCCGTGATTTGAAAAGAGGTAGGAAT 2640  
TTAATGATCACACTTCTTTTTTTGAAATTAATACTTTGACATCAACTTGAACCTTCAGAATAATCAGATGTAATGAA 2720  
TTATAATGTCTGTGATTAACAAAGCTACACGTTTCAGTGAGCGGCAGGATGAATAGCCAAGCTTAGTTTCGATACACTTTG 2800  
CCCTCAGCTGTGCAATGGATTGCATTTGACTTTTAAATGTGGCATGCTGAATGGGAGCAGGGGACATGGCTTTTTATTC 2880  
TGGAAGATAGAACTACTTCTTGGTAAACAAAGAAATTTGATTCGGAGTTAAC'AAAAGGTTCAATTAACAAGCTGCCTCT 2960  
TACTAATCGGATCAGGAAGATAATGTGACTTTAGAGCTTATGATGTTTTCCTCCGTTTTTGTTTTTGTTTGTAGTTG 3040  
ATATTCAGTGATGGACTCCAAAGAATCATTAACCTGGTATGAGTAAAGAAAACCCAGCAGTGTGCTTGCCTCAGGAGGG 3120  
M D S K E S L T P G R E E N P S S V L A Q E R 23  
GAGATGTGATGGACTTCTATAAAACCCTAAGAGGAGGAGCTACTGTGAAGGTTTCTGCGTCTTCACCCCTCACTGGCTGTC 3200  
G D V M D F Y K T L R G G A T V K V S A S S P S L A V 50  
GCTTCTCAATCAGACTCCAAGCAGCGAAGACTTTTGGTTGATTTTCCAAAAGGCTCAGTAAGCAATGCGCAGCAGCCAGA 3280  
A S Q S D S K Q R R L L V D F P K G S V S N A Q Q P D 77  
TCTGTCCAAAGCAGTTTCACTCTCAATGGGACTGTATATGGGAGAGACAGAAACAAAAGTGTGGGAAATGACCTGGGAT 3360  
L S K A V S L S M G L Y M G E T E T K V M G N D L G 103  
TCCCACAGCAGGGCCAAATCAGCCTTTCCCTCGGGGGAAACAGACTTAAAGCTTTTGGAAAGAAAGCAATGCAAACCTCAAT 3440  
F P Q Q G Q I S L S S G E T D L K L L E E S I A N L N 130  
AGGTCGACCAGTGTTCAGAGAACCCTAAGAGTTTCCAGCATCCACTGCTGTGTCTGCTGCCCCACAGAGAAGGAGTTTCC 3520  
R S T S V P E N P K S S A S T A V S A A P T E K E F P 157  
AAAACTCACTCTGATGTATCTTCAAGACAGCAACATTTGAAGGGCCAGACTGGCACCACCGGTGGCAATGTGAAATTTGT 3600  
K T H S D V S S E Q Q H L K G Q T G T N G G N V K L 183  
ATACCACAGACCAAGCACCTTTGACATTTTGCAGGATTTGGAGTTTTCTTCTGGGTCACAGGTAAGAGACGAATGAG 3680  
Y T T D Q S T F D I L Q D L E F S G S P G K E T N E 210  
AGTCTTTGGAGATCAGACCTGTGTAGATGAAAACCTGTTTGTCTTCTCCTGCGGGGAGAAAGACGATTCATTCCTTTT 3760  
S P W R S D L L I D E N C L L S P L A G E D D S F L L 237  
GGAAGGAAACTCGAATGAGGACTGCAAGCCTCTCATTTTACCAGGACACTAAACCCAAAATTAAGGATAATGGAGATCTGG 3840  
E G N S N E D C K P L I L P D T K P K I K D N G D L 263  
TTTTGTCAAGCCCCAGTAATGTAACACTGCCCAAGTAAAACAGAAAAAGAAGATTTTCATCGAACTCTGCACCCCTGGG 3920  
V L S S P S N V T L P Q V K T E K E D F I E L C T P G 290  
GTAATTAAGCAAGAGAAACTGGGCACAGTTTACTGTGAGGCAAGCTTTTCTGGAGCAAATATAATTTGGTAATAAAAATGTC 4000  
V I K Q E K L G T V Y C Q A S F P G A N I I G N K M S 317  
TGCCATTTCTGTTTCATGGTGTGAGTACCTCTGGAGGACAGATGTACCCTATGACATGAATACAGCATCCCTTTCTCAAC 4080  
A I S V H G V S T S G G Q M Y H Y D M N T A S L S Q 343  
AGCAGGATCAGAAGCCTATTTTTAATGTCAATCCACCAATTCCTGTTGGTTCGAAAATTTGGAATAGGTGCCAAGGATCT 4160  
Q Q D Q K P I F N V I P P I P V G S E N W N R C Q G S 370  
GGAGATGACAACCTTACTTCTTGGGACTCTGAACTTCCCTGGTTCGAACAGTTTTTTTCTAATGGCTATTCAGGTAAGA 4240  
G D D N L T S L G T L N F P G R T V F S N G Y S S 395

TCAGTGTTTTTCTGTTTCTTAAGAATGGTACATTTAAGGTAGATTAATAGATGTAATCTTCATTGATTTATATGTGTTTC 4320  
TCTAAAGATTCATGTGCTTTTTTATATGAATAAGTTTAAGTGGCCTTTTGAAAGTAGGAAAGGTAGACAACCTAAGTGAC 4400  
(----)  
GAAGAATATAACATGATTTGAATATATTTAGCTAGGATATTTTAGTGCCTGCTAGCACTTGAAGCCAGAGTTCAGTGTGA 7280  
GCATTCTGACTATGAAGTGAGAAGCTAAGAGAAGCTGTATTTTGATATTCCTTTGACAGTTAAATCATAACACTGTTCTTC 7360  
CCCTTCTTTAGCCCCAGCATGAGACCAGATGTAAGCTCTCCTCCATCCAGCTCCTCAACAGCAACAACAGGACCACCTCC 7440  
P S M R P D V S S P P S S S S T A T T G P P P 418  
CAAACCTGCGCTGGTGTGCTCTGATGAAGCTTCAGGATGTCATTATGGAGTCTTAACCTGTGGAAGCTGTAAAGTTTTCT 7520  
K L C L V C S D E A S G C H Y G V L T C G S C K V F 444  
TCAAAAGAGCAGTGAAGGTAGTGTGTGTTTTGAAGAGTTTATTTTCTCTACTTGGTTTTCATTTCTCAGGGTGGATT 7600  
F K R A V E 450  
TTGAAATTTCCATTATATGCAAAGCCCATGAAAGGCTAAATATCAGTTAAGAGGGGAGAGGAGGGTGGCTCCTAGGTCCT 7680  
CTAATGGGCAGGAAAGTATTTAAAACAACAATACAAAAAGATCTAGAATAAAAATAGAAAAGTACAAGTTGATGTCTGGGA 7760  
(----)  
CATTCCCTCAAGGCAATACCTGTGGGTGTCTTGGTTATATTCACC CGGAAACAAAAGACAGAGGCTGTCTTATAAAAATAT 11280  
GTTTGAAGACCTGTGAAACTTTAATAGTGCCTTTTATTCATATAGGACAGCACAATACCTATGTGCTGGAAGGAATGA 11360  
G Q H N Y L C A G R N D 462  
TTGCATCATCGATAAAAATTCGAAGAAAAAACTGCCAGCATGCCGCTATCGAAAATGTCTTCAGGCTGGAATGAACCTGG 11440  
C I I D K I R R K N C P A C R Y R K C L Q A G M N L 488  
AAGGTAATATAAAATATCTGAAAGCAATTGTTTGTCTCTGTAGCTTATAAAAAATTTATCATTTTACTTTTGAAGATACACG 11520  
E 489  
TAAGCAGATGTAATTAATGTAGTCAGTTCAGTATATATATGCTTACTTAGCATAATGTTACTGCCCAATAAAAATGGGAA 11600  
(----)  
TAAATAAAAATATTTCTCCCATCTTAATAGTTTTTAGAAAAGTAAAAATACTTCTTGAATAAACTGTGTAGCGCAGACCTTCC 16160  
CATTACAGTTCATTTCTATGTATTTGTTTAAATACCCACAGCTCGAAAAACAAGAAAAAAAATAAAAGGAATTCAGCAGG 16240  
A R K T K K K I K G I Q Q 502  
CCACTACAGGAGTCTCACAAGAAACCTCTGAAAATCCTGGTAACAAAAACAATAGTTCCTGCAACGTTACCACAACCTCACC 16320  
A T T G V S Q E T S E N P G N K T I V P A T L P Q L T 529  
CCTACCCTGGTGTCACTGTTGGAGGTTATTGAACCTGAAGTGTATATGCAGGATATGATAGCTCTGTTCCAGACTCAAC 16400  
P T L V S L L E V I E P E V L Y A G Y D S S V P D S T 556  
TTGGAGGATCATGACTACGCTCAACATGTTAGGAGGGCGCAAGTATTGCAGCAGTGAAATGGGCAAAGGCAATACCAG 16480  
W R I M T T L N M L G G R Q V I A A V K W A K A I P 582  
GTAAGATGCAAAACATAAAAAGAGCAACTATATAAACCTTTGTGTTTTCTTCAGCAAAAAACTTTGGCTTTTATATCATC 16560  
GTGAGCCCATGGCTTATCTGTTTCTCTTAGTTCTGGGGACTATGAAGGGGAGAGTCAGGTGAATACAGGTGATAGGGAG 16640  
(-----)  
GAAAACCTGTGTCTACCTAGTATTTAATTTCCATTTTCTGTTAGGGGTGCCCTTGTTTTGACAGGGCTAATTGATCTCATT 18080  
GCTCCTTGGCAATTCACAGAGATGATCTTCTGAAGAGTGTTCCTCATACCTTTATTTCTCTTAATTCAGGTTTCAGG 18160  
G F R 585  
AACTTACACCTGGATGACCAAATGACCCTACTGCAGTACTCCTGGATGTTTCTTATGGCATTGCTCTGGGGTGGAGATC 18240  
N L H L D D Q M T L L Q Y S W M F L M A F A L G W R S 612  
ATATAGACAATCAAGTGCAAACCTGCTGTGTTTTGCTCCTGATCTGATTATTAATGAGTAAGTTGTATGTGTGTCATTTT 18320  
Y R Q S S A N L L C F A P D L I I N E 631  
CCCTGTATTATAGGGTATCTTTAACAGCTGATGTTTTCTGATTGACTGCTATTGTGATAATTCAGGACTGAAACAAT 18400  
CCTACTAGGTATCTAGGATCTAGGCAAACCTGGAATAGAGTTATGAGTGCCTGGGGCAGGACAAGTGAATGTAAAGCAA 18480  
(-----)  
TGAGTTCATAGTTTTGCAAAACAAAACAAAATGTGCTTTTTGGGGGGAAGTAGCAGTATTTCTAACTAATACCCTGCTA 21360  
TTTATCTTTACAGGCAGAGAATGACTCTACCCTGCATGTACGACCAATGTAACACATGCTGTATGTTTCTCTGAGTT 21440  
Q R M T L P C M Y D Q C K H M L Y V S S E L 653  
ACACAGGCTTCAGGTATCTTATGAAGAGTATCTCTGTATGAAAACCTTACTGCTTCTCTTTCAGGTTGGTAGAACACCT 21520  
H R L Q V S Y E E Y L C M K T L L L L S S 674  
TTTACCTTATGTCAAAGCATGAAATATGAAGGCTAGAAAACAAGGTTAATTTATATACATAGTACTAATAATTATAC 21600  
CAAGTCTACTATTATTTCTACTAGTCAGATGATTTTTATGAATGTAAAAATATTAGAAAAGGCACAGTAAGTGACACCAAG 21680  
(-----)  
TGAGCTATGATTATGCCACTGCCTCCAGCCTGGATGACACAGTGAGACCCTATCTATCTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAA 25040  
AAGAAAAGAAAAAGAAAATCCTTTAACTGACTTCATCTTAACCTTTTAGTTCCCTAAGGACGGTCTGAAGAGCCAAGAGCT 25120  
V P K D G L K S Q E L 685  
ATTTGATGAAATTAGAATGACCTACATCAAAGAGCTAGGAAAAGCCATTGTCAAGAGGGAAGGAAACTCCAGCCAGAACT 25200  
F D E I R M T Y I K E L G K A I V K R E G N S S Q N 711  
GGCAGCGTTTTTATCAACTGACAAAACCTTGGATTCTATGCATGAAGTAAGTGCAAAACATAAAGCCAAATATAAGAGT 25280  
W Q R F Y Q L T K L L D S M H E 727  
TTTCTGGGACAAAGTATGTTTTGATTAGTGAATATAATTATATACCAGCAGCGCCCCACCCCCGCCCCAGTTTGTGGA 25360  
TGTTGGTGATAGCTTGAAGTTCAACTTATGAACTTCAAGTTTTGTAGACATTTTCTTAAGGCAATATGAAATATCCTTT 25440  
(----)  
CCAGATAATTTTTTCAAATAGAGGACAACAACATGAGATGTTCCCACTGACCAATTTGGAAGCCTGATCATTACCATA 25760  
TCTTCTCTTGCAGGTGGTTGAAAATCTCCTTAACCTATTGCTTCCAAACATTTTTGGATAAGACCATGAGTATTGAATTCC 25840  
V V E N L L N Y C F Q T F L D K T M S I E F 749  
CCGAGATGTTAGCTGAAATCATCACAATCAGATACCAAAATATTCAAATGGAATATCAAAAAACTTCTGTTTTCATCAA 25920  
P E M L A E I I T N Q I P K Y S N G N I K K L L F H Q 776  
AAGTGACTGCCTTAATAAGAATGGTTGCCTTAAAGAAAGTCAATTAATAGCTTTTATGTATAAACTATCAGTTTGTCC 26000  
K \* 777



TGTAGAGGTTTTGTTGTTTTATTTTTATTTTATGTTTTTCATCTGTTGTTTTGTTTTAAATACGCCTACATGTGGTTTATAGA 26080  
GGGCCAAGACTTGGCAACAGAAGCAGTTGAGTCGTCACTACTTTTCAGTGATGGGAGAGTAGATGGTGAAATTTATTAGT 26160  
TAATATATCCCAGAAATTAGAAACCTTAATATGTGGACGTAATCTCCACAGTCAAAGAAGGATGGCACCTAAACCACCAG 26240  
TGCCCAAAGTCTGTGTGATGAACCTTCTCTTCATACTTTTTTTTTCACAGTTGGCTGGATGAAATTTTCTAGACTTTCTGTT 26320  
GGTGTATCCCCCCCCGTATAGTTAGGATAGCATTTTTTGATTTATGCATGGAAAACCTGAAAAAAGTTTACAAGTGATA 26400  
TCAGAAAAGGGAAGTTGTGCCTTTTATAGCTATTACTGTCTGGTTTTTAAACAATTTCTTTTATATTTAGTGAACCTACGCTT 26480  
GCTCATTTTTTCTTACATAATTTTTTATTCAAGTTATTGTACAGCTGTTTAAAGTGGGCAGCTAGTTTCGTAGCTTTCCCA 26560  
AATAAACCTCAAACATTAATCAATCATCTGTGTGAAAAATGGGTTGGTGTCTTAACTGATGGCACTTAGCTATCAGAAG 26640  
ACCACAAAAATGACTCAAATCTCCAGTATTCTTGTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGCTCATATTTTGTATATATCTGCTT 26720  
CAGTGGAGAATTATATAGGTTGTGCAAAATTAACAGTCTTAAGTGTATAGAGCACCTAGTCCAGTGACCTGCTGGGTAAA 26800  
CTGTGGATGATGGTTGCAAAAGACTAATTTAAAAAATAACTACCAAGAGGCCCTGTCTGTACCTAACGCCCTATTTTTTGC 26880  
AATGGCTATATGGCAAGAAAGCTGGTAAACTATTTGTCTTTCAGGACCTTTTGAAGTAGTTTGTATAAATTCTTAAAAGT 26960  
TGTGATTCAGATAACCAGCTGTAACACAGCTGAGAGACTTTTAAATCAGACAAAAGTAATTCCTCTCACTAAACTTTACCC 27040  
AAAACTAAATCTCTAATATGGCAAAAAATGGCTAGACACCCATTTTCACATTCCCATCTGTCCACCAATTGGTTAATCTTT 27120  
CCTGATGGTACAGGAAAGCTCAGCTACTGATTTTTGTGATTTAGAACTGTATGTGAGACATCCATGTTTGTAAAACCTACA 27200  
CATCCCTAATGTGTGCCATAGAGTTTAAACACAAGTCCGTGTAATTTCTTCACTGTTGAAAATTTATTTTAAACAAAATAGA 27280  
AGCTGTAGTAGCCCTTTCTGTGTGCACCTTACCAACTTTCTGTAAACTCAAACTTAAACATATTTACTAAGCCACAAGAA 27360  
ATTTGATTTCTATTTCAAGGTGGCCAAATTTATTTGTGTAATAGAAAACCTGAAAATCTAATATTTAAAAATATGGAACCTCTA 27440  
ATATATTTTTATATTTAGTTATAGTTTTCAGATATATATCATATTTGGTATTCACTAATCTGGGAAGGGAAGGGCTACTGCA 27520  
GCTTTACATGCAATTTATTTAAATGATTTGTAATAAGCTTGTATAGTGTAAAATAAGAATGATTTTTTAGATGAGATTTGTT 27600  
TTATCATGACATGTTATATATTTTTTTGTAGGGTCAAAGAAATGCTGTATGGATAACCTATATGATTTTATAGTTTGTAGT 27680  
GCATTCATACAGGCAGCGATGGTCTCAGAAAACCAACAGTTTGTCTTAGGGGAAGAGGGAGATGGAGACTGGTCCCTGTGT 27760  
GCAGTGAAGTTGCTGAGGCTCTGACCCAGTGAGATTACAGAGGAAGTTATCCTCTGCCTCCCATTTCTGACCACCTTCT 27840  
CATTCCAACAGTGAGTCTGTGAGCGCAGGTTTAGTTTACTCAATCTCCCTTGCCTAAAGTATGTAAAGTATGTAAACA 27920  
GGAGACAGGAAGGTGGTGCCTTACATCCTTAAAGGCCACCATCTAATAGCGGGTTACTTTACATACAGCCCTCCCCAGCA 28000  
GTTGAATGACAACAGAAGCTTCAGAAGTTTGGCAATAGTTTGCATAGAGGTACCAGCAATATGTAAATAGTGCAGAATCT 28080  
CATAGGTTGCCAATAATACACTAATTCCTTTCTATCCTACAACAAGAGTTTATTTCAAATAAAAATGAGGACATGTTTTT 28160  
GTTTTCTTTGAATGCTTTTTGAATGTTATTTTGTATTTTTCAGTATTTTGGAGAAATTTTAAATAAAAAACAATCATT 28240  
GCTTTTTGAATGCTCTCTAAAAGGGAATGTAATATTTTAAAGTGGTGTGTAACCCGGCTGGATAAATTTTTGGTGCCTAA 28320  
GAAAACCTGCTTGAATATTTCTTATCAATGACAGTGTAAAGTTTCAAAAAGAGCTTCTAAAACGTAGATTATCATTCCTTTA 28400  
TAGAATGTTATGTGGTAAAACCAGAAAAGCACATCTCACACATTAATCTGATTTTCATCCCAACAATCTTGGCGCTCAAA 28480  
AAATAGAACTCAATGAGAAAAAGAAGATTATGTGCACTTCGTTGTCAATAATAAGTCAACTGATGCTCATCGACAACCTAT 28560  
AGGAGGCTTTTTCATTAATGGGAAAAGAAGCTGTGCCCTTTTAGGATACGTGGGGGAAAAGAAAAGTCATCTTAATTATGT 28640  
TTAATTTGTGGATTTAAGTGCATATGGTGGTGTGTTTGAAGCAGATTTATTTCTATGTATGTGTTATCTGGCCATCC 28720  
CAACCCAACTGTTGAAGTTTGTAGTAACCTCAGTGAGAGTTGGTTACTCACAAACAATCCTGAAAAGTATTTTTTAGTGT 28800  
TTGTAGGTATTTCTGTGGGATACTATACAAGCAGAAGTGGGCACTTAGGACATAACACTTTTGGGGTATATATATCCAAA 28880  
TGCCTAAAACATATGGGAGGAAACCTTGGCCACCCAAAAGGAAAACCTAACATGATTTGTGTCTATGAAGTGTGGATAAT 28960  
TAGCATGGGATGAGCTCTGGGCATGCCATGAAGGAAAGCCACGCTCCCTTCAAGTATCAGAGGCAGGAGCAATTTCCAGT 29040  
TTCACCTAAGTCTCATAATTTTAGTTCCCTTTTAAAAACCTGAAAACCTACATCACCATGGAATGAAAAATTTGTTATA 29120  
CAATACATTTGATCTGTCAAACCTCCAGAACCATGGTAGCCCTCAGTGAGATTTCCATCTTGGCTGGTCACTCCCTGACTG 29200  
TAGCTGTAGGTGAATGTGTTTTTGTGTGTGTGTGCTGGTTTTAGTGTGAGAAGGAAAATAAAAAGTGAAGGAGGACACT 29280  
TTAAACCTTTGGGTGGAGTTTCGTAATTTCCAGACTATTTTCAAGCAACCTGGTCCACCCAGGATTAGTGACCAGGTT 29360  
TTCAGGAAAGGATTTGCTTCTCTCTAGAAAATGTCTGAAAGGATTTTATTTTCTGATGAAAGGCTGTATGAAAATACCCT 29440  
CCTCAAATAACTTGCTTAACTACATATAGATTCAAGTGTGTCAATATTTCTATTTTGTATATTAATGCTATATAATGGGG 29520  
ACAAATCTATATATACTGTGTATGGCATTATTAAGAAGCTTTTTTCAATATTTTTTATCACAGTAATTTTAAAATGTGTA 29600  
AAAATTTAAAACCTGACTCCTGTTTAAAAATAAAAAGTTGTAGTTTTTTTATTCATGCTGAATAATAATCTGTAGTTAAAA 29680  
AAAAAGTGTCTTTTTTACCTACGCAGTGAATGTCAGACTGTAAAACCTTGTGTGGAAATGTTTAACTTTTATTTTTTTCAT 29760  
TTAAATTTGCTGTTCTGGTATTACCAAACCACACATTTGTACCGAATTGGCAGTAAATGTTAGCCATTTACAGCAATGCC 29840  
AAATATGGAGAAACATCATAATAAAAAAATCTGCTTTTTTCAATATGTGACTCCAACATGCTTTTGTAGAACTTGTACAGT 29920  
TCCGATTTGCCAATCTGATTTTTGTTTACTGAAAGTAGAGTTACCCCTGCTTCAGGAACCTTAAAGATAATATGGTGGGCA 30000  
TTTAAATGTCAGTGTGGCAATGTTCCGCTGCTAATATGGCATAGATTCAAATAAGCTTAAACCTGGTGCCAAAGACCTG 30080



## Séquence 2

GGCGCCGCTCCACCCGCTCCCCGCTCGGTCCCGCTCGCTCGCCCAGGCCGGGCTGCCCTTTTCGCGTGTCCGCGCTCTCT 80  
TCCCTCCGCCGCCGCTCCATTTTGCAGCTCGTGTCTGTGACGGGAGCCGAGTACCAGCTGCCCGTCCGGGACG 160  
GATTCTGTGGGTGGAAGGAGACGCCGAGCCGAGCGGCCGAAGCAGCTGGGACCGGGACGGGGCACGCGCGCCCGAAC 240  
CTCGACCCGCGGAGCCCGGCGGGGCGGAGGGCTGGCTTGTGACGCTGGGCAATGGGAGACTTTCTTAAATAGGGGCTCT 320  
CCCCCACCATGGAGAAAGGGGCGGCTGTTTACTTCCTTTTTTTAGAAAAAAAATATATTTCCCTCTGCTCCTTCT 400  
GCGTTCACAAGCTAAGTTGTTTATCTCGGCTGCGGCGGGAACGCGGACGGTGGCGGGGAGCGGCTCCTCTGCCAGAGT 480  
TGATATTCAGTGTGACTCCAAAGAATCATTAACCTCCTGGTAGAGAAGAAAACCCAGCAGTGTGCTTGTCTCAGGAGAG 560  
M D S K E S L T P G R E E N P S S V L A Q E R 23  
GGGAGATGTGATGGACTTCTATAAAACCCTAAGAGGAGGAGCTACTGTGAAGGTTTCTGCGTCTTACCCTCACTGGCTG 640  
G D V M D F Y K T L R G G A T V K V S A S S P S L A 49  
TCGCTTCTCAATCAGACTCCAAGCAGCAAGACTTTTGGTTGATTTTCCAAAAGGCTCAGTAAGCAATGCGCAGCAGCCA 720  
V A S Q S D S K Q R R L L V D F P K G S V S N A Q Q P 76  
GATCTGTCCAAAGCAGTTTCACTCTCAATGGGACTGTATATGGGAGAGACAGAAACAAAAGTGTGGGAAATGACCTGGG 800  
D L S K A V S L S M G L Y M G E T E T K V M G N D L G 103  
ATTCCACAGCAGGGCCAAATCAGCCTTTCCTCGGGGAAACAGACTTAAAGCTTTTGGAAAGAAAGCATTGCAAACCTCA 880  
F P Q Q G Q I S L S S G E T D L K L L E E S I A N L 129  
ATAGGTCGACAGTGTCCAGAGAACCCTAAGAGTTTCCAGCATCCACTGCTGTGTCTGCTGCCCCACAGAGAAGGAGTTT 960  
N R A S T S V P E N P K S S A S T A V S A A P T E K E F 156  
CCAAAACCTACTCTGATGTATCTTCCAGAACAGCAACATTTGAAGGCGCAGACTGGCACCACGGTGGCAATGTGAAATT 1040  
P K T H S D V S S E Q H L K G Q T G T N G G N V K L 183  
GTATACCACAGACCAAGCAGCTTTGACATTTTGCAGGATTTGGAGTTTTCTTCTGGGTCCCGAGTAAAGAGACGAATL 1120  
Y T T D Q S T F D I L Q D L E F S S G S P G K E T N 209  
AGAGTCCTTGGAGATCAGACCTGTTGATAGATGAAAACGTTTGTCTTCTCCTCTGGCGGGAGAAGACGATTCATTCTT 1200  
E S P W R S D L L I D E N C L L S P L A G E D D S F L 236  
TTGGAAGAAACTCGAATGAGGACTGCAAGCCTCTCATTTTACCGGACACTAAACCCAAAATTAAGGATAATGGAGATCT 1280  
L E G N S N E D C K P L I L P D T K P K I K D N G D L 263  
GGTTTTGTCAAGCCCCAGTAATGTAACACTGCCCAAGTAAAACAGAAAAGAAGATTTTCAATCGAACTCTGCACCCCTG 1360  
V L S S P S N V T L P Q V K T E K E D F I E L C T P 289  
GGGTAATTAAGCAAGAGAAACTGGGCACAGTTTACTGTCAGGCAAGCTTTCCTGGAGCAAATATAATTGGTAATAAAATG 1440  
G V I K Q E K L G T V Y C Q A S F P G A N I I G N K M 316  
TCTGCCATTTCTGTTTCAATGTTGAGTACCTCTGGAGGACAGATGTACCCTATGACATGAATACAGCATCCCTTCTCA 1520  
S A I S V H G V S T S G G Q M Y H Y D M N T A S L S Q 343  
ACAGCAGGATCAGAAGCCTATTTTTAATGTCATTCCACCAATTCCTGTTGGTTCCGAAAATTTGGAATAGGTGCCAAGGAT 1600  
Q Q D Q K P I F N V I P P I P V G S E N W N R C Q G 369  
CTGGAGATGACAACCTTACTTCTCTGGGACTCTGAACTTCCCTGGTTCGAACAGTTTTTTCTAATGGTATTTCAAGCCCC 1680  
S G D D N L T S L G T L N F P G R T V F S N G Y S S P 396  
AGCATGAGACCAGATGTAAGCTCTCCTCCATCCAGTCTCCTCAACAGCAACAACAGGACCACCTCCCAAACCTCTGCCTGGT 1760  
S M R T P A D V S S P P S S S T A T T G P P P K L C L V 423  
GTGCTCTGATGAAGCTTTCAGGATGTCTTATGGAGTCTTAACTTGTGGAATGTAAAGTTTTCTTCAAAAAGCAGTGG 1840  
C S D E A S G C H Y G V L T C G S C K V F F K R A V 449  
AAGGACAGCACAATTACCTATGTGCTGGAAGGAATGATTGCATCATCGATAAAATTCGAAGAAAAACTGCCAGCATGC 1920  
E G Q H N Y L C A G R N D C I I D K I R R K N C P A C 476  
CGCTATCGAAAATGTCTTTCAGGCTGGAATGAACCTGGAAGCTCGAAAAACAAAGAAAAAATAAAAAGGAATTCAGCAGGC 2000  
R Y R K C L Q A G M N L E A R K T K K K I K G I Q Q A 503  
CACTACAGGAGTCTCACAAGAAACCTCTGAAAATCCTGGTAACAAAACAATAGTTCCTGCAACGTTACCACAACCTCACC 2080  
T T G V S Q E T S E N P G N K T I V P A T L P Q L T 529  
CTACCCTGGTGTCACTGTTGGAGGTTATTGAACCTGAAGTGTATATGCAGGATATGATAGCTCTGTTCCAGACTCAACT 2160  
P T L V S L L E V I E P E V L Y A G Y D S S V P D S T 556  
TGGAGGATCATGACTACGCTCAACATGTTAGGAGGGCGGCAAGTATTGCAGCAGTGAATGGGCAAAGGCAATACCAGG 2240  
W R I M T T L N M L G G R Q V I A A V K W A K A I P G 583  
TTTTCAGGAACCTTACACCTGGATGACCAATGACCCTACTGCAGTACTCCTGGATGTTTCTTATGGCATTGTCTGGGGT 2320  
F R N L H L D D Q M T L L Q Y S W M F L M A F A L G 609  
GGAGATCATATAGACAATCAAGTCAAACCTGCTGTGTTTTGCTCCTGATCTGATTATTAATGAGCAGAGAATGACTCTA 2400  
W R S Y R Q S S A N L L C F A P D L I I N E Q R M T L 636  
CCCTGCATGTACGACCAATGTAACACATGCTGTATGTTTCTCTGAGTTACACAGGCTTCCAGTATCTTATGAAGAGTA 2480  
P C M Y D Q C K H M L Y V S S E L H R L Q V S Y E E Y 663  
TCTCTGTGAAAACCTTACTCTTCTCTTTCAGTTCCTAAGGACGGTCTGAAGAGCCAAGAGCTATTTGATGAAATTA 2560  
L C M K T L L L L S S V P K D G L K S Q E L F D E I 689  
GAATGACCTACATCAAAGAGCTAGGAAAAGCCATTGTCAAGAGGGAAGGAAACTCCAGCCAGAAGTGGCAGCGGTTTTAT 2640  
R M T Y I K E L G K A I V K R E G N S S Q N W Q R F Y 716  
CAACTGACAAAACCTTGGATTCTATGCATGAAGTGGTTGAAAATCTCCTTAACTATTGCTTCCAAACATTTTTGGATAA 2720  
Q L T K L L D S M H E V V E N L L N Y C F Q T F L D K 743  
GACCATGAGTATTGAATTCCTCGAGATGTTAGCTGAAATCATCACAATCAGATACCAAATATTTCAAATGGAAATATCA 2800  
T M S I E F P E M L A E I I T N Q I P K Y S N G N I 769  
AAAACTTCTGTTTTCATCAAAGTGAAGTGCCTTAATAAGAATGTTTGCCTTAAAGAAAGTCAATTAATAGCTTTTATTG 2880  
K K L L F H Q K \* 777  
TATAAATATCAGTTTGTCTGTAGAGTTTTGTTGTTTTATTTTTATTGTTTTTCTGTTGTTTTGTTTTAAATACG 2960  
CACTACATGTGGTTTTATAGAGGGCCAAAGACTTGGCAACAGAAGCAGTTGAGTGCATCACTTTTTCAGTGTGGGAGAGT 3040

AGATGGTGAATTTATTAGTTAATATATATCCCAGAAATTAGAAACCTTAATATGTGGACGTAATCTCCACAGTCAAAGAAG 3120  
 GATGGCACCTAAACCACCAGTGCCCAAAGTCTGTGTGATGAACCTTTCTCTTCATACTTTTTTTCACAGTTGGCTGGATGA 3200  
 AATTTTCTAGACTTTCTGTTGGTGTATCCCCCCCCGTATAGTTAGGATAGCATTTTTGATTTATGCATGGAAACCTGAA 3280  
 AAAAAGTTTACAAGTGTATATCAGAAAAGGGAAGTTGTGCCCTTTTATAGCTATTACTGTCTGGTTTTAACAATTTCTTT 3360  
 ATATTTAGTGAACCTACGCTTGCTCATTTTTTCTTACATAATTTTTTATTCAAGTTATTGTACAGCTGTTAAGATGGGCA 3440  
 GCTAGTTCGTAGCTTTCCCAAATAAACTCTAAACATTAATCAATCATCTGTGTGAAAATGGGTGGTGCTTCTAACCTGA 3520  
 TGGCACTTAGCTATCAGAAGACCACAAAATGACTCAAATCTCCAGTATCTTGTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGCTCA 3600  
 TATTTTGTATATATCTGCTTCAGTGGAGAATTATATAGGTTGTGCAAATTAACAGTCTAACTGGTATAGAGCACCTAGT 3680  
 CCAGTGACCTGCTGGGTAACCTGTGGATGATGGTTGCAAAAGACTAATTTAAAAATAACTACCAAGAGCCCTGTCTGT 3760  
 ACCTAACGCCCTATTTTTGCAATGGCTATATGGCAAGAAAGCTGGTAAACTATTGTCTTTCAGGACCTTTTGAAGTAGT 3840  
 TTGTATAACTTCTTAAAAGTTGTGATTCAGATAACCAGCTGTAACACAGCTGAGAGACTTTTAAATCAGACAAAAGTAATT 3920  
 CCTCTCACTAAACTTTACCCAAAAACTAAATCTCTAATATGGCAAAAAATGGCTAGACACCCATTTTTCACATTTCCCATCTG 4000  
 TCACCAATTGGTTAATCTTTTCTGATGGTACAGGAAAGCTCAGCTACTGATTTTTGTGATTTAGAACTGTATGTCAGACA 4080  
 TCCATGTTTTGTAAGTACACATCCCTAATGTGTGCCATAGAGTTTAAACACAAGTCTGTGAATTTCTTCACTGTTGAAA 4160  
 ATTATTTTAAACAAAATAGAAGCTGTAGTAGCCCTTCTGTGTGCACCTTACCAACTTCTGTAAAACCTAAAACCTTAAACA 4240  
 TATTTACTAAGCCACAAGAAATTTGATTTCTATTCAAGGTGGCCAAATTTATTTGTGTAATAGAAAACCTGAAAATCTAATA 4320  
 TTAAAATATGGAACCTCTAATATATTTTTATATTTAGTTATAGTTTTCAGATATATATCATATTTGGTATTCACATACTG 4400  
 GGAAGGGAAGGGCTACTGCAGCTTACATGCAATTTATTAATAATGATTGTAAAAATAGCTGTATAGTGTAAAATAAGAAT 4480  
 GATTTTTAGATGAGATTGTTTTATCATGACATGTTATATATTTTTTGTAGGGGTCAAAGAAATGCTGTAGGATAACCTAT 4560  
 ATGATTTATAGTTTGTACATGCATTCATACAGGCAGCGATGGTCTCAGAAAACCAAACAGTTTGTCTAGGGGAAGAGGGA 4640  
 GATGGAGACTGGTCTGTGTGCAGTGAAGGTTGCTGAGGCTCTGACCCAGTGAGATTACAGAGGAAGTTATCCTCTGCCT 4720  
 CCCATTCTGACCACCCTTCTCATTTCCAACAGTGAGTCTGTGAGCGCAGGTTTAGTTTACTCAATCTCCCTTGCCTAAA 4800  
 GTATGTAAAGTATGTAACAGGAGACAGGAAGGTGGTGCCTTACATCTTAAAGGCACCATCTAATAGCGGGTTACTTTCA 4880  
 CATAAGCCCTCCCCAGCAGTTGAATGACAACAGAAGCTTCAAGTTTGGCAATAGTTTGCATAGAGGTACCAGCAAT 4960  
 ATGTAAATAGTGCAGAATCTCATAGGTTGCCAATAATACACTAATTTCTTCTATCCTACAACAAGAGTTTATTTCCAAA 5040  
 TAAAATGAGGACATGTTTTTGTCTTTTGAATGCTTTTTGAATGTTATTTGTTATTTTTCAGTATTTTGGAGAAATTATT 5120  
 TAATAAAAAACAATCATTTGCTTTTTGAATGCTCTCTAAAAGGGAATGTAATATTTAAGATGGTGTGTAACCCGGCTG 5200  
 GATAAATTTTTGGTGCCTAAGAAAACCTGCTTGAATATTTCTTATCAATGACAGTGTAAAGTTTCAAAAAGAGCTTCTAAA 5280  
 CGTAGATTATCATTTCTTTATAGAATGTTATGTGGTTAAAACCAGAAAGCACATCTCACACATTAATCTGATTTTCATCC 5360  
 CAACAATCTTGGCGCTCAAAAAATAGAACTCAATGAGAAAAAGAAGATTATGTGCACTTCGTTGTCAATAATAAGTCAAC 5440  
 TGATGCTCATCGACAACCTATAGGAGGCTTTTTCATTAATGGGAAAAGAAGCTGTGCCCTTTTAGGATACGTGGGGGAAA 5520  
 GAAAGTCATCTAATTTATGTTTAAATGTGGATTTAAGTGCATATGGTGGTGTGTTTGAAGCAGATTTATTTCTATG 5600  
 TATGTGTTATCTGGCCATCCCAACCCAACTGTTGAAGTTTGTAGTAACTTCAGTGAGAGTTGGTTACTCACAAACAATC 5680  
 CTGAAAAGTATTTTTAGTGTGTTGTAGGTATCTGTGGGATACTATAACAAGCAGAAGTGGGCACTTAGGACATAACACTT 5760  
 TTGGGGTATATATATCCAAATGCCATAAATATGGGAGGAAACCTTGGCCACCCAAAAGGAAAACCTAACATGATTTGTG 5840  
 TCTATGAATGCTGGATAATAGCATGGGATGAGCTTGGGCATGCCATGAAGGAAAGCCACGCTCCCTCAGAATTCAG 5920  
 AGGCAAGGCAATTCAGTTTACCTAAGTCTCATAATTTTAGTTCCCTTTTAAAAACCTGAAAACCTACATCACCATG 6000  
 GAATGAAAATATTTGTTATACAATACATTGATCTGTCAAACCTCAGAACCATGGTAGCCTTCAGTGAGATTTCCATCTT 6080  
 GGCTGGTCACTCCCTGACTGTAGCTGTAGGTGAATGTGTTTTTGTGTGTGTGCTGGTTTTAGTGTGAGAAGGGAAAT 6160  
 AAAAGTGAAGGAGGACACTTTAAACCCCTTGGGTGGAGTTTCGTAATTTCCAGACTATTTTCAAGCAACCTGGTCCAC 6240  
 CCAGGATTAGTGACCAGGTTTTTCCAGGAAAGGATTTGCTTCTCTCTAGAAAATGTCTGAAAGGATTTTATTTTCTGATGAA 6320  
 AGGCTGTATGAAAATACCCTCCTCAATAACTTGCTTAACTACATATAGATTCAAGTGTGTCAATATTTCTATTTTGTATA 6400  
 TTAAATGCTATATAATGGGGACAAATCTATATTACTGTGTATGGCATTATTAAGAAGCTTTTTTATTATTTTATCA 6480  
 CAGTAATTTTAAAATGTGTAATAAATTAACCAGTGACTCCTGTTTAAAAATAAAAAGTTGTAGTTTTTTTATTTCATGCTGA 6560  
 ATAATAATCTGTAGTTAAAAAAAAGTGTCTTTTTTACCTACGCAGTGAATGTCAGACTGTAAAACCTTGTGTGGAAATG 6640  
 TTTAACTTTTATTTTTTTCATTTAAATTTGCTGTTCTGGTATTACCAAACCACACATTTGTACCGAATTGGCAGTAAATGT 6720  
 TAGCCATTTACAGCAATGCCAAATATGGAGAAACATCATAATAAAAAAATCTGCTTTTTTCATTA 6784

### Séquence 3

GAATGACCTACATCAAAGAGCTAGGAAAAGCCATTGTCAAGAGGGAAGGAAACTCCAGCCAGAAGTGGCAGCGGTTTTAT 2640  
 R M T Y I K E L G K A I V K R E G N S S Q N W Q R F Y 716  
 CAACTGACAAAACCTTTGGATTCTATGCATGAAAATGTTATGTGGTTAAAACCAGAAAGCACATCTCACACATTAATCTG 2720  
 Q L T K L L D S M H E N V M W L K P E S T S H T L I \* 742  
 ATTTTCATCC (-----)  
 TAGCCATTTACAGCAATGCCAAATATGGAGAAACATCATAATAAAAAAATCTGCTTTTTTCATTA 4154