

**ANALISA *CONSERVED REGION* PROTEIN MATRIK 2,
HEMAGGLUTININ, DAN NEURAMINIDASE PADA VIRUS
AVIAN INFLUENZA A SUBTIPE H5N1 DI INDONESIA UNTUK
PERANCANGAN VAKSIN DNA SECARA *IN SILICO***

HUDAN SODIQIN

030303029Y



UNIVERSITAS INDONESIA

FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM

DEPARTEMEN KIMIA

DEPOK

2008

**ANALISA *CONSERVED REGION* PROTEIN MATRIK 2,
HEMAGGLUTININ, DAN NEURAMINIDASE PADA VIRUS
AVIAN INFLUENZA A SUBTIPE H5N1 DI INDONESIA UNTUK
PERANCANGAN VAKSIN DNA SECARA *IN SILICO***

**Skripsi diajukan sebagai salah satu syarat
untuk memperoleh gelar Sarjana Sains**

Oleh:

HUDAN SODIQIN

030303029Y



DEPOK

2008

SKRIPSI : ANALISA *CONSERVED REGION* PROTEIN MATRIK
2, *HEMAGGLUTININ*, DAN *NEURAMINIDASE* PADA
VIRUS *AVIAN INFLUENZA A* SUBTIPE H5N1 DI
INDONESIA UNTUK PERANCANGAN VAKSIN DNA
SECARA *IN SILICO*

NAMA : HUDAN SODIQIN

NPM : 030303029Y

SKRIPSI INI TELAH DIPERIKSA DAN DISETUJUI

DEPOK, JULI 2008

PROF. DR. USMAN SUMO FRIEND TAMBUNAN, M.Sc

PEMBIMBING

Tanggal lulus Ujian Sidang Sarjana: 15 Juli 2008

Penguji I :

Penguji II :

Penguji III:

KATA PENGANTAR

Bismillahirrahmanirrahim, puja dan puji syukur kehadiran Allah SWT yang telah menciptakan alam semesta beserta isinya, yang memberikan kesempatan kepada penulis untuk merasakan kenikmatan iman, islam, dan kesehatan. Shalawat serta salam penulis sampaikan kepada Rasul Muhammad saw sebagai nabi terakhir yang telah dijanjikan dalam kitab-kitab suci yang diyakini umat Islam, yang menjadi perantara pembawa risalah warisan terbesar dalam sejarah dunia (Al-Quran) serta teladan bagi segala pengikutnya (Al-Hadist).

Persembahkan terima kasih penulis sampaikan kepada Prof. Dr. Usman Sumo Friend Tambunan yang memberikan bimbingan penelitian maupun bimbingan dalam perihal yang lainnya diluar penelitian. Satu hal yang tidak terlupakan, saat penulis mengikuti kuliah semester pendek metabolisme dimana saat itu saya diminta untuk membuat soal ujian akhir kuliah tersebut dan diminta saya yang menguji teman-teman yang kuliah tersebut bersama saya. Cukup mengejutkan saya. Pada akhirnya pada kuliah ini saya diberi nilai A- tanpa ujian akhir seperti teman-teman lain karena ujiannya lisan dan saya yang menguji. Pada saat itu saya merasa dihargai, ini sebuah titik tolak bagi penulis bahwa pentingnya kita menghargai seseorang. Inilah salah satu pelajaran yang didapat saat bersama Prof Usman diluar akademis, dan masih banyak lainnya yang tidak mungkin diceritakan disini.

Penulis mempersembahkan karya penulisan skripsi ini kepada Ayah dan Mamah, terima kasih karena telah memikul tanggung jawab berupa amanah menjadi orang tua dari anak bernama Hudan Sodiqin. Adik-adik penulis: Nurjanah, S.Si, Akil Mujanah, Nurlaila Sari, dan adik tambahan si kecil Fardan Fathurrahman.

Kepada tim penelitian bioinformatik tidak lupa penulis ucapkan terima kasih. Untuk Arli Aditya Parikesit, M.Si atas segala kesedian waktunya untuk membantu penulis dan berdiskusi dengan penulis. Rekan-rekan penulis: Yusi K. D., S.Si, Ihdina I. R., S.Si, M. Ichsan, S.Si, Makky M., S.Si, Fari M. Selanjutnya rekan-rekan penelitian bioinformatik S2: Pak Yoyon, Pak Idrus, Pak Oksya, Pak Syamsudin, Pak Rame, dan Mba Fitri, Mba Santi, Mba Sinta.

Untuk kawan-kawan penulis yang tercinta: Agus, Redi, Andi, Lukman, Gunawan, Jarot, Indra, Adit, Mila, Intan, Andy, Santi, Thariq. JKM-17 dan JKMI-14: Bang Gari, Rangga, Jahid, Rahman, Nasrul, Bang Abas, Bang Aji, Bang Habibi, Kholid, Shofwan, Bang Arif, Pak Miko, Pak Basit, Pak Porkas, Pak Ade. Rekan-rekan SJK, FMA dan FIA 2003, HMD KIMIA UI, SM FMIPA UI 2004 dan 2005 (Kreator: fika, citra, indah, dea, fai, hilmi, suki, usep, seno, hamzah) BPM FMIPA UI 2006, MS dan SALAM UI. Adik-adik kimia 2006: Wisnu, Zico, Noval, Ade, Firman, Yudha. Guru-guru dan kawan-kawan SDN Grogol 05 pagi, SLTPN 89, SMUN 78.

Pada kesempatan ini, penulis juga mengucapkan rasa terima kasih kepada seluruh dosen dan karyawan Departemen Kimia FMIPA UI atas dedikasi dan keikhlasannya dalam mengemban tugas mulia yang

diamanahkan kepada masing-masing. Pembimbing akademis penulis: Dr. rer. nat Budiawan atas segala bimbingan dan saran yang telah diberikan selama ini. Penguji skripsi penulis.

Pak Demmy, Qiqi, Ali, Andika, Haro, Lia, Vena, Bang Yoga, Ela, Rina, Tia, Vera, Mais, Nia, Upi, Dina, Hidrin, Krisnu, Hasbi, Fahmi, Emay, tim futsal kimia 2003. Kawan-kawan kimia angkatan 2003, 2002, 2001, 2004, 2005, 2006, 2007 yang tidak disebutkan namanya, mohon maaf karena keterbatasan penulis.

Chairul, Budi, Akhyar, Yoga, Yogie, Taufan, Awan, Gunarsa, Harpan, Haekal, Alfath, Aji, Adit, Wisnu, Budi, Fauzur, Isnan, Wahyu. Kawanku Asyudi, Andri, Mawan, Hari, Fathoni.

Pak Tris yang banyak membantu kemudahan dalam memenuhi kebutuhan penulis di Perpustakaan Kimia FMIPA UI.

Seluruh dosen dan karyawan FMIPA UI (selain Departemen Kimia). Juga untuk seluruh pihak yang telah membantu penulis dalam penyelesaian skripsi.

Semoga skripsi ini dapat berguna bagi masyarakat terutama dalam dunia ilmu pengetahuan, teknologi, dan kesehatan Indonesia. Amiin.

Penulis

2008

ABSTRAK

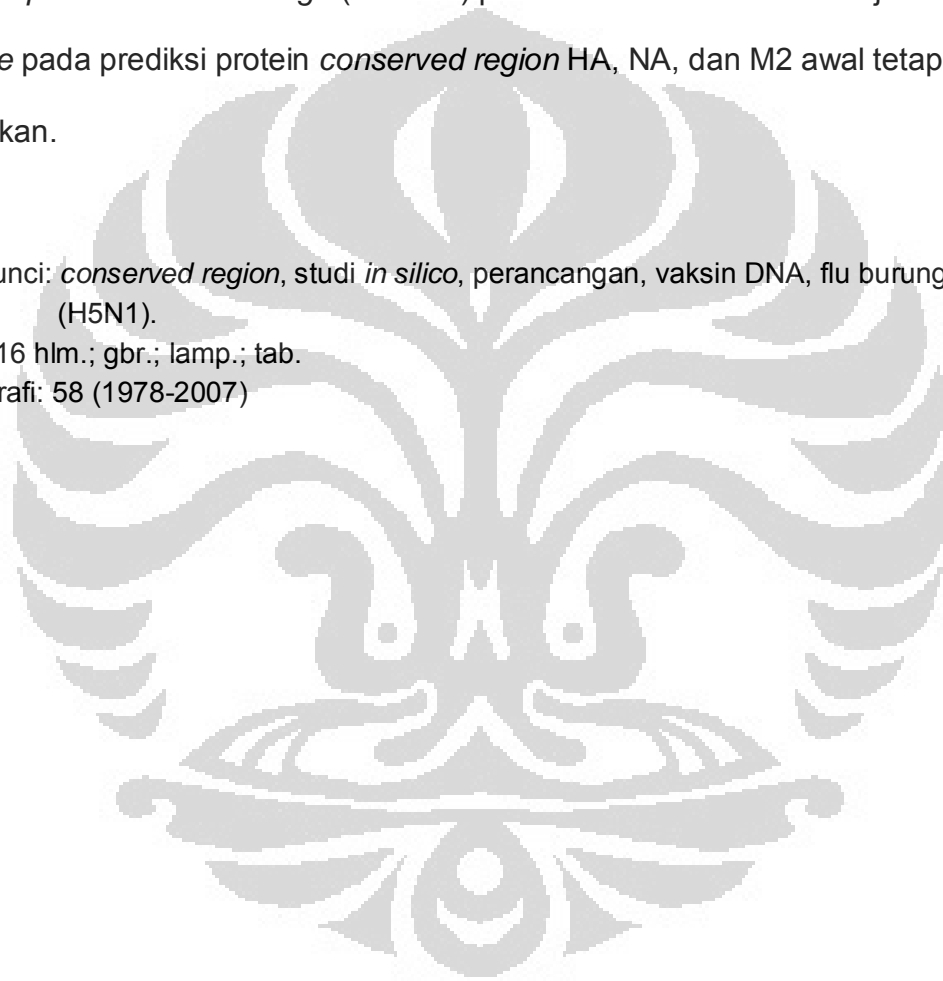
Flu burung adalah penyakit menular akibat virus yang sangat menakutkan karena dapat menjadi pandemik dan mortalitasnya yang sangat tinggi pada manusia. Tercatat tiga kali pandemik avian influenza pada manusia pada tahun 1918, 1957, dan 1968 yang menyebabkan puluhan juta orang meninggal dunia. Ancaman munculnya pandemik kembali terjadi dengan kemunculan virus *avian influenza* subtipe A H5N1. Sampai dengan tanggal 3 Februari 2008, jumlah kasus Flu Burung di Indonesia mencapai 126 kasus, 103 diantaranya meninggal. Angka kematian atau *Case Fatality Rate* (CFR) kasus Flu Burung mencapai 81,7%. Salah satu langkah antisipasi adalah vaksinasi. Studi *in silico* dilakukan untuk merancang vaksin DNA H5N1. Sekuen asam amino *hemagglutinin* (HA), *neuraminidase* (NA), dan protein matrik 2 (M2) virus H5N1 diperoleh dari *Genbank*, kemudian dilakukan *multiple alignment* menggunakan program ClustalX, pencarian *conserved region* menggunakan BioEdit, prediksi *epitope T-cell* dilakukan dengan tahapan-tahapan: *proteasomal cleavage* (MAPPP), *Transporter Antigen Processing (TAP) binding* (TAPPred), *Major Histocompatibility complex (MHC) I binding* (MULTIPRED dan *immuneepitope*). Dari prediksi *epitope* didapat masing-masing satu kandidat *conserved region* protein HA, NA, dan M2 yang kemudian dilakukan *reverse translasi* sehingga didapat masing-masing satu kandidat sekuen DNA *conserved region* HA, NA, dan M2

yang akan disisipkan pada plasmid pCMV-HA menggunakan enzim restriksi *EcoRI*, *Sall*, *BglII*, dan *XhoI*. Didapat enam rancangan sekuen vaksin DNA yang dari pengujian translasi keenam protein hasil translasi menunjukkan kesamaan 100% dengan *conserved region* protein HA, NA, dan M2 awal dan prediksi *proteasomal cleavage* (MAPP) protein hasil translasi menunjukkan *epitope* pada prediksi protein *conserved region* HA, NA, dan M2 awal tetap dihasilkan.

Kata kunci: *conserved region*, studi *in silico*, perancangan, vaksin DNA, flu burung (H5N1).

xiv + 216 hlm.; gbr.; lamp.; tab.

Bibliografi: 58 (1978-2007)



DAFTAR ISI

	Halaman
KATA PENGANTAR	i
ABSTRAK	iv
DAFTAR ISI	vi
DAFTAR GAMBAR	x
DAFTAR TABEL	xii
DAFTAR LAMPIRAN	xiii
BAB I PENDAHULUAN	1
BAB II TINJAUAN PUSTAKA	4
2.1 Virus Influenza	4
2.2 <i>Avian Influenza A (H5N1)</i>	7
2.3 Infeksi Pada Manusia	8
2.4 <i>Hemagglutinin</i>	10
2.5 <i>Neuraminidase</i>	11
2.6 Protein Matrik 2	11
2.7 Sistem dan Respon Imunitas	12
2.7.1 Definisi dan Ruang Lingkup	12
2.7.2 Antigen	13

2.7.3 Komponen Sistem Imunitas	16
2.7.4 Immunologi Virus	20
2.8 Protein	23
2.9 Vaksin	23
2.9.1 Definisi dan Ruang Lingkup	23
2.9.2 Vaksin DNA	24
2.10 Plasmid	25
2.11 DNA Rekombinan	26
2.12 Translasi	30
2.13 Bioinformatika	35
2.13.1 Definisi dan Ruang Lingkup	35
2.13.2 <i>Database</i>	36
2.13.3 <i>Influenza Virus Resource (IVR-NCBI)</i>	36
2.13.4 <i>GenBank Flatfile Format</i>	37
2.13.5 <i>Multiple Sequence Alignments</i>	38
2.13.6 <i>Conserved Region</i>	39
2.13.7 <i>Epitope Prediction Server</i>	39
2.13.8 <i>Database Similarity Searching</i>	40
BAB III METODE PENELITIAN	41
3.1 Pencarian Sekuen Protein HA, NA, dan M2 Virus H5N1	41
3.2 <i>Multiple Sequence Alignments</i>	42
3.3 Penentuan <i>Conserved Region</i>	42

3.4	Prediksi <i>Proteasomal Cleavage</i> Protein HA, NA, dan M2 Virus H5N1	42
3.5	Prediksi TAP <i>Binding</i> Protein HA, NA, dan M2 Virus H5N1	43
3.6	Prediksi <i>epitope T-cell</i> Protein HA, NA, dan M2 Virus H5N1	44
3.7	<i>Reverse</i> Translasi	44
3.8	Pemilihan Vektor	45
3.9	Perancangan Vaksin DNA	45
3.10	Translasi Vaksin DNA	46
BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN		47
4.1	Pencarian Sekuen Protein HA, NA, dan M2 Virus H5N1	47
4.2	<i>Multiple Sequence Alignments</i>	48
4.3	Penentuan <i>Conserved Region</i>	49
4.4	Prediksi <i>Proteasomal Cleavage</i> Protein HA, NA, dan M2 Virus H5N1	51
4.5	Prediksi TAP <i>Binding</i> Protein HA, NA, dan M2 Virus H5N1	52
4.6	Prediksi <i>epitope T-cell</i> Protein HA, NA, dan M2 Virus H5N1	52
4.7	<i>Reverse</i> Translasi	55
4.8	Perancangan Vaksin DNA	56
4.8.1	Pemilihan Plasmid pCMV-HA	56
4.8.2	Pemilihan Enzim Restriksi Endonuklease	58

4.8.3 Rekombinasi Plasmid pCMV-HA dengan DNA <i>Conserved Region 13 Hemagglutinin (HA), Conserved Region 12 Neuraminidase (NA), dan Conserved Region 1 Protein Matrik 2 (M2)</i>	61
4.9 Translasi Vaksin DNA	64
4.10 Alignment, BLAST dan Prediksi <i>Proteasomal Cleavage</i> Protein Translasi Vaksin DNA	65
BAB V KESIMPULAN DAN SARAN	68
5.1 Kesimpulan	68
5.2 Saran	69
DAFTAR PUSTAKA	71
LAMPIRAN	77

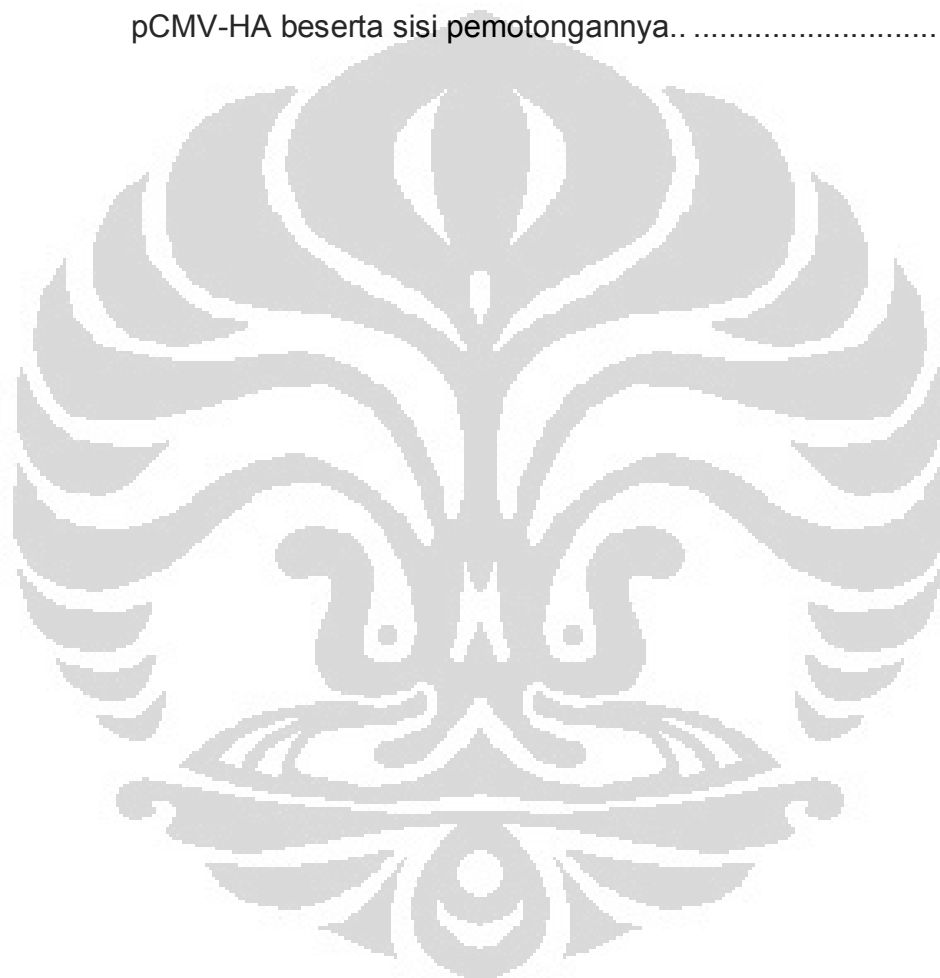
DAFTAR GAMBAR

	Halaman
Gambar 1. Struktur virus influenza.....	4
Gambar 2. Mekanisme masuk dan penggandaan virus dalam sel <i>host</i>	5
Gambar 3. Tipe <i>antigenic determinant</i>	16
Gambar 4. Pengenalan fragmen protein asing pada MHC oleh <i>T-cell</i> ..	19
Gambar 5. Respon sistem imunitas pada virus	22
Gambar 6. Tahap-tahap Teknologi DNA rekombinan	28
Gambar 7. Proses inisiasi, pemanjangan dan terminasi yang ditandai dengan adanya stop kodon UAA pada ribosom	31
Gambar 8. Proses pembentukan protein pada ribosom. <i>P site</i> merupakan awal pembentukan metionin dan <i>A site</i> merupakan sisi pemanjangan pembentukan protein	33
Gambar 9. Plasmid pCMV-HA dengan MCS sebagai sisi polilinker atau pengklonan ganda yang terletak antara promotor CMV dan <i>polydenylation signal</i>	57
Gambar 10. Pemotongan 10 enzim restriksi pada MCS plasmid pCMV-HA menggunakan software pDRAW32	58
Gambar 11. Hasil pengujian 10 enzim endonuklease restriksi sisi pemotongan MCS plasmid pCMV-HA pada sekuens DNA	

	<i>conserved region 13 HA, conserved region 12 NA, conserved region 1 M2 menggunakan software pDRAW32.</i>	60
Gambar 12.	Situs pemotongan <i>EcoRI</i> , <i>Sall</i> , <i>BglII</i> , dan <i>XhoI</i>	61
Gambar 13.	Sekuens DNA <i>conserved region</i> setelah ditambah situs pemotongan <i>EcoRI</i> , <i>Sall</i> , <i>BglII</i> , dan <i>XhoI</i>	62
Gambar 14.	Plasmid Rekombinan pCMV-HA_HNM2, pCMV-HA_HM2N, pCMV-HA_NHM2, pCMV-HA_NM2H, pCMV-HA_M2HN, dan pCMV-HA_M2NH.....	63
Gambar 15.	BLASTp hasil translasi protein pCMV-HA_HM2N, pCMV-HA_HNM2, pCMV-HA_M2HN, pCMV-HA_M2NH, pCMV-HA_NHM2, dan pCMV-HA_NM2H.....	67

DAFTAR TABEL

	Halaman
Tabel 1. Endonuklease yang terdapat pada MCS plasmid pCMV-HA beserta sisi pemotongannya.....	59



DAFTAR LAMPIRAN

	Halaman
Lampiran 1. Informasi Genetik Virus H5N1 Hemagglutinin dalam Format GBFF.....	77
Lampiran 2. Daftar kode dua puluh asam amino.....	78
Lampiran 3. Sekuens Asam Amino H5N1 <i>Hemagglutinin</i> (HA), <i>Neuraminidase</i> (NA), dan matrik 2 (M2) <i>host human</i> dalam Format FASTA.....	79
Lampiran 4. <i>Multiple Sequence Alignments Hemagglutinin</i> (HA), <i>Neuraminidase</i> (NA), dan matrik 2 (M2).....	101
Lampiran 5. <i>Conserved Region Hemagglutinin</i> (HA), <i>Neuraminidase</i> (NA), dan Protein Matrik 2 (M2).....	117
Lampiran 6. <i>Proteasomal Cleavage Protein Hemagglutinin</i> (HA), <i>Neuraminidase</i> (NA), dan matrik 2 (M2) Virus H5N1 (MAPPP).....	131
Lampiran 7. <i>TAP Binding Protein Hemagglutinin</i> (HA), <i>Neuraminidase</i> (NA), dan matrik 2 (M2) Virus H5N1 (TAPPred).....	133
Lampiran 8. Prediksi <i>Epitope T-cell Protein Hemagglutinin</i> (HA), <i>Neuraminidase</i> (NA), dan matrik 2 (M2).....	136

Lampiran 9. <i>Reverse Translasi Conserved Region 13 Hemagglutinin (HA), Conserved Region 12 Neuraminidase (NA), dan Conserved Region 1 Protein matrik 2 (M2)</i>	155
Lampiran 10. Sekuen pCMV-HA.	156
Lampiran 11. Hasil Perancangan Vaksin DNA.	157
Lampiran 12. <i>Alignment</i> Protein Translasi Vaksin DNA.....	177
Lampiran 13. BLASTp Protein Translasi Vaksin DNA.	185
Lampiran 14. <i>Proteasomal Cleavage</i> Protein Translasi Vaksin DNA.....	212
Lampiran 15. Daftar Singkatan.....	215
Lampiran 16. Bagan Kerja Penelitian.	216

BAB I PENDAHULUAN

Avian influenza (AI) atau flu burung merupakan salah satu jenis infeksi akibat virus (H5N1) yang sangat menakutkan karena dapat menjadi pandemik dan mortalitasnya sangat tinggi pada manusia. *Avian influenza* subtipe H5N1 pertama-tama terdeteksi pada burung dan manusia di Hongkong pada tahun 1997 dan menewaskan 6 orang dari 18 orang penduduk yang terinfeksi (Horimoto dan Kawaoka, 2001). Kemudian muncul kembali pada akhir tahun 2003 dan setelah itu menyebar ke negara-negara di Asia, Afrika, dan Eropa. *Strain avian influenza* sangat berbahaya karena dapat berakibat fatal kepada manusia (lebih dari 50% penderita akhirnya meninggal) dan kemungkinan penyakit tersebut dapat menyebar antar manusia (<http://www.who.int>, 18 November 2007, 06:00 WIB).

Pandemik *avian influenza* terjadi secara tidak terduga, setelah tahun 1900 terjadi pandemik *avian influenza* sebanyak tiga kali yaitu 1918 (*Spanish flu*), 1957 (*Asian flu*), dan 1968 (*Hong kong flu*). Berdasarkan data WHO pada tahun 1918-1919, lebih dari 50 juta orang yang meninggal dunia karena pandemik *Spanish flu* (<http://www.who.int>, 18 November 2007, 06:00 WIB).

Avian influenza H5N1 (AI H5N1) disebabkan oleh *Highly Pathogenic Avian Influenza Virus* tipe A famili *orthomyxoviridae* yang menyebar melalui kontak langsung maupun tidak langsung dengan hewan positif terinfeksi virus

H5N1 atau permukaan yang terkontaminasi virus H5N1 (darah, urin, dan feses, serta *nasal*) (<http://www.who.int>, 18 November 2007, 06:00 WIB). AI H5N1 telah menyebar di Indonesia sejak kasus infeksi pertama ditemukan di Tangerang. AI H5N1 dapat bersifat epizootik dan panzootik (<http://en.wikipedia.org/wiki/H5N1.htm>, 5 November 2007, 20:40 WIB).

Sampai dengan tanggal 3 Februari 2008, jumlah kasus Flu Burung di Indonesia mencapai 126 kasus, 103 diantaranya meninggal. Angka kematian atau *Case Fatality Rate* (CFR) kasus Flu Burung mencapai 81,7% (http://www.burung.org/detail_txt.php?op=news&id=106, 22 Februari 2008, 14:13 WIB).

Virus H5N1 termasuk RNA virus, artinya RNA berfungsi sebagai pembawa informasi genetik. Virus H5N1 memiliki genom tunggal bersegmen yang tersusun atas delapan segmen ssRNA yaitu PB2, PB1, PA, HA, NP, NA, M dan NS. Sedangkan antigen virus H5N1 terdiri dari beberapa komponen yaitu antigen internal, terdiri dari genom RNA dan antigen eksternal yang terdapat pada permukaan, yaitu *hemagglutinin* (HA), *neuraminidase* (NA), dan protein matrik 2 (M2). Antigen yang terdapat pada lapisan permukaan merupakan pembeda atau yang menjadi perbedaan antar virus influenza. Virus influenza tipe A mempunyai 16 jenis *hemagglutinin* dan 9 jenis *neuraiminidase* (Cox *et al.*, 2005).

Salah satu kandidat vaksin AI H5N1 yang dapat digunakan untuk mencegah penyebaran AI H5N1 adalah vaksin DNA. Vaksin DNA terdiri dari plasmid *vector* (dari bakteri) yang mengandung *transgene* (dari organisme

yang menginfeksi seperti virus atau bakteri) yang disisipkan dibawah kontrol *eukaryotic promotor*, sehingga dapat mengekspresikan protein virus di dalam sel mamalia (Davis, 1997).

Efisiensi replikasi AI H5N1 sangat tergantung pada kerjasama protein *hemagglutinin* (HA) dan *neuraminidase* (NA) dari virus (Nidom, 2005).

Protein matrik 2 (M2) merupakan protein pada virus influenza tipe A yang memiliki *conserved region* yang terpelihara selama proses evolusi virus (Tompkins *et al.*, 2007).

Beberapa penelitian menunjukkan vaksin DNA yang menggunakan sekuen genetik dari satu *strain* tidak hanya dapat melindungi dari *strain* tersebut tetapi juga melindungi dari subtipe yang berbeda, memberikan harapan atas kemampuan vaksin DNA untuk lebih efektif dalam melawan variasi penyakit (Wahren dan Liu, 2005).

Vaksin DNA H5N1 yang mengkode hemagglutinin terbukti memberikan respon imun yang efektif pada unggas dan mamalia (Zhang Qiang-Zhe *et al.*, 2005). Sama halnya vaksin DNA H5N1 yang mengkode matrik protein 2 terbukti memberikan respon imun yang efektif pada tikus percobaan (Tompkins *et al.*, 2007).

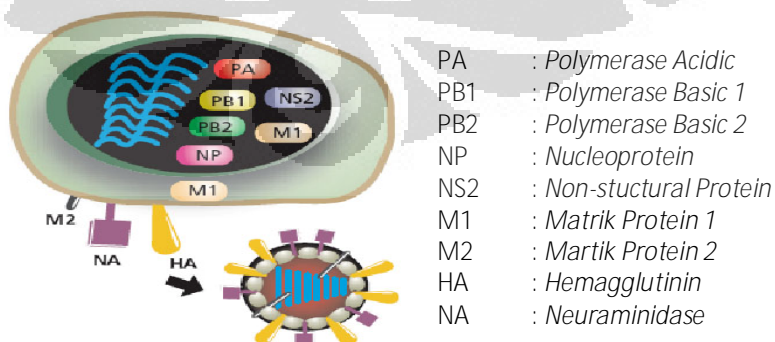
Tujuan penelitian ini adalah mencari *conserved region* protein *hemagglutinin* (HA), *neuraminidase* (NA), dan matrik 2 (M2) virus *avian influenza* H5N1 yang berasal dari Indonesia untuk perancangan vaksin DNA yang dapat mengkode *conserved region* protein *hemagglutinin* (HA), *neuraminidase* (NA), dan matrik 2 (M2) melalui pendekatan *in silico*.

BAB II

TINJAUAN PUSTAKA

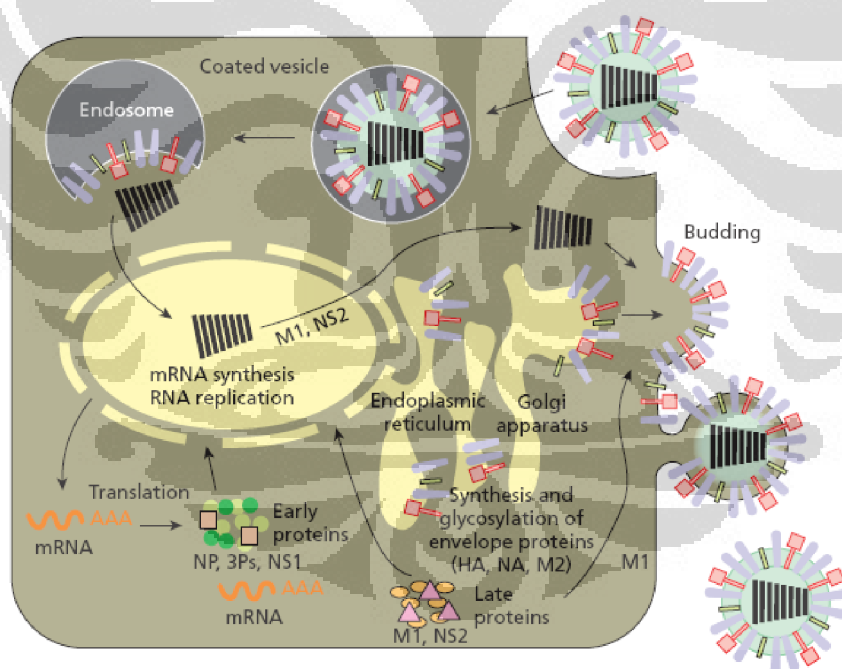
2.1 Virus Influenza

Virus influenza termasuk dalam famili *Orthomyxoviridae*, yang memiliki genom tunggal bersegmen. Ada tiga tipe virus influenza yaitu A, B, dan C. Influenza A dan B memiliki 8 segmen RNA sedangkan C hanya 7. Selain infeksi pada manusia maka virus influenza tipe A dapat pula menginfeksi burung, babi, anjing laut, kuda dan ikan paus. Mereka dapat menetap dan berkembang biak pada itik liar, yang berperan besar sebagai *reservoir* tetap bagi penyakit pada manusia, sedang tipe B dan C terutama menyerang manusia (Isbagio, 2004). Struktur virus influenza tipe A disajikan pada Gambar 1.



Gambar 1. Struktur virus influenza (Wagner *et al.*, 2001).

Antigen virus influenza terdiri dari beberapa komponen yaitu antigen internal, terdiri dari genom RNA dan antigen eksternal yang terdapat pada permukaan, yaitu *hemagglutinin* (HA), *neuraminidase* (NA), dan protein matrik 2 (M2). Antigen yang terdapat pada lapisan permukaan merupakan pembeda atau yang menjadi perbedaan antar virus influenza. Virus influenza tipe A mempunyai 16 jenis *hemagglutinin* dan 9 *neuraminidase* (de Jong dan Tran, 2005). Mekanisme masuknya virus ke dalam *host* disajikan pada Gambar 2.



Gambar 2. Mekanisme masuk dan penggandaan virus dalam sel *host* (Lamb *et al.*, 1994).

Pada gambar di atas terlihat proses masuknya virus pada sel *host* melalui endositosis dan menggandakan diri dengan mereproduksi materi genetik virus itu sendiri. Virus influenza termasuk kelas virus yang mengandung RNA sebagai materi hereditasnya. Virus bereplikasi dengan memasuki sel *host* dan menggunakan sel ini untuk memproduksi cetakan virus RNA dalam jumlah yang besar

(<http://www.accessexcellence.org/RC/VL/GG/influenza.html>, 18 November 2007, 11:42 WIB).

Biasanya Virus melekat pada bagian luar dari sel *host* dan RNA virus ini masuk ke dalam inti sel. Gen virus ditranskripsikan serta ditranslasikan oleh enzim-enzim sel dan ribosom. Melalui proses tersebut, virus mengambil alih fungsi produktif sel.

Genom virus influenza bereplikasi dalam inti sel *host* yang diarahkan oleh *targetting signals nucleoprotein*. Virus RNA (vRNA) dikopi dari (-) sense menjadi (+) cRNA dan mRNA. cRNA tetap pada inti yang berfungsi sebagai *template* pada produksi (-) sense vRNA baru, sedangkan mRNA akan berpindah ke sitoplasma untuk memproduksi protein. NP (*nucleoprotein*) akan kembali ke inti dan akan berasosiasi dengan vRNA membentuk *nucleopcapsid* (<http://www.uq.edu.au/VDUInfluenza.htm>, 18 November 2007, 11:56 WIB).

2.2 Avian Influenza A (H5N1)

Virus yang dikenal dengan H5N1 merupakan virus influenza tipe A dan termasuk kelompok (famili) *Orthomyxoviridae*. Seringkali dalam referensi WHO dituliskan sebagai virus HPAI A(H5N1), "*Highly Pathogenic Avian Influenza*". Kelompok ini mempunyai ciri yaitu berupa RNA utas tunggal negatif (-) *single stranded* RNA atau (-) ssRNA. Virus AI H5N1 adalah subtype dari virus influenza A yang dapat menyebabkan sakit pada manusia dan spesies binatang yang lain. *Strain* yang beradaptasi dengan burung disebut dengan HPAI A(H5N1), untuk virus tipe A subtype H5N1 dan bersifat sangat *pathogenic*, dan merupakan penyebab flu H5N1 atau yang lebih dikenal dengan *avian influenza* atau juga flu burung. Burung liar di seluruh dunia membawa virus H5N1 pada ususnya tetapi biasanya tidak menyebabkan sakit pada burung tersebut. Penyakit ini bersifat endemik pada populasi burung terutama pada Asia Tenggara. Satu *strain* dari HPAI A(H5N1) telah menyebar ke seluruh dunia setelah pertama kali muncul di Asia. HPAI A(H5N1) adalah penyakit unggas atau *avian disease*. Sedikit dari *avian influenza* yang dapat melewati batas antar spesies dan dapat menginfeksi manusia (<http://www3.niaid.nih.gov/>, 18 November 2007, 06:13 WIB).

Virus H5N1 tidak dengan mudah menular antar manusia dan jika seseorang telah terinfeksi maka virus tersebut sangat sulit untuk dapat menyebar atau menular antar manusia. Hingga saat ini belum ada bukti

berbasis molekular adanya transmisi antar manusia oleh virus HPAI A(H5N1). Sejauh ini semua kasus *avian influenza* H5N1 yang terjadi adalah karena kontak fisik dengan burung yang telah terinfeksi oleh virus tersebut (Nidom, 2005). Walaupun demikian, dikhawatirkan adanya kemungkinan bahwa virus H5N1 dapat menular dan menyebar antar manusia karena H5N1 dapat bermutasi (<http://www3.niaid.nih.gov/>, 18 November 2007, 06:13 WIB).

2.3 Infeksi Pada Manusia

Pandemik influenza pada abad ke-20 telah terjadi tiga kali yaitu pada tahun 1918, 1957, dan 1968. Pandemik tersebut lebih diakibatkan karena kurangnya imunitas terhadap gen HA dari virus influenza A sehingga virus tersebut dapat menyebar secara efisien antar manusia. Pandemik tersebut telah membunuh jutaan manusia di seluruh dunia. Semua virus yang terlibat dalam ketiga pandemik berasal dari jenis virus *avian influenza* tipe A (de Jong dan Tran, 2005).

Apabila dua atau lebih *strain avian influenza* H5N1 menginfeksi suatu sel *host* secara bersama-sama, maka dimungkinkan terjadi pengacakan segmen genom virus (*genetic reassortment*), termasuk gen penyandi NA dan HA, yang akan berakibat munculnya *strain* virus baru dengan kombinasi genom yang baru dan spesifitas *host* yang berbeda dengan virus asalnya (Nidom, 2005).

Strain baru virus berperan dalam terjadinya pandemik influenza pada tahun 1957 dan 1968, keduanya muncul di Asia Tenggara dan keduanya timbul melalui rekombinasi gen antara *strain avian virus* dan *strain human influenza virus* (Scholtissek *et al.*, 1978). Pandemi “Asian Flu” pada tahun 1957 disebabkan oleh virus H2N2 yang memperoleh tiga gen (HA2, NA2, dan PB1) dari *avian virus* yang menginfeksi bebek liar, pada *backbone* dari *strain human influenza H1N1*. Belakangan diketahui bahwa virus H2N2 hilang setelah adanya kemunculan dari virus H3N2, dan semenjak itu tidak terdeteksi pada manusia. Analisis sekuens memperlihatkan bahwa dalam pandemik virus H3N2 diperkirakan sekurangnya ada enam asam amino pada HA yang mengalami perubahan selama masa transisi dari *host avian* menjadi *host* manusia (Bean *et al.*, 1992). Hal tersebut memperlihatkan adanya adaptasi virus influenza dengan *host* yang baru dengan merubah *receptor-binding pocket* dari HA (Nidom, 2005).

Di dalam perkembangannya, subtipe virus *avian influenza* baru ini mungkin terus mengalami mutasi yang dapat berakibat pada *antigenic shift* dan/atau *drift* yang dapat meningkatkan kemampuan virus tersebut untuk menginfeksi sel dalam tubuh manusia, sehingga dapat terjadi penularan antar manusia yang merupakan awal dari pandemik global *avian influenza*, seperti yang pernah terjadi pada tahun 1918–1919 (*Spanish Flu*), tahun 1957–1958 (*Asian Flu*), dan tahun 1967–1968 (*Hongkong Flu*) (Wagner *et al.*, 2001).

2.4 Hemagglutinin

Salah satu faktor yang berperan dalam infeksi *avian influenza* H5N1 adalah adanya kecocokan antara *envelope* virus dengan reseptor pada permukaan sel *host*. Infeksi AI H5N1 terjadi apabila virus H5N1 berikatan dengan glikoprotein permukaan sel *host* yang mengandung gugus spesifik. Bagian protein HA yang berikatan dengan reseptor *host* mempunyai susunan asam amino yang khas. Dengan kondisi seperti ini, maka virus H5N1 *host avian* tidak dapat dengan mudah menginfeksi manusia. Perubahan spesifitas *host* dapat dimungkinkan akibat perubahan asam amino pada reseptor *host* melalui peristiwa mutasi genetik (Nidom, 2005).

Agar virus dapat menginfeksi, protein HA harus mengalami pembelahan oleh sel *host*, *serine protease*. Jika tidak terjadi *cleavage*, HA akan tetap terikat pada sel *host*, tetapi virus tidak akan bisa masuk ke dalam sel. HA merupakan salah satu antigen virus influenza yang utama. Respon imunitas yang efektif pada protein ini menimbulkan perlindungan terhadap infeksi (Toapanta, 2006).

HA merupakan bagian dari vaksin anti flu yang digunakan pada manusia dan telah digunakan sebagai model antigen untuk pengembangan teknologi vaksin terbaru. Salah satu keuntungan dari penggunaan HA dalam studi vaksin adalah ketersediaan model hewan percobaan seperti tikus yang dapat diinfeksi oleh strain virus avian. Infeksi strain virus influenza tersebut dapat menyebabkan penyakit dan/atau menyebabkan kematian pada hewan.

Karenanya, respon imun yang diinduksikan oleh uji coba vaksin dapat dengan mudah dievaluasi dengan menginfeksi hewan percobaan oleh strain virus influenza (Toapanta, 2006).

2.5 Neuraminidase

Neuraminidase berperan dalam spesifisitas AI H5N1 terhadap sel *host*. NA berfungsi untuk melepaskan partikel virus H5N1 yang sudah selesai replikasi dalam sel dan mencegah virus H5N1 yang sudah terbentuk tersebut menempel kembali pada reseptor sel *host* melalui HA. Oleh karena itu efisiensi replikasi AI H5N1 sangat tergantung pada kerjasama protein HA dan NA dari virus (Nidom, 2005).

2.6 Protein Matrik 2

Gen matrik AI H5N1 menyandi 2 macam protein yaitu protein M1 dan protein M2. Protein matrik mempunyai peran dalam penyusunan virus AI H5N1. Bersama dengan protein HA dan NA protein M2 menyusun struktur *envelope* virus. Protein M2 juga berperan pada awal infeksi dalam pemisahan protein M1 dari RNP (*ribonucleoprotein*) untuk masuk ke dalam sitoplasma sel *host*. Penelitian pada protein matrik isolat Indonesia

ditemukan susunan asam amino yang *conserved* untuk membentuk *zinc finger motif* dan *palindromic sequence* (Nidom, 2005).

2.7 Sistem dan Respon Imunitas

2.7.1 Definisi dan Ruang Lingkup

Secara umum, kata imunitas berarti perlindungan terhadap penyakit, atau yang lebih spesifik, terhadap penyakit yang menular. Sel-sel dan molekul-molekul yang bertanggung jawab dalam hal imunitas disebut sistem imunitas (Abbas *et al.*, 1994).

Apabila ada *pathogen* yang menyerang tubuh, maka sistem imunitas secara kolektif dan terkoordinasi akan merespon dengan mengenali *pathogen* tersebut dan menghasilkan produk sekresi dan sel untuk menghilangkannya. Respon dari sistem inilah yang disebut sebagai respon imunitas (Abbas *et al.*, 1994).

Sistem imunitas sendiri dalam merespon adanya molekul asing, umumnya akan melakukan tindakan-tindakan. Pertama, secara umum melenyapkan molekul-molekul asing yang masuk dengan menggunakan komponen-komponen sistem imunitas yang sudah ada. Kedua, sistem imunitas akan memproduksi sel-sel dan molekul-molekul spesifik yang bertujuan untuk melawan molekul-molekul asing tersebut (Kelgert, 1996).

Tindakan yang pertama merupakan *innate immunity* atau imunitas alami (*natural resistance*), yaitu imunitas yang bersifat terstandarisasi, tanpa memori, dan non spesifik, sehingga semua jenis molekul asing akan mendapatkan respon yang sama. Sedangkan tindakan yang kedua merupakan *acquired immunity*, yaitu imunitas yang bersifat spesifik dan selektif dalam mengenali molekul asing, dan mempunyai memori, sehingga apabila seseorang diserang oleh suatu molekul asing yang sudah pernah menyerang tubuh orang tersebut pada waktu sebelumnya, maka respon terhadap molekul asing tersebut akan lebih cepat dan terarah (Abbas *et al.*, 1994; Kelgert, 1996).

Dari kedua jenis respon tersebut, secara umum, para ahli imunologi menganggap yang disebut sebagai respon imunitas adalah respon *acquired immunity*, dan dari dasar ilmu tentang *acquired immunity* inilah, pemikiran vaksinasi dan imunisasi lahir dan diterapkan sampai sekarang (Abbas *et al.*, 1994).

2.7.2 Antigen

Antigen yang disebut juga imunogen adalah bahan yang dapat merangsang respon imun atau bahan yang dapat bereaksi dengan antibodi yang sudah ada tanpa memperhatikan kemampuannya untuk merangsang produksi antibodi. Secara fungsional, antigen dibagi menjadi imunogen dan

haptens. Bahan kimia ukuran kecil seperti dinitrofenol dapat diikat antibodi, tetapi bahan tersebut sendiri tidak dapat mengaktifkan *B-cell*. Untuk memacu respon antibodi, bahan kecil tersebut perlu diikat oleh molekul kecil (disebut haptens) dan molekul besar (disebut *carrier* atau molekul pembawa) dapat berperan sebagai imunogen. Contoh haptens adalah berbagai golongan antibiotik dan obat lainnya dengan berat molekul kecil. Haptens biasanya dikenali oleh *B-cell* sedangkan molekul pembawa oleh *T-cell*. Molekul pembawa sering digabung dengan haptens dalam usaha memperbaiki imunisasi. Haptens membentuk epitop pada molekul pembawa yang dikenal sistem imun dan merangsang pembentukan antibodi (Baratawidjaja, 2006).

Suatu molekul dapat dikatakan antigen apabila molekul tersebut mempunyai sifat *immunogenicity* dan *antigenicity*. *Immunogenicity* sendiri adalah kemampuan suatu molekul untuk menginduksi respon imunitas spesifik dan antigen yang mempunyai sifat ini sering disebut sebagai *immunogen*. Sedangkan *antigenicity* adalah kemampuan suatu molekul untuk bereaksi secara spesifik dengan produk-produk yang dihasilkan oleh respon imunitas yang diinduksinya (Kuby, 1992; Kelgert, 1996).

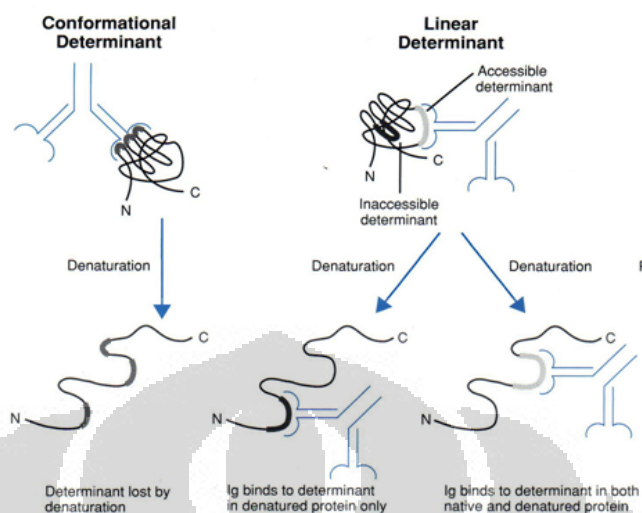
Tidak semua bagian pada molekul antigen yang menginduksi respon imunitas, namun ada bagian tertentu dari antigen yang menginduksinya. Bagian antigen yang menginduksi respon imunitas ini dinamakan *antigenic determinat (epitope)*, yang berikatan dengan *antigen-binding site* (situs pengikatan antigen) pada antibodi maupun reseptor *lymphocyte*. Semakin banyak *antigenic determinat* yang dimiliki suatu antigen, maka respon

imunitas yang ada akibat antigen tersebut akan semakin beragam (Kuby, 1992; Abbas, *et al.*, 1994; Kelgert, 1996).

Berdasarkan bentuknya, terdapat dua jenis *epitope*. Jenis yang pertama adalah *linear* atau *sequential determinant*, yakni *epitope* yang dibentuk oleh residu asam amino yang berdekatan pada sekuen protein. Dan jenis yang kedua adalah *conformational determinant*, yakni *epitope* yang dibentuk oleh residu asam amino dengan porsi terpisah pada sekuen asam amino linear namun berdekatan karena *folding* akhir protein. Apabila suatu antigen mengalami modifikasi seperti *proteolysis* spesifik, maka strukturnya pun berubah dan menghasilkan *epitope* baru yang diebut dengan *neoantigenic determinant* (Gambar 3) (Abbas *et al.*, 1994; Kelgert, 1996).

Kebanyakan antigen merupakan molekul protein berukuran besar dengan struktur kompleks dan memiliki berat molekul lebih dari 10.000 Da. Protein biasanya memiliki kekuatan antigenik yang besar (*immunogenic*) karena protein memiliki struktur yang jauh lebih kompleks dibandingkan polisakarida. Protein kompleks dapat memiliki beberapa *epitopes* (*antigenic determinants*) yaitu suatu area pada permukaan molekul tempat antibodi dapat berikatan (Black, 1999).

Salah satu respon yang penting dari sistem imun terhadap adanya suatu zat asing adalah dengan menghasilkan antibodi. Tiap jenis antibodi akan berikatan dengan *epitope* yang spesifik (Black, 1999).



Gambar 3. Tipe *antigenic determinant* (Abbas *et al.*, 1994).

2.7.3 Komponen Sistem Imunitas

Organ-organ dari sistem imunitas terletak di seluruh bagian tubuh. Organ-organ ini dinamakan organ *lymphoid* karena merupakan organ tempat sel darah putih, *lymphocyte*, yang mempunyai peranan penting dalam sistem imunitas. Sistem imunitas terdiri dari banyak sel, yang tidak hanya berupa sel *lymphocyte* namun juga *phagocyte*. Untuk bekerja secara efektif, sel-sel imunitas berkomunikasi satu sama lain dengan kontak secara fisik atau dengan melepaskan sinyal kimia, yang dinamakan *cytokine* (Tannock dan Hill, 1998). Semua sel imunitas pada mulanya adalah sel *stem* pada sumsum tulang. Sel-sel ini kemudian berkembang menjadi sel imunitas yang spesifik,

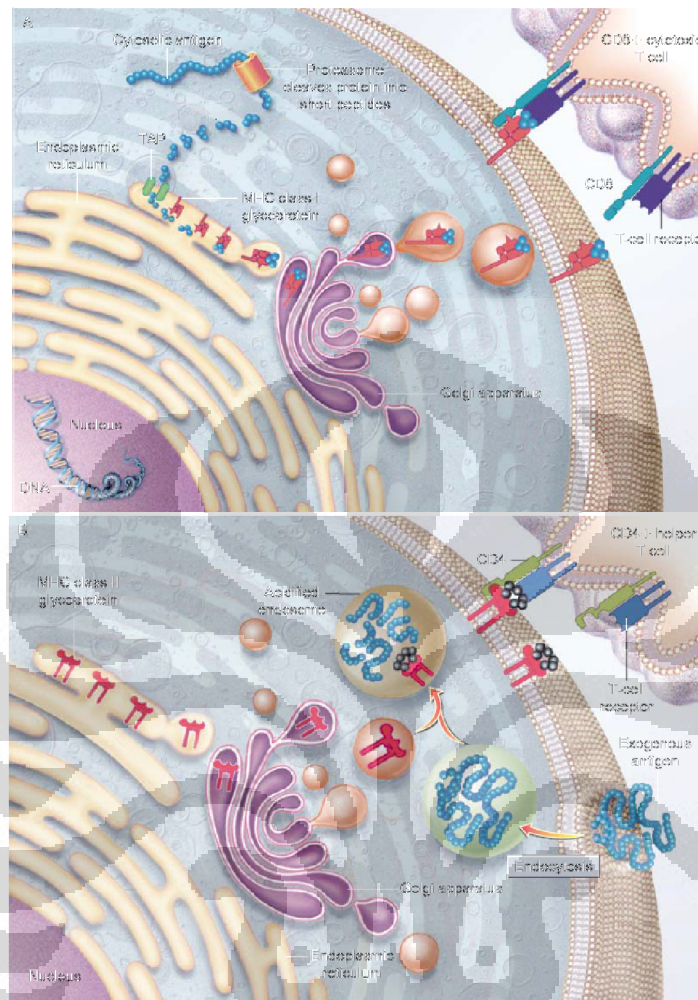
seperti *T-cell*, *B-cell*, dan *phagocyte*, dikarenakan mereka menerima signal dan *cytokine* yang berbeda-beda (Roeslan, 2002; www.niaid.nih.gov, 5 November 2007, 20:55 WIB).

Secara umum, *B-cell* dan *T-cell* merupakan tipe utama dari *lymphocyte*. *B-cell* bertugas mensekresikan molekul antibodi, sebagai respon dari adanya antigen, ke seluruh cairan tubuh. Namun antibodi tidak mempunyai kemampuan untuk melakukan penetrasi ke dalam sel, sehingga tugas menyerang sel target, baik sel yang telah terinfeksi oleh virus maupun sel yang bersifat kanker, dijalankan oleh *T-cell* dan komponen imunitas yang lain. Setiap *B-cell* memproduksi satu antibodi yang spesifik. Ketika *B-cell* menemukan antigen, maka ia akan merangsang perkembangan banyak sel plasma, masing-masing sel plasma akan memproduksi satu antibodi yang identik dan kemudian molekul-molekul antibodi akan menuju ke aliran darah. Sebuah antigen berpasangan dengan sebuah molekul antibodi seperti kunci dan gembok. Pada saat antigen dan antibodi saling berikatan, maka antigen tersebut ditandai oleh molekul antibodi untuk dilakukan perusakan (Alberts, *et al.*, 2002).

Tidak seperti *B-cell*, *T-cell* tidak mengenali antigen bebas pada aliran darah, namun ia mengenal antigen melalui reseptor mirip antibodi yang terletak di permukaannya. *T-cell* mengenalinya melalui fragmen antigen yang ada pada sel yang terinfeksi. *T-cell* berkontribusi dalam sistem imunitas dengan dua cara: sebagian mengatur respon imunitas dan sebagian langsung menyerang sel yang telah terinfeksi. Cara yang pertama dilakukan

oleh *Helper T-cell*, atau *Th-cell*, yang mengkoordinasikan respon imunitas dengan cara berkomunikasi dengan sel-sel lain. Ada yang bertugas menstimulasi *B-cell* untuk memproduksi antibodi, ada yang mengaktivasi *phagocyte*, dan ada yang mengaktivasi *T-cell* lainnya. Cara yang kedua dilakukan oleh *killer T-cell*, atau *cytotoxic T lymphocyte* (CTLs) yang membunuh sel yang memiliki molekul asing atau abnormal pada permukaan selnya. CTLs sangat berguna untuk menyerang virus karena ia mampu mengenali fragmen kecil dari virus yang ada pada membran sel tempat virus bersembunyi, dan kemudian menyerang dan membunuh sel tersebut (Tannock dan Hill, 1998).

Pada banyak kasus, *T-cell* hanya mengenali antigen apabila antigen tersebut dibawa ke permukaan sel oleh molekul *major histocompatibility complex* (MHC). MHC sendiri disandi oleh kompleks gen besar yang secara struktural dan fungsional dibagi atas dua kelas: protein MHC kelas I yang menampilkan fragmen antigen pada CTLs dan protein MHC kelas II yang menampilkan fragmen antigen pada *Th-cell*. Protein MHC kelas I akan berikatan dengan fragmen peptida dari protein antigen intraseluler setelah antigen diproses oleh *proteosome*, suatu kompleks protease sitoplasma, dan kemudian ditampilkan pada permukaan sel target atau pada *antigen presenting cell*. Sedangkan protein MHC kelas II akan berikatan dengan fragmen peptida dari protein antigen ekstraseluler (Gambar 4) (Tannock dan Hill, 1998; Alberts *et al.*, 2002).



Gambar 4. Pengenalan fragmen protein asing pada MHC oleh *T-cell* (McDonnell and Askari, 1996).

Pada manusia, antigen permukaan tersebut untuk pertama kali digambarkan pada leukosit. Pada penderita yang telah mendapat transfusi darah berulang kali seperti pada 20-30% mulltipara ditemukan antibodi yang dapat menggumpalkan leukosit. Oleh karena itu timbul istilah *Human Leukocyte Antigen* (HLA). Serum dari penderita tersebut sering digunakan

untuk menentukan tipe-tipe protein tersebut. Oleh karena itu molekul HLA sering juga dianggap antigen (Baratawidjaja, 2006).

HLA adalah MHC pada manusia sedangkan MHC pada tikus disebut H2. Locus genetik yang menentukan molekul HLA yang pertama ditemukan adalah HLA-A dan HLA-B, kemudian ditemukan HLA-C yang sekarang semuanya digolongkan sebagai HLA kelas 1. Protein-protein tersebut ditemukan pada permukaan limfosit. Molekul MHC kelas I dan kelas II berperan dalam pengenalan imun, yaitu pada presentasi fragmen antigen kepada *sT-cell* (Baratawidjaja, 2006).

2.7.4 Imunologi Virus

Virus merupakan suatu partikel yang mengandung bahan genetik berupa DNA atau RNA yang diselubungi lapisan dari protein atau lipoprotein. Respon imun terhadap protein virus melibatkan *T-cell* dan *B-cell*. Antigen virus menginduksi antibodi yang dapat menetralsasi virus dan *T-cell* yang spesifik (Baratawidjaja, 2006).

Prinsip mekanisme imunitas non-spesifik terhadap virus adalah mencegah infeksi. Efektor yang berperan adalah IFN (*Interferon*) tipe I dan sel NK (*Natural killer cell*) yang membunuh sel terinfeksi. IFN tipe I mencegah replikasi virus dalam sel terinfeksi. Sel NK membunuh sel yang terinfeksi oleh berbagai jenis virus dan merupakan efektor imunitas penting

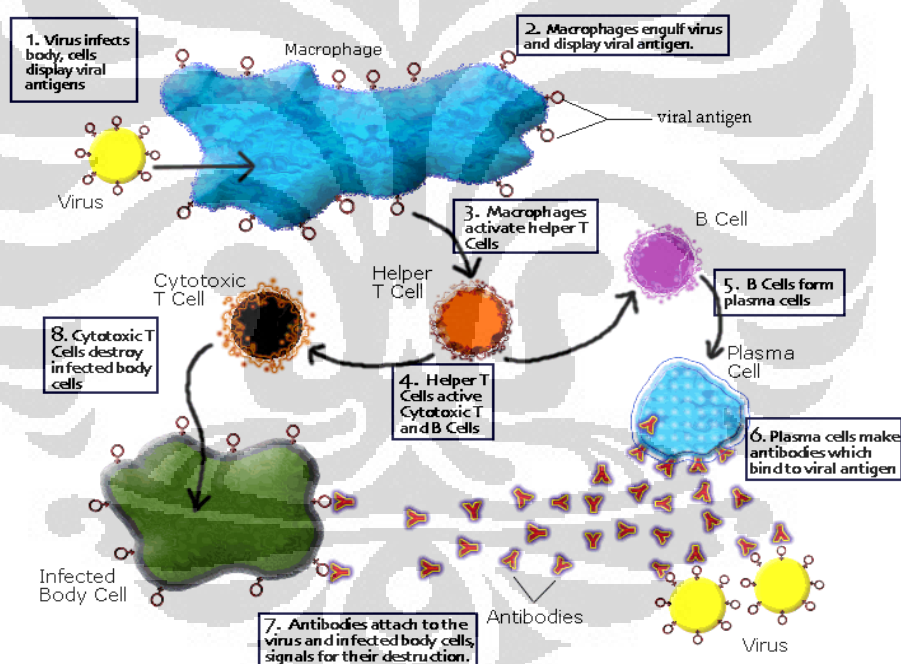
terhadap infeksi dini virus, sebelum respon imun spesifik berkembang. Sel NK mengenal sel terinfeksi yang tidak mengekspresikan MHC kelas I (Baratawidjaja, 2006).

Antibodi merupakan efektor dalam imunitas humoral terhadap infeksi virus. Virus dapat dikenali pada awal infeksi sebelum masuk ke dalam sel. Antibodi dapat menetralkan virus, mencegah virus menempel pada sel dan masuk ke dalam *host*. Antibodi berikatan dengan virus *envelope* atau antigen kapsid (Baratawidjaja, 2006).

Respon sistem imun spesifik melibatkan dua kelompok besar sel, yaitu *lymphocytes* dan *antigen-presenting cells* (APC). *Lymphocytes* mampu mengenali antigen dengan memakai reseptor membran yang spesifik untuk target. Dua kelompok *lymphocytes* yang utama yaitu *B lymphocytes* (*B-cells*) dan *T lymphocytes* (*T-cells*). Ketika *B-cell* bertemu antigen yang memiliki *membrane-bound antibody* yang spesifik, sel akan mulai membelah secara cepat, kemudian mendiferensiasi menjadi *memory B-cell* dan sel plasma. Reseptor *T-cell* hanya dapat mengenali antigen bila terikat dengan *membrane-bound proteins* yang diketahui sebagai molekul MHC. Pada saat *T-cell* bertemu antigen yang terikat dengan sebuah molekul MHC, *T-cell* dapat berproliferasi dan berdiferensiasi menjadi *memory T-cell* dan *effector T-cell* (Kuby, 1992).

Pada banyak kasus, *T-cell* hanya mengenali antigen apabila antigen berikatan dengan molekul MHC, selanjutnya antigen akan diekspresikan bersama dengan molekul MHC pada permukaan APC atau pada sel yang

terinfeksi oleh virus. *T-cell* yang mengekspresikan $CD4^+$ mengenali antigen ekstraselular yang terikat dengan molekul MHC kelas II dan berkembang menjadi *T helper* (*Th-cell*) yang berfungsi mengaktifkan *macrophage* untuk membunuh virus/bakteri. Sedangkan *T-cell* yang mengekspresikan $CD8^+$ mengenali antigen intraselular yang terikat dengan molekul MHC kelas I dan berkembang menjadi *T cytotoxic cell* (CTLs) yang berfungsi menghancurkan sel yang terinfeksi virus (Gambar 5) (Kuby, 1992; Baratawidjaja, 2006).



Gambar 5. Respon sistem imunitas pada virus

(<http://www.biologycorner.com/bio3/notes-immunology.html>, 1

Februari 2008, 10:23 WIB).

2.8 Protein

Protein adalah suatu molekul yang besar dan kompleks, terdiri dari asam-asam amino, dan juga sering disebut sebagai polipeptida. Urutan asam-asam amino ditentukan oleh sekuen dari pasangan basa pada gen yang mengkodennya. Protein sangat esensial bagi struktur, fungsi, dan metabolisme dalam tubuh manusia. Molekul yang termasuk ke dalam golongan protein antara lain adalah hormon, enzim, dan antibodi (Baxevanis dan Ouellette, 2005).

2.9 Vaksin

2.9.1 Definisi dan Ruang Lingkup

Vaksin merupakan senyawa yang mengandung antigen agar sistem imun dapat memberikan responnya, sehingga dapat menghasilkan kekebalan aktif untuk mencegah atau memperbaiki efek dari infeksi. Vaksin dianggap salah satu dari intervensi medis yang paling berhasil mencegah infeksi penyakit (Hilleman, 2000).

Antigen dapat berasal dari organisme yang telah mati (*killed/inactivated vaccines*), organisme hidup yang dilemahkan (*Live Attenuated Vaccine*),

toksin yang telah dinonaktifkan (toksoid), dan DNA mikroorganisme patogen yang mengandung antigen (DNA *Vaccine*) (Rengganis, 2006).

2.9.2 Vaksin DNA

Vaksin DNA merupakan salah satu teknologi terbaru dari pengembangan vaksin. Vaksin DNA tidak menggunakan protein atau peptida tetapi menggunakan gen penyandi protein ke dalam host. Gen ini biasanya diekspresikan dari eukariotik vektor, yang menggunakan mesin transkripsi dan translasi dari sel *transfected eukaryotik* untuk menghasilkan protein. Vaksin DNA terdiri dari plasmid yang telah dimodifikasi yaitu mengandung promotor eukariot, *poly adenylation signal* untuk efisiensi transkripsi dari gen vaksin yang digunakan, bagian replikasi dari bakteri dan gen resistensi antibiotik untuk amplifikasi dan pemilihan media. Gen yang diminati disisipkan kedalam plasmid pada multiple cloning site (MCS), letaknya antara promotor dan *poly adenylation signal* (Toapanta, 2006).

Vaksin DNA dapat di suntikan dalam beberapa rute. Intramuscular (I.M) (jarum suntik) dan intradermal (I.D) atau *gene gun* (G.G) merupakan rute umum yang digunakan dari imunisasi vaksin DNA. Kedua rute penyuntikan ini memberikan respon imun selular dan humoral (Toapanta, 2006).

2.10 Plasmid

Plasmid merupakan molekul DNA yang terpisah dari kromosom DNA dan mampu mereplikasi sendiri. Plasmid memiliki ukuran yang bervariasi dari mulai 1 sampai lebih dari 400 *kilo base pair* (kbp). Dalam satu sel bisa terdiri dari 1 *copy* plasmid hingga ratusan *copy* plasmid bahkan ada yang bisa mencapai ribuan *copy* plasmid (<http://en.wikipedia.org/wiki/plasmid.htm>, 5 November 2007, 20:40 WIB).

Plasmid adalah vektor bakteri yang berfungsi sebagai kendaraan untuk membawa sekuens DNA asing ke dalam sel inang. Plasmid berbentuk DNA lingkaran yang ada secara terpisah dari kromosom utama bakteri. Plasmid dapat digunakan sebagai alat untuk mempropagasi jumlah besar dari sekuens DNA sebagai cara untuk mengekspresikan gen asing pada sel inang (Miclos *et al.*, 2003).

Kebanyakan plasmid terdapat dalam bentuk molekul DNA lingkaran yang berunting rangkap. Apabila kedua unting DNA merupakan lingkaran utuh, molekulnya digambarkan sebagai lingkaran tertutup kovalen (*covalently closed circle*). Apabila hanya satu unting yang utuh, molekulnya digambarkan sebagai lingkaran terbuka (*open circle*). Ketika dipisahkan dari sel, lingkaran tertutup kovalen sering memiliki defisiensi lengkungan pada heliks rangkap sedemikian sehingga mereka memiliki konfigurasi kumparan terpilin. Karena adanya perbedaan konfigurasi struktural, DNA kumparan terpilin dan DNA lingkaran terbuka terpisah pada elektroforesis dengan gel

agarosa. Penambahan agen interkelating, seperti etidium bromida, ke DNA kumparan terpilin menyebabkan terurainya pilinan plasmid. Apabila jumlah etidium bromida berlebihan maka plasmid akan memilin kembali pada arah yang berlawanan. Fakta ini digunakan untuk pemisahan DNA plasmid (Old dan Primrose, 1989).

Pada penelitian ini digunakan plasmid pCMV-HA ini memiliki 3782 *base pair (bp)* yang memenuhi syarat-syarat untuk dapat dijadikan vektor vaksin DNA antara lain memiliki promotor eukariot yaitu promotor CMV, memiliki *signal polyadenylation*, memiliki bagian replikasi dari bakteri dan gen resistensi antibiotik (<http://www.clontech.com>, 1 Februari 2008, 10:33 WIB).

2.11 DNA Rekombinan

Teknologi DNA rekombinan telah membawa revolusi biologi dan menimbulkan dampak bagi banyak bidang, antara lain kedokteran, biomedis, pertanian dan sektor industri lainnya. Di dalam teknologi rekombinan, rekombinasi adalah suatu proses yang melibatkan satu atau lebih segmen nukleotida yang disusun ulang atau melakukan kombinasi sehingga menghasilkan sesuatu yang baru. Biasanya material genetik dari kedua induk digabungkan untuk memproduksi suatu gen rekombinan yang mempunyai genotip yang berbeda. Perubahan pada tingkat genotip biasanya

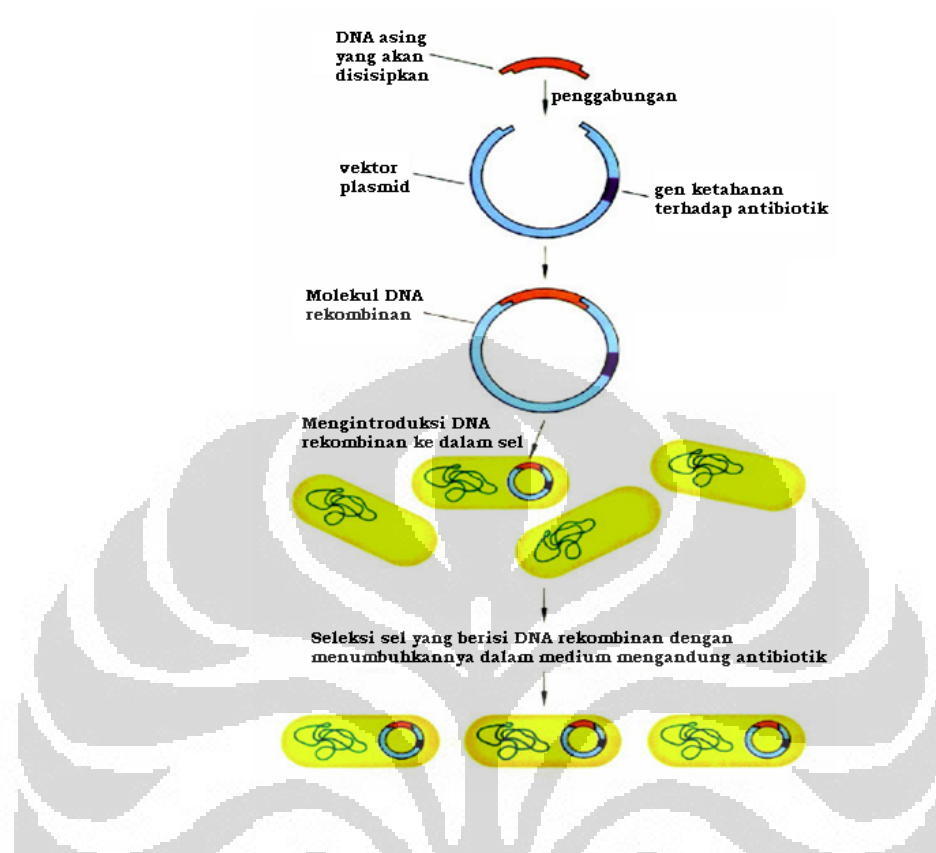
ikut mempengaruhi perubahan fenotip suatu organisme (Prescott *et al.*, 2003).

DNA rekombinan merupakan gabungan antara DNA vektor dengan DNA asing yang biasanya merupakan gen. Teknologi DNA rekombinan berkembang pesat karena ditemukannya berbagai sarana yang menunjang, antara lain, PCR, enzim restriksi, enzim ligase, plasmid dan *host* yang direkayasa (Muladno, 2002).

Kloning gen merupakan teknik untuk membuat DNA rekombinan yang meliputi pemotongan, penyisipan, penggabungan, introduksi dan penyeleksian gen yang diinginkan (Gambar 6).

Teknologi DNA Rekombinan merupakan terobosan besar dalam ilmu biologi yang dapat merevolusi ilmu-ilmu yang lain seperti ilmu kedokteran. DNA rekombinan ini telah digunakan untuk pengembangan antibiotik, hormon, dan pencegahan penyakit (Knight, 2002).

Vektor yang digunakan haruslah memiliki empat karakteristik yaitu memiliki kemampuan mereplikasi di dalam sel *host*, memiliki sekuen *recognition* untuk enzim restriksi sehingga vector dapat dipotong dan dikombinasikan dengan DNA baru, memiliki *reporter gene* yang dapat menunjukkan kehadirannya didalam sel *host*, dan ukuran yang kecil dibandingkan dengan kromosom *host* (Vurfes *et al.*, 2004).



Gambar 6. Tahap-tahap Teknologi DNA rekombinan

(<http://www.ust.hk/roundtable/hi-tech.series/1-b.html>, 1 Februari 2008, 10:37 WIB).

Perangkat yang digunakan dalam teknologi DNA rekombinan adalah perangkat-perangkat yang ada pada bakteri. Perangkat tersebut antara lain adalah: enzim restriksi, enzim DNA ligase, plasmid, transposon, pustaka genom, enzim transkripsi balik, pelacak DNA/RNA. Enzim restriksi digunakan untuk memotong DNA. Enzim DNA ligase digunakan untuk menyambung DNA. Plasmid digunakan sebagai vektor untuk mengklonkan gen atau mengklonkan fragmen DNA atau mengubah sifat bakteri. Transposon

digunakan sebagai alat untuk melakukan mutagenesis dan untuk menyisipkan penanda. Pustaka Genom digunakan untuk menyimpan gen atau fragmen DNA yang telah diklonkan. Enzim transkripsi balik digunakan untuk membuat DNA berdasarkan RNA. Pelacak DNA/RNA digunakan untuk mendeteksi gen atau fragmen DNA yang diinginkan atau untuk mendeteksi klon yang benar.

Berdasarkan mekanisme bakteri, perangkat bakteri, dan beberapa teknik diatas, DNA rekombinan dapat dibuat paling tidak melalui tiga pendekatan, yaitu:

1. Mengestraksi DNA total suatu organisme, memotong DNA total menjadi fragmen-fragmen, memilih fragmen yang dikendaki, mengklonkan fragmen yang telah terpilih,
2. Mengestraksi DNA total suatu organisme, memotong DNA total menjadi fragmen-fragmen, mengklonkan semua fragmen DNA pada vektor yang sesuai, menguji setiap klon untuk mendapatkan gen yang diinginkan,
3. Sintesis gen atau fragmen DNA yang diinginkan secara langsung dan mengklonkan gen atau fragmen DNA hasil sintesis

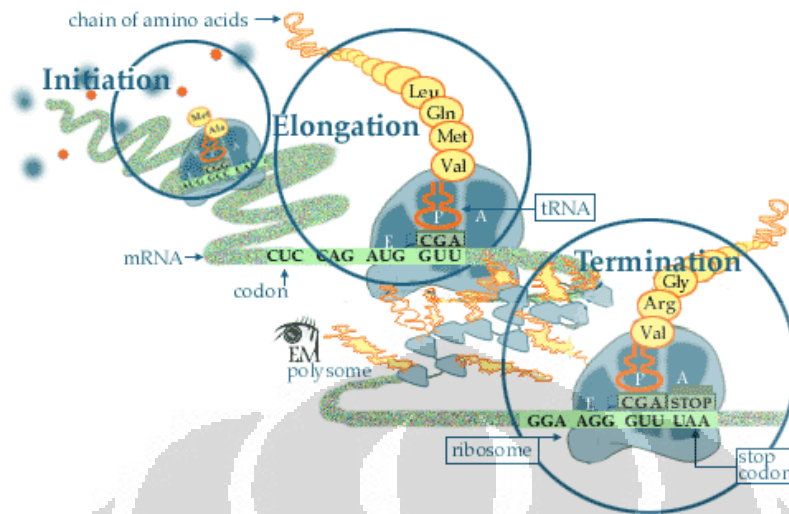
<http://bima.ipb.ac.id/~tpb-ipb/materi/genetika/dnarekombinan.html>, 1

Februari 2008, 10:17 WIB).

2.12 Translasi

Translasi berlangsung di dalam ribosom. Ribosom disusun oleh molekul-molekul rRNA dan beberapa macam protein. Pada jasad prokaryot, translasi sudah dimulai sebelum proses transkripsi (sintesis mRNA) selesai dilakukan. Dengan demikian, proses transkripsi dan translasi pada prokaryot berlangsung secara hampir serentak. Sebaliknya, pada eukaryot proses translasi baru dapat berlangsung jika proses transkripsi sudah selesai dilakukan. Hal ini disebabkan oleh adanya perbedaan struktur sel diantara prokaryot dengan eukaryot (Yuwono, 2005).

Proses translasi berlangsung melalui tiga tahapan utama. Pertama inisiasi (*initiation*), kedua pemanjangan (*elongation*) poli-asam amino, dan ketiga pengakhiran (*termination*) (Gambar 7). Sebelum inisiasi translasi dilakukan, diperlukan molekul tRNA (aminoasil tRNA) yang berfungsi membawa asam amino spesifik. Oleh karena itu, ada sekitar 20 macam tRNA yang masing-masing membawa asam amino spesifik, karena di alam ada sekitar 20 asam amino yang menyusun protein alami. Masing-masing asam amino diikatkan pada tRNA spesifik melalui proses yang disebut sebagai tRNA *charging* (penambahan muatan berupa asam amino) (Yuwono, 2005).



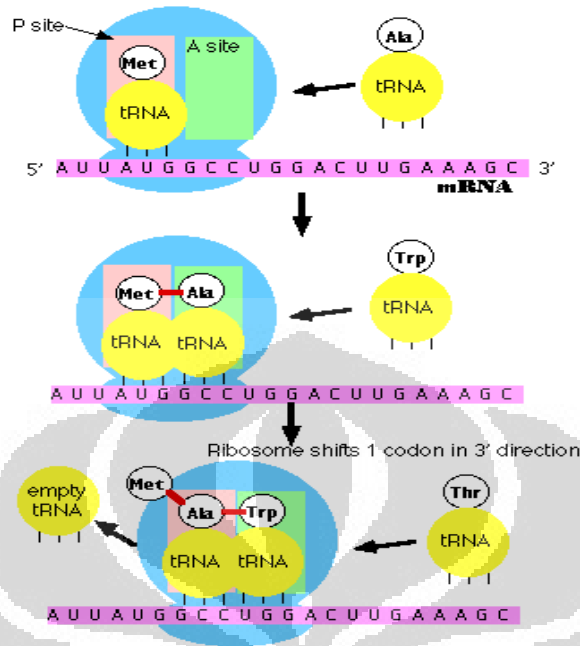
Gambar 7. Proses inisiasi, pemanjangan dan terminasi yang ditandai dengan adanya stop kodon UAA pada ribosom

(http://www.nobelprize.org/educational_games/medicinal/dna/a/translation/elongation.html, 2 Februari 2008, 09:37 WIB).

Semua tRNA mempunyai 3 basa yang sama pada ujung 3' yaitu CCA dan penambahan muatan asam amino dilakukan pada residu adenosin (A). Asam amino diikatkan pada tRNA melalui ikatan ester antara gugus karboksilnya dan gugus hidroksil 2' atau 3' yang ada pada adenosin paling ujung. Reaksi pengikatan tersebut dilakukan oleh enzim aminoasil tRNA sintase melalui dua tahapan reaksi. Reaksi pertama adalah aktivasi asam amino dengan menggunakan ATP sebagai sumber energi dan menghasilkan aminoasil-AMP. Selanjutnya energi pada aminoasil-AMP (yang berupa AMP) digunakan untuk memindahkan gugus asam amino ke tRNA sehingga menghasilkan aminoasil-tRNA (Yuwono, 2005).

Ada beberapa perbedaan dalam proses inisiasi translasi antara prokaryot dan eukaryot. Pada eukaryot kodon inisiasi adalah metionin (pada prokaryot formil metionin). Molekul tRNA inisiator disebut $tRNA_i^{Met}$. Ribosom bersama-sama dengan $tRNA_i^{Met}$ dapat menemukan kodon awal dengan cara berikatan dengan ujung 5' (tudung), kemudian melakukan pelarikan (scanning) transkripsi ke arah 3' sampai menemukan kodon awal (AUG pada mRNA). Menurut scanning tersebut ribosom memulai translasi pada waktu menjumpai AUG yang pertama kali. Meskipun demikian, penelitian pada 699 mRNA eukaryot menunjukkan bahwa sekitar 5-10% AUG yang pertama bukanlah kodon inisiasi. Sekuens AUG yang dikenali sebagai kodon inisiasi adalah sekuens yang terletak pada sekuens konsensus CCRCCAUGG (R adalah purin: A atau G). Pengenalan sekuens AUG sebagai kodon inisiasi banyak ditentukan oleh $tRNA_i^{Met}$. Perubahan antikodon pada $tRNA_i^{Met}$ menyebabkan dikenalnya kodon lain sebagai kodon inisiasi (Yuwono, 2005).

Proses pemanjangan polipeptida disebut sebagai proses elongation yang secara umum mekanisme pada prokaryot dan eukaryot adalah sama. Proses pemanjangan terjadi dalam tiga tahapan. Pertama pengikatan aminoasil-tRNA pada sisi A yang ada pada ribosom (Gambar 8). Kedua pemindahan rantai polipeptida yang tumbuh dari tRNA pada sisi P ke arah sisi A dengan membentuk ikatan peptida. Ketiga translasi ribosom sepanjang mRNA ke posisi kodon selanjutnya yang ada di sisi A (Yuwono, 2005).



Gambar 8. Proses pembentukan protein pada ribosom. P *site* merupakan awal pembentukan metionin dan A *site* merupakan sisi pemanjangan pembentukan protein (<http://users.rcn.com/jkimball.ma.ultranet/BiologyPages/T/Translation.html>, 1 Februari 2008, 09:12 WIB).

Proses pemanjangan berlangsung dengan sangat cepat. Pada *E. coli* ketiga tahapan proses untuk menambahkan satu asam amino ke polipeptida yang sedang tumbuh memerlukan waktu sekitar 0,05 detik. Dengan demikian sintesis polipeptida yang terdiri atas 300 asam amino hanya memerlukan waktu selama 15 detik. Ribosom membaca kodon-kodon pada mRNA dari ujung 5' ke 3'. Hasil proses translasi adalah molekul polipeptida yang mempunyai ujung amino dan ujung karboksil. Ujung amino adalah yang

pertama kali disintesis dan merupakan hasil penerjemahan kodon yang terletak pada ujung 5' mRNA, sedangkan ujung terakhir yang disintesis adalah gugus karboksil. Ujung karboksil merupakan hasil penerjemahan kodon yang terletak pada ujung 3' mRNA (Yuwono, 2005).

Translasi akan berakhir pada waktu salah satu dari ketiga kodon terminasi (UAA, UGA, UAG) yang ada pada mRNA mencapai posisi A pada ribosom (Gambar 7). Dalam keadaan normal tidak ada aminoasil-tRNA yang membawa asam amino sesuai dengan ketiga kodon tersebut. Oleh karena itu, jika ribosom mencapai salah satu dari ketiga kodon terminasi tersebut maka proses translasi akan berakhir. Pada *E. coli*, ketiga sinyal penghentian proses translasi tersebut dikenali oleh suatu protein yang disebut *release faktor* (RF), misalnya RF1 yang mengenali kodon UAA atau UAG, RF2 mengenali UAA atau UGA. Pada eukaryot hanya ada satu *release faktor* (RF) yaitu eRF yang mengenali ketiga kodon terminasi tersebut. Penempelan protein RF pada kodon terminasi tersebut mengaktifkan enzim peptidil transferase yang menghidrolisis ikatan antara polipeptida dengan tRNA dan menyebabkan tRNA yang kosong mengalami translokasi. Polipeptida yang sudah dipotong dari tRNA tersebut selanjutnya lepas dari ribosom (Yuwono, 2005).

2.13 Bioinformatika

2.13.1 Definisi dan Ruang Lingkup

Bioinformatika adalah gabungan antara ilmu biologi dan ilmu teknik informasi (TI). Bioinformatika adalah aplikasi dari alat komputasi dan analisis untuk menangkap dan menginterpretasikan data-data biologi. Ilmu ini merupakan ilmu baru yang merangkul berbagai disiplin ilmu termasuk ilmu komputer, matematika, fisika, biologi, dan ilmu kedokteran yang kesemuanya saling menunjang dan saling bermanfaat satu sama lainnya (Utama, 2003).

Bioinformatika menjadi penting karena perkembangan teknologi informasi dan peningkatan ilmu komputer, khususnya pada bidang biologi molekuler, membuka sudut pandang baru dalam menyelesaikan persoalan biologi molekuler (Baxevanis dan Oullette, 2001).

Khusus di bidang virologi (ilmu virus), kemajuan bioinformatika telah berperan dalam mempercepat kemajuan ilmu ini. Sebelum kemajuan bioinformatika, untuk mengklasifikasikan virus kita harus melihat morfologinya terlebih dahulu. Untuk melihat morfologi virus dengan akurat, biasanya digunakan mikroskop elektron yang harganya sangat mahal sehingga tidak bisa dimiliki semua laboratorium. Selain itu, kita harus bisa mengisolasi dan mendapatkan virus itu sendiri (Utama, 2003).

2.13.2 Database

Database adalah kumpulan data yang diatur sedemikian rupa untuk memudahkan penggunaannya. Pada *database* bioinformatika, data yang diatur merupakan data sekuen DNA atau protein yang didapat melalui percobaan laboratorium yang biasanya disimpan dalam *file* komputer. Setiap *file* dari suatu sekuen berisi informasi mengenai asal organisme, nama sekuen, dan juga nomor akses yang digunakan untuk mengidentifikasi sekuen tersebut (Mount, 2004).

2.13.3 Influenza Virus Resource (IVR-NCBI)

National Center for Biotechnology Information (NCBI) didirikan oleh *U.S. National Library of Medicine* dan *National Institute of Health* sejak 1988, dengan tujuan utamanya sebagai *database* informasi biologi molekuler khususnya terkait kesehatan manusia dan penyakit. Selain itu juga untuk penelitian *computational biology*, pengembangan *software* untuk analisis data *genome*, menyimpan dan mendistribusikan *biomedical information*.

Server Influenza Virus Resource yang terintegrasi dalam *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) menyimpan dan mendistribusikan data virus *influenza* yang didapatkan dari *NIAID Influenza Genome Sequencing Project* dan *GenBank*.

2.13.4 GenBank Flatfile Format

Diantara format-format *database* yang ada, *GenBank FlatFile Format* (GBFF) dan FASTA merupakan format yang umum digunakan pada bioinformatika. GenBank merupakan suatu institusi yang menyimpan dan mengelola database urutan DNA suatu gen dan ekspresi asam aminonya. Urutan DNA diperoleh dari berbagai penelitian yang dengan sukarela mempublikasikan hasil penelitiannya untuk masyarakat umum. GenBank didirikan oleh *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) bersama dengan *DNA Data Bank of Japan* dan *European Bioinformatics Institute* (EBI) (Baxevanis dan Oullette, 2001).

GBFF sendiri merupakan suatu format yang memiliki 3 bagian terpisah yang memiliki informasi yang berbeda. Bagian *header* pada GBFF berisi tentang informasi identitas organisme asal sekuen nukleotida atau asam amino seperti nama gen, waktu publikasi, nomor akses, produk ekspresi, dan nama peneliti yang memetakan sekuen nukleotida tersebut. Sedangkan bagian *feature*nya yang ada di bagian tengah GBFF merupakan bagian terpenting yang memuat nama *genus*, spesies, jaringan, kromosom, galur, dan organisme asal sekuen DNA, beserta daerah gen, urutan asam amino yang disandi, dan nomor identitas produk proteinnya. Bagian terakhir GBFF merupakan bagian yang berisi susunan lengkap nukleotida dari organisme yang bersangkutan. FASTA sendiri merupakan format yang lebih kecil dan sederhana dari GBFF. Format ini hanya berupa satu baris identitas sekuen

yang diikuti oleh sekuen itu sendiri tanpa angka. Oleh karena itu, format FASTA merupakan format yang sering digunakan dalam analisis sekuen (Baxevanis dan Ouellette, 2001; Mount, 2004).

2.13.5 Multiple Sequence Alignments

Sequence Alignment merupakan metode penjajaran dua atau lebih sekuens DNA atau asam amino menggunakan algoritma tertentu dengan bantuan komputer, sehingga didapatkan area yang memiliki urutan relatif identik satu sama lain. Metode ini berfungsi mencari kesamaan (konservatifitas) dan homologi antar sekuens nukleotida DNA. Konservatifitas menunjukkan adanya hubungan evolusi antara dua atau lebih sekuens nukleotida yang mengalami perubahan, seperti substitusi, insersi, dan delesi. Suatu area sekuens nukleotida yang tidak memiliki kesamaan dengan sekuens nukleotida yang lain menunjukkan telah terjadinya substitusi (Baxevanis dan Ouellette, 2001).

Berdasarkan jumlah sekuens yang digunakan, *sequence alignment* dibagi menjadi dua jenis, yaitu *pairwise alignment* jika melibatkan dua sekuens dan *multiple sequence alignment* jika melibatkan lebih dari dua sekuens. *Multiple sequence alignment* memberikan hasil yang lebih akurat dan representatif dibandingkan *pairwise sequence alignment*, karena peningkatan jumlah input sekuens meningkatkan kepercayaan dan akurasi

output. Peningkatan jumlah sekuens yang dimasukkan berarti meningkatkan kompleksitas proses *sequence alignment* (Baxevanis dan Ouellette, 2001).

2.13.6 Conserved Region

Conserved region menunjukkan bahwa suatu sekuens dipertahankan selama proses evolusi berlangsung, diperkirakan karena sekuens tersebut berperan vital dalam aktivitas biologis. Jika *conserved region* tersebut menyandi suatu protein, kemungkinan besar ia menyandi pusat aktif enzim yang umumnya tidak berubah selama protein tersebut mempunyai fungsi yang sama. Walaupun demikian, tidak tertutup kemungkinan bahwa *conserved region* itu terbentuk dari sekuens nukleotida non-fungsional yang belum sempat berubah sehingga menyandikan area yang tidak memiliki fungsi penting pada protein (Baxevanis dan Oullette, 2001).

2.13.7 Epitope Prediction Server

Epitope prediction server adalah *server* yang mampu memprediksi *epitope* yang terdapat pada suatu antigen, dengan bantuan dari penggunaan metode algoritma. Saat ini, telah tersedia berbagai macam *epitope prediction server*, baik untuk *sequential* maupun *conformational epitope*, yang dapat

diakses melalui jaringan internet (Kulkarni-Kale *et al.*, 2005; Zhang *et al.*, 2005).

2.13.8 Database Similarity Searching

Sequence alignment digunakan untuk membandingkan pasangan sekuens yang spesifik. Untuk suatu sekuens yang belum diketahui pembandingnya digunakan *database similarity searching*, yang mana sekuens tersebut dicari kecocokannya dengan sekuens yang terdapat dalam *database* dan hasilnya berupa suatu daftar (*hit list*) beserta berbagai nilai dan statistik (Baxevanis dan Oullette, 2001).

Program pertama kali yang dipakai secara luas dalam *database similarity searching* adalah FASTA (Lipman dan Pearson, 1985). Program *Basic Local Alignment Search Tool* (BLAST) dikembangkan sesuai dengan tipe sekuens *query* dan *subject*, protein atau nukleotida. Jika tipe sekuens berbeda, sekuens nukleotida akan terlebih dahulu ditranslasikan oleh program. BLASTp digunakan untuk *query* protein terhadap *subject* protein, BLASTn digunakan untuk *query* nukleotida (ditranslasikan) terhadap *subject* protein, TBLASTn digunakan untuk *query* protein terhadap *subject* nukleotida (ditranslasikan), yang terakhir adalah TBLASX dimana sekuens *query* dan *subject* merupakan nukleotida, tetapi keduanya ditranslasikan terlebih dahulu dan dibandingkan sebagai protein (Baxevanis dan Ouellette, 2001).

BAB III

METODE PENELITIAN

Penelitian yang dilakukan adalah penelitian *in silico* menggunakan data sekuen protein influenza A (H5N1) diperoleh dari *database GenBank* yang dikeluarkan oleh *National Center Biotechnology Information* melalui *Influenza Virus Resource*. Sistem operasi yang digunakan adalah Microsoft Windows XP Professional menggunakan *browser Mozilla Firefox* versi 2.0.

3.1 Pencarian Sekuen Protein HA, NA, dan M2 Virus H5N1

Pencarian data sekuen protein *hemagglutinin* (HA), *neuraminidase* (NA), dan matrik 2 (M2) virus H5N1 dilakukan melalui *server GenBank Influenza Virus Resource* (IVR-NCBI) dengan alamat situs:

<http://ncbi.nlm.nih.gov/genomes/FLU/Database.html>. Dilakukan pencarian

sekuen protein HA, NA, dan M2 virus H5N1 *host human* di Indonesia.

Sekuen asam amino yang telah didapat disimpan dalam format FASTA. Hal ini disebabkan sekuen asam amino dalam format FASTA akan digunakan dalam *query* untuk analisis selanjutnya.

3.2 Multiple Sequence Alignments

Sekuen protein HA, NA, dan M2 virus H5N1 dalam format FASTA dimasukkan sebagai *query* ke dalam program ClustalX versi 1.8. Melalui program ClustalX versi 1.8 ini dilakukan *multiple sequence alignments* terhadap setiap protein HA, NA, dan M2 virus H5N1 *host human*. Kemudian ditentukan perwakilan sekuen protein dari setiap protein HA, NA, dan M2 virus H5N1 *host human*. Setelah selesai *output file* dalam format ClustalX disimpan.

3.3 Penentuan Conserved Region

Multiple Sequence alignments menghasilkan urutan-urutan asam amino yang telah diberi *gap* dan ditandai daerah-daerah yang sama. Dari data tersebut dapat dipilih *conserved region* dengan menggunakan program BioEdit versi 7.0.9.0. Pada langkah ini, menggunakan *query* format ClustalX yang telah disimpan.

3.4 Prediksi Proteasomal Cleavage Protein HA, NA, dan M2 Virus H5N1

Proteasomal cleavage diprediksi dengan menggunakan server *MHC-I Antigenic Peptide Processing Prediction (MAPPP)* pada menu pilihan

proteasome cleavage prediction yang dapat diakses secara bebas melalui internet dengan alamat situs: <http://www.mpiib-berlin.mpg.de/MAPPP/cleavage.html>. Untuk dapat memprediksi *proteasomal cleavage* protein HA, NA, dan M2 virus AI H5N1, server MAPPP membutuhkan *input* data berupa sekuen protein HA, NA, dan M2 virus H5N1 *host human* yang telah dipilih sebagai perwakilan. Hasil prediksi *proteasomal cleavage* oleh MAPPP adalah berupa sekuen dan fragmen-fragmen peptida beserta posisinya dan skor prediksi *cleavage* sekuen dan setiap fragmen peptida.

3.5 Prediksi TAP *Binding* Protein HA, NA, dan M2 Virus H5N1

TAP *binding* diprediksi dengan menggunakan server TAPPred yang dapat diakses secara bebas melalui internet dengan alamat situs: <http://bioinformatics.coms.edu/mirror/tappred/>. Hasil prediksi TAP *binding* oleh server TAPPred adalah berupa fragmen-fragmen protein virus H5N1 beserta posisinya serta skor prediksi afinitas *binding* untuk setiap fragmen peptida.

3.6 Prediksi *epitope T-cell* Protein HA, NA, dan M2 Virus H5N1

Epitope T-cell protein HA, NA, dan M2 virus H5N1 untuk MHC kelas I diprediksi dengan menggunakan program *on-line peptide binding to MHC class I molecules* melalui server *immuneepitope* pada alamat situs:

http://tools.immuneepitope.org/analyze/html/mhc_binding.html dan

MULTIPRED yang diakses melalui situs: [http://research.i2r.a-](http://research.i2r.a-star.edu.sg/multipred/)

[star.edu.sg/multipred/](http://research.i2r.a-star.edu.sg/multipred/). Untuk dapat memprediksi *epitope T-cell*

membutuhkan *input* data berupa sekuen *conserved region* protein HA, NA, dan M2 virus H5N1. Hasil prediksi *epitope T-cell* berupa fragmen peptida beserta posisinya serta skor prediksi untuk setiap fragmen peptida.

Kemudian ditentukan masing-masing *conserved region* protein HA, NA, dan M2 virus H5N1 yang dipilih sebagai sekuen protein untuk digunakan dalam proses perancangan vaksin DNA.

3.7 Reverse Translasi

Reverse translasi dilakukan dengan menggunakan *software* gene design melalui situs: <http://slam.bs.jhmi.edu/cgi-bin/gd/gdRevTrans.cgi> yang dilakukan secara *on line*. Reverse translasi dilakukan pada sekuen *conserved region* protein HA, NA, dan M2 virus H5N1 yang telah dipilih

sebelumnya untuk memperoleh sekuens DNA *conserved region* HA, NA, dan M2 virus H5N1.

3.8 Pemilihan Vektor

Dilakukan pemilihan vektor (digunakan plasmid sebagai vektor) yang memenuhi syarat-syarat untuk dapat dijadikan vektor vaksin DNA antara lain memiliki promotor *eukariot* yaitu seperti promotor CMV atau yang lainnya, memiliki *signal polyadenylation*, memiliki bagian replikasi dari bakteri dan gen resistensi antibiotik. Dalam hal ini digunakan pCMV-HA sebagai vektor untuk perancangan vaksin DNA.

3.9 Perancangan Vaksin DNA

Sekuens DNA *conserved region* HA, NA, dan M2 virus H5N1 hasil translasi disisipkan ke dalam vektor yang telah dipilih dengan memperhatikan sisi pemotongan dari enzim restriksi yang dipilih untuk memotong plasmid pada sisi MCS (*multiple cloning site*) sehingga sekuens DNA *conserved region* HA, NA, dan M2 virus H5N1 dapat disisipkan.

Enzim restriksi yang dipilih harus enzim yang hanya memotong pada MCS dan tidak memotong pada sisi lain dari plasmid serta tidak memotong DNA *conserved region* HA, NA, dan M2 virus H5N1. Pemilihan enzim

restriksi menggunakan *software* pDRAW32 versi 1.1.97. Selanjutnya *software* pDRAW32 ini digunakan dalam percangan DNA vaksin.

3.10 Translasi Vaksin DNA

Translasi Vaksin DNA dilakukan dengan menggunakan *software* pDRAW32, hasil yang didapat berupa sekuens protein. Untuk mencari homologi antara sekuens *conserved region* awal dengan protein hasil translasi dilakukan *alignment* dengan menggunakan program ClustalX versi 1.8. Kemudian untuk memastikan fragmen peptida sebagai epitope yang diinginkan tetap diprediksi kehadirannya setelah proses translasi maka sekuens protein hasil translasi diprediksi kembali *proteasomal cleavage* dengan menggunakan server MAPPP.

BAB IV

HASIL DAN PEMBAHASAN

4.1 Pencarian Sekuen Protein HA, NA, dan M2 Virus H5N1

Protein virus H5N1 yang digunakan sebagai bahan penelitian adalah sekuen protein *hemagglutinin* (HA), *neuraminidase* (NA), dan matrik 2 (M2) *host human*. Berhubungan dengan sifat imunogenitas virus H5N1, HA dan NA merupakan protein spesifik *antigenic* untuk menginduksi respon imun terhadap sub tipe H5N1, sedangkan M2 merupakan protein *conserved antigenic* untuk menginduksi respon imun terhadap *avian influenza* tipe A (Tompkins *et al.*, 2007; Nidom, 2005). Sekuen protein diperoleh dari *database GenBank* yang dikeluarkan oleh *National Center Biotechnology Information* melalui *Influenza Virus Resource* (IVR-NCBI) dengan alamat situs: <http://ncbi.nlm.nih.gov/genomes/FLU/Database.html>.

Data sekuen yang digunakan adalah data sekuen dari masing-masing yang merupakan data sekuen lengkap (*full lenght*) karena tidak semua data yang terdapat pada *database* merupakan data *full lenght*. Pemilihan data *full lenght* untuk mempermudah proses penjajaran (*alignments*) sehingga *conserved region* yang diperoleh berdasarkan daerah-daerah utuh dari masing-masing protein. Setelah dilakukan seleksi dan pengelompokkan data

didapat hasil berikut: *hemagglutinin* (HA): 48 sekuen, *neuraminidase* (NA): 63 sekuen, dan protein matrik 2 (M2): 82 sekuen.

Format yang ada pada *GenBank* IVR-NCBI adalah format GBFF yang terdiri atas *Header*, *Feature*, serta sekuen nukleotida dan protein (Lampiran 1). Sekuen protein yang ada terdiri dari urutan huruf-huruf, setiap huruf merupakan kode dari suatu asam amino (Lampiran 2). Agar lebih memudahkan penggunaannya dalam *software* maupun *server* dalam penelitian, semua sekuen protein diubah ke dalam format FASTA (Lampiran 3).

4.2 Multiple Sequence Alignments

Data sekuen protein HA, NA, dan M2 virus H5N1 yang disimpan dalam format FASTA masing-masing dimasukkan sebagai *input* program ClustalX versi 1.8 untuk proses *multiple sequence alignments*. ClustalX memudahkan melihat perbedaan sekuen asam amino sehingga dapat dikaitkan dengan variasi genetik dari virus sehingga dapat ditentukan satu perwakilan untuk setiap protein. Perwakilan sekuen protein adalah sekuen protein yang dipilih berdasarkan kemiripan sekuen asam amino terbanyak untuk setiap protein. Perwakilan ini dilakukan untuk memudahkan langkah penelitian selanjutnya karena hanya untuk *conserved region* tertentu saja yang akan digunakan

pada langkah berikutnya dimana seluruh sekuen protein masing-masing memiliki daerah *conserved* tersebut.

Asam amino yang sama pada semua protein diberikan tanda asterisk (*) untuk mempermudah melihat kesamaan yang terdapat pada semua sekuen (Lampiran 4). Berdasarkan hasil *multiple alignments*, dipilih satu perwakilan dari setiap sekuen protein HA, NA, dan M2 virus H5N1 *host human* kemudian ditentukan *epitope* masing-masing. Karena terdapat beberapa sekuen yang memiliki kemiripan maka dipilih sekuen protein sebagai berikut: *hemagglutinin* (HA): A/Indonesia/CDC835/2006(H5N1), *neuraminidase* (NA): A/Indonesia/CDC739/2006(H5N1), dan protein matrik 2 (M2): A/Indonesia/CDC582/2006(H5N1).

4.3 Penentuan *Conserved Region*

Hasil *multiple alignments* dapat pula dilihat menggunakan program BioEdit versi 7.0.9.0 dengan *query* berupa file dalam format ClustalX yang disimpan (*.aln). Selanjutnya program BioEdit digunakan untuk menentukan *conserved region* dari hasil *alignments*.

Pemisahan *conserved region* dari hasil *alignment* dapat dilakukan dengan memasukkan sekuen-sekuen hasil *alignment*, dan kemudian menentukan parameter *conserved region* yang ingin diperoleh. Parameter yang digunakan pada penelitian ini menggunakan parameter *default* pada

program tersebut. *Conserved region* merupakan daerah yang memiliki kemiripan antar nukleotida atau asam amino yang rapat sehingga jika dipisahkan, dapat membentuk subsekuen-subsekuen yang serupa. Untuk membatasi diskontinuitas tersebut, dapat ditentukan batasan jumlah maksimum yang diperbolehkan ada dalam tiap segmen yang ditemukan. Selain itu dibatasi juga jumlah diskontinuitas yang berurutan. Dengan membatasi diskontinuitas, hasil yang akan ditampilkan oleh program hanyalah bagian-bagian sekuen yang masuk dalam kategori tersebut.

Hasil pencarian *conserved region* diperoleh 16 *regions* untuk *hemagglutinin* (HA), 12 *regions* untuk *neuraminidase* (NA), dan 1 *region* untuk protein matrik 2 (M2) (Lampiran 5).

Banyaknya *strain* sekuen protein disebabkan karena virus *avian influenza* H5N1 merupakan jenis virus RNA yang mudah mengalami mutasi. Secara umum diketahui dua tipe mutasi AI H5N1 yaitu *antigenic shift* dan *antigenic drift*. Meskipun terjadi banyak mutasi, tetapi metode pengembangan vaksin saat ini masih terbatas untuk memicu sistem imun terhadap subtipe tertentu, sehingga untuk subtipe lain diperlukan vaksin yang berbeda. Penggunaan *conserved region* sebagai transgen, diharapkan membentuk vaksin DNA yang memberikan perlindungan terhadap varian H5N1.

4.4 Prediksi *Proteasomal Cleavage* Protein HA, NA, dan M2 Virus H5N1

Proteasome berperan dalam pembentukan fragmen-fragmen protein di dalam sel yang mengakibatkan kehadiran molekul-molekul MHC kelas I sebagai respon pertahanan terhadap protein asing yang terdapat di dalam sel sehingga terdeteksi oleh sistem imun (Kloetzel, 2001; Holzhütter *et al.*, 1999).

Prediksi *proteasomal cleavage* dilakukan melalui server *MHC-I Antigenic Peptide Processing Prediction* (MAPPP) pada menu pilihan *proteasome cleavage prediction* yang dapat diakses secara bebas melalui internet dengan alamat situs: <http://www.mpiib-berlin.mpg.de/MAPPP/cleavage.html>.

Kelebihan layanan server ini adalah kemampuannya dalam memprediksi tidak hanya situs pemotongan pada masing-masing asam amino dalam protein yang dimasukkan sebagai *query*, tetapi juga fragmen-fragmen yang mungkin terbentuk akibat pemotongan oleh *preoteasome* (Holzhütter *et al.*, 2000). Fragmen-fragmen inilah yang dikenal dengan *epitope* dari protein yang kemudian akan diprediksi kemampuannya dalam melakukan respon terhadap molekul-molekul MHC kelas I. Hasil prediksi *Proteasomal Cleavage* Protein HA, NA, dan M2 Virus H5N1(Lampiran 6).

4.5 Prediksi TAP *Binding* Protein HA, NA, dan M2 Virus H5N1

Setelah protein di dalam sel didegradasi oleh *proteasome*, hasil pemotongan protein tersebut akan ditangkap oleh *transporter associated with antigen processing* (TAP) dan dibawa menuju retikulum endoplasma. Disinilah fragmen protein tersebut akan berinteraksi dengan molekul MHC kelas I yang baru saja disintesis. Pengenalan kompleks MHC-protein merupakan hal yang penting dalam respon imun (Manoj dan Raghava, 2003). Kemudian menjadi penting dilakukan untuk memprediksi afinitas *epitope* terhadap TAP *binding* protein.

Prediksi kemampuan TAP *binding* Protein dalam menangkap *epitope* dilakukan dengan server TAPPred dengan alamat situs: <http://bioinformatics.coms.edu/mirror/tappred/>. Hasil prediksi ini menampilkan skor dan keterangan bahwa *epitope* yang diteliti memiliki nilai *high affinity*, *intermediate affinity*, atau *low affinity* (Lampiran 7). Maka akan terjadi seleksi pada penentuan kemampuan *epitope* dalam berinteraksi dengan molekul MHC kelas I pada langkah selanjutnya.

4.6 Prediksi *epitope T-cell* Protein HA, NA, dan M2 Virus H5N1

Prediksi *epitope T-cell* dilakukan dengan menggunakan dua layanan server yaitu *immuneepitope* dan MULTIPRED dengan alamat situs masing-

masing http://tools.immuneepitope.org/analyze/html/mhc_binding.html dan <http://research.i2r.a-star.edu.sg/multipred/>. Penelitian sebelumnya telah dilakukan prediksi menggunakan MULTIPRED terhadap protein HA (Makky, 2007).

MULTIPRED memprediksi kekuatan peptida-peptida yang dapat mengikat HLA (MHC-nya manusia) dalam kelompok supertipe HLA kelas I A2, kelas I A3 dan kelas II DR (Zhang *et al.*, 2005; Srinivasan *et al.*, 2004; Vladimir *et al.*, 2002). Penelitian ini menggunakan metode algoritma *Hidden Markov Model* (HMM) untuk MULTIPRED. Immuneepitope memprediksi kekuatan peptida-peptida yang dapat mengikat HLA tidak hanya supertipe HLA kelas I A2 dan kelas I A3 tetapi juga memprediksi supertipe lain seperti HLA kelas I B dan kelas I A yang lain. Untuk immuneepitope jenis HLA dapat dipilih tidak hanya berdasarkan supertipe tertentu saja tetapi juga dapat dipilih berdasarkan jenis alel dari HLA yang diinginkan (jumlah alel yang diprediksi lebih banyak dibandingkan menggunakan MULTIPRED). Pada penelitian ini dilakukan prediksi pada semua alel (37 alel) yang tersedia di *server* immuneepitope dengan menggunakan metode algoritma *Stabilized Matrix Method* (SMM).

Berdasarkan informasi pada IEDB (*immuneepitope database*), *output* prediksi immuneepitope diberikan dalam unit IC50 nM. Dalam program ini peptida yang memiliki nilai IC50 (*Inhibitory Concentration*) kurang dari 50 nM maka peptida tersebut memiliki afinitas tinggi, nilai IC50 kurang dari 500 nM memiliki afinitas *intermediate*, dan nilai IC50 kurang dari 5000 nM memiliki

afinitas rendah, sedangkan nilai IC50 lebih dari 5000 nM dikenal dengan *no known epitope* atau bukan merupakan *epitope*.

HLA dibedakan atas dua kelas, yakni kelas I dan II. Kelas I berhubungan dengan fragmen peptida intraseluler dan diaktifkan oleh CD8⁺. Sedangkan kelas II mengikat peptida ekstraseluler dan diaktifkan oleh CD4⁺. Vaksin DNA merupakan metode efektif yang dapat menginduksi CD8⁺ respon *T-cell* (Ulmer *et al.*, 1993), oleh karena itu parameter yang dipilih adalah MHC kelas I dengan memilih parameter class I A2 dan class I A3 untuk prediksi menggunakan MULTIPRED.

Prediksi epitope *T-cell* didasarkan pada *binding score* yang berbeda-beda. *Binding score* menunjukkan kekuatan ikatan *epitope* yang diprediksi dengan HLA. Bila ikatan antara *epitope* dengan HLA besar, maka kemungkinan *T-cell* mengenali *epitope* tersebut juga akan besar. Percobaan imunologi menunjukkan bahwa hanya peptida yang berikatan dengan HLA dengan *binding score* tinggi yang akan dikenali sebagai *epitope T-cell* dan memicu respon imun. Dengan kata lain, *epitope T-cell* merupakan peptida yang berikatan dengan MHC dan karena itu menjadi vaksin yang potensial (Zhang *et al.*, 2005).

Hasil yang ditampilkan oleh Multipred adalah *epitope* dengan 9 susunan asam amino beserta *score* yang didapat. *Score* yang didapat menunjukkan tingkat kekuatan ikatan 9 asam amino dengan HLA, dimana: *score* 8-9 adalah *high binders*, *score* 6-7 adalah *moderate binders*, dan *score* 4-5 adalah *low binders*, sedangkan *score* 1-3 diprediksi sebagai *non binders*

atau bukan merupakan *epitope*. Makin tinggi *score* yang didapat maka makin besar kemungkinan suatu susunan asam amino berfungsi sebagai *epitope*, karena ikatan dengan HLA semakin kuat (Zhang, *et al.*, 2005).

Berdasarkan gabungan hasil prediksi oleh kedua program tersebut serta prediksi MAPPP dan TAPPred (Lampiran 8) diperoleh hasil *conserved region* dengan imunitas terbaik adalah *conserved region 13 hemagglutinin (HA)*, *conserved region 12 neuraminidase (NA)*, dan *conserved region 1 protein matrik 2 (M2)*.

4.7 Reverse Translasi

Sekuens DNA *conserved region 13 hemagglutinin (HA)*, *conserved region 12 neuraminidase (NA)*, dan *conserved region 1 protein matrik 2 (M2)* diperoleh dengan melakukan *reverse translasi* sekuens protein *conserved region* masing-masing. Proses *reverse translasi* dilakukan dengan menggunakan software online Gene Design dari situs <http://slam.bs.jhmi.edu/cgi-bin/gd/gdRevTrans.cgi> (Lampiran 9).

4.8 Perancangan Vaksin DNA

4.8.1 Pemilihan Plasmid pCMV-HA

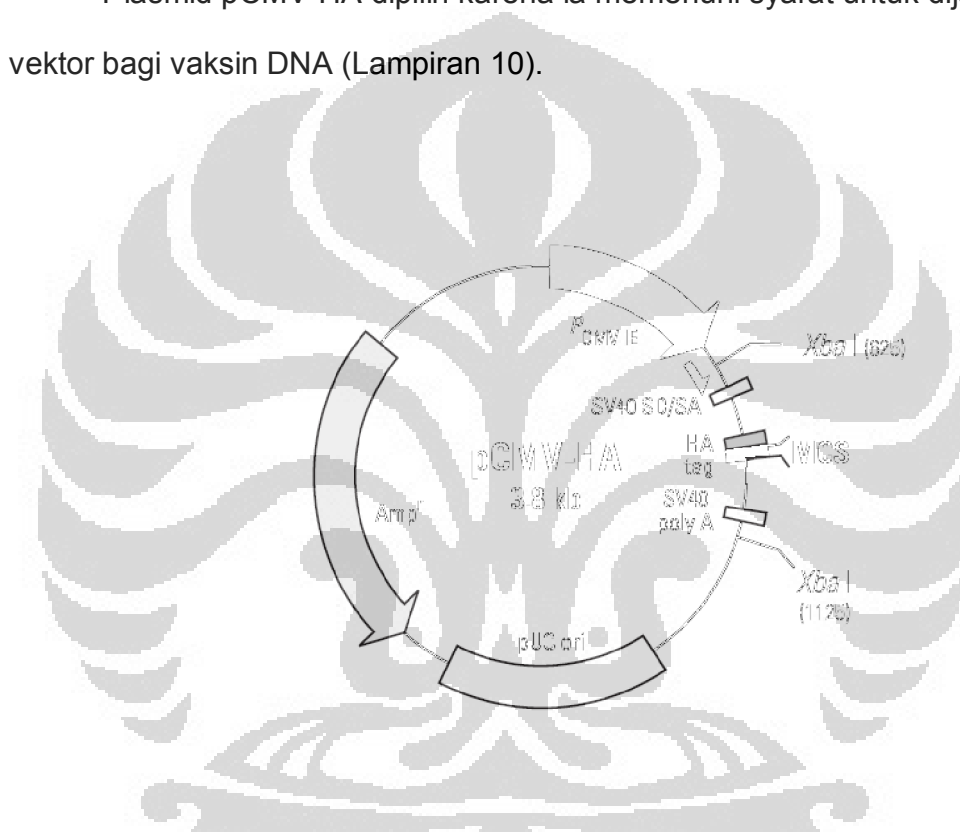
Suatu wahana pengklonan yang ideal seharusnya memiliki tiga sifat, yaitu berat molekul rendah, mampu memberikan sifat fenotipik yang dapat dipilih pada *host* dan memiliki sisi pemotongan tunggal untuk sejumlah besar enzim restriksi *endonuklease* (Old dan Primrose, 1989).

Ada beberapa keuntungan dari rendahnya berat molekul. Pertama, plasmid akan jauh lebih mudah penanganannya karena lebih resisten terhadap kerusakan akibat penyaringan dan mudah dipisahkan dari sel-sel inang. Kedua, plasmid yang berat molekulnya rendah biasanya ada dalam bentuk salinan yang banyak sekali dan hal ini tidak hanya mempermudah pemisahannya tetapi juga memungkinkan terjadinya efek dosis gen untuk seluruh gen terklon. Ketiga, dengan berat molekul rendah akan lebih kecil kemungkinannya bahwa vektornya akan mempunyai sisi pemotongan substrat yang banyak untuk suatu restriksi *endonuklease* (Old dan Primrose., 1989).

Plasmid DNA telah banyak digunakan untuk imunisasi terhadap beberapa variasi penyakit (lebih dikenal dengan nama vaksin DNA). Untuk membangun vaksin DNA ada beberapa syarat yang harus dipenuhi. Pertama, harus mengetahui sekuen protein dari patogen yang dapat menginduksi respon imun. Kedua, harus menggunakan ekspresi vektor yang

mengandung promotor sebagai contoh promotor Cytomegalovirus (CMV).
Ketiga, diperlukan model hewan percobaan untuk mempelajari penyakit.
Keempat, menguji karakteristik reaksi imun yang disebabkan oleh vaksin
(Henke, 2002).

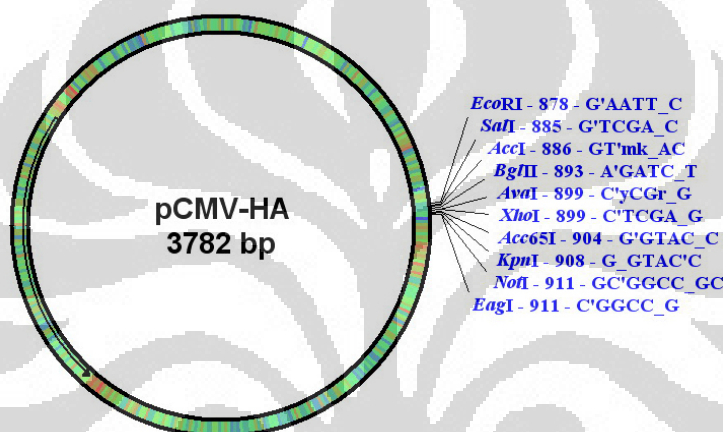
Plasmid pCMV-HA dipilih karena ia memenuhi syarat untuk dijadikan
vektor bagi vaksin DNA (Lampiran 10).



Gambar 9. Plasmid pCMV-HA dengan MCS sebagai sisi polilinker atau pengklonan ganda yang terletak antara promotor CMV dan *polydenylation signal* (<http://www.clontech.com>, 1 Februari 2008, 10:33 WIB).

4.8.2 Pemilihan Enzim Restriksi *Endonuklease*

Di dalam *Multiple Cloning site* (MCS) pCMV-HA terdapat sepuluh situs enzim restriksi tunggal yang berguna untuk insersi DNA, yaitu *EcoRI*, *Sall*, *AccI*, *BglII*, *AvaI*, *XhoI*, *Acc65I*, *KpnI*, *NotI*, dan *EagI* Gambar 10 (Tabel 1).



Gambar 10. Pemotongan 10 enzim restriksi pada MCS plasmid pCMV-HA menggunakan software pDRAW32.

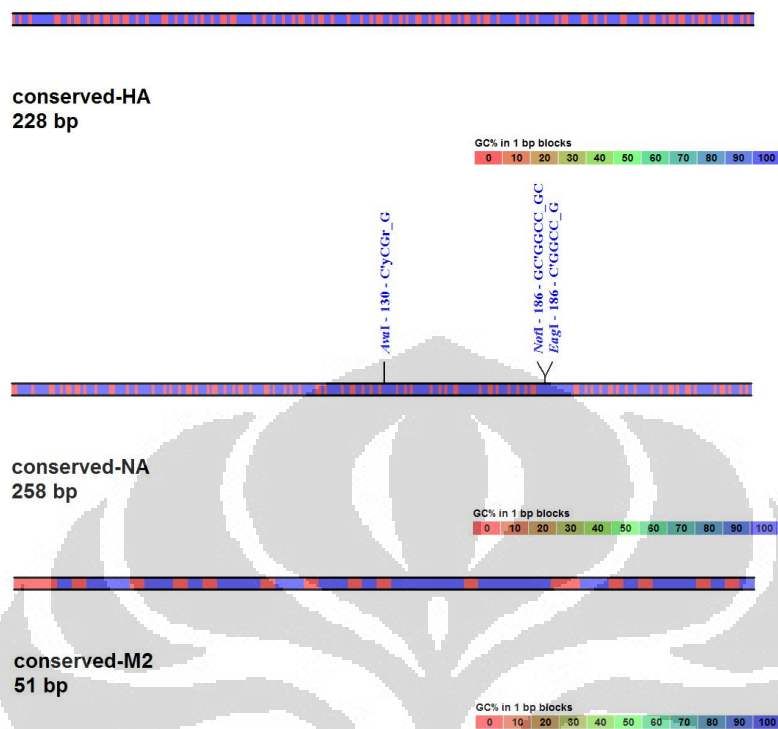
Untuk memperoleh rekombinan dengan DNA *insert* pada arah yang diinginkan maka plasmid dipotong dalam daerah *multiple cloning* oleh dua enzim restriksi berbeda yang akan menghasilkan ujung kohesif yang tidak berpasangan. Cara ini juga mencegah DNA *insert* melingkar dirinya sendiri dan mencegah plasmid melingkar kembali tanpa membawa DNA *insert* karena dipotong oleh dua enzim restriksi yang berbeda.

Pada reaksi sederhana, ligasi plasmid dan DNA *insert* yang dipotong dengan enzim restriksi yang sama akan membentuk plasmid rekombinan yang melingkar. Fragmen DNA *insert* yang memiliki ujung kohesif yang bersesuaian dengan ujung kohesif plasmid yang telah dilinierisasi akan diligasi oleh enzim ligase.

Tabel 1. Endonuklease yang terdapat pada MCS plasmid pCMV-HA beserta sisi pemotongannya.

No	Endonuklease	Posisi	Sisi pemotongan
1	<i>EcoRI</i>	878	5' G A AATTC 3'
2	<i>SalI</i>	885	5' G A TCGAC 3'
3	<i>AccI</i>	886	5' GT A unkAC 3'
4	<i>BglII</i>	893	5' A G GATCT 3'
5	<i>AvaI</i>	899	5' C A yCGr_G 3'
6	<i>XhoI</i>	899	5' C A TCGAG 3'
7	<i>Acc65I</i>	904	5' G A BTACC 3'
8	<i>KpnI</i>	908	5' GGTAC A C 3'
9	<i>NotI</i>	911	5' GC A GGCCGC 3'
10	<i>EagI</i>	911	5' C A GGCCG 3'

Enzim restriksi yang dipilih untuk digunakan dalam merancang plasmid rekombinan adalah enzim restriksi unik yang terdapat dalam MCS pCMV-HA tapi tidak memotong sekuens DNA *conserved region 13 hemagglutinin* (HA), *conserved region 12 neuraminidase* (NA), dan *conserved region 1 protein matrik 2 (M2)* yang akan diinsersikan (Gambar 11).



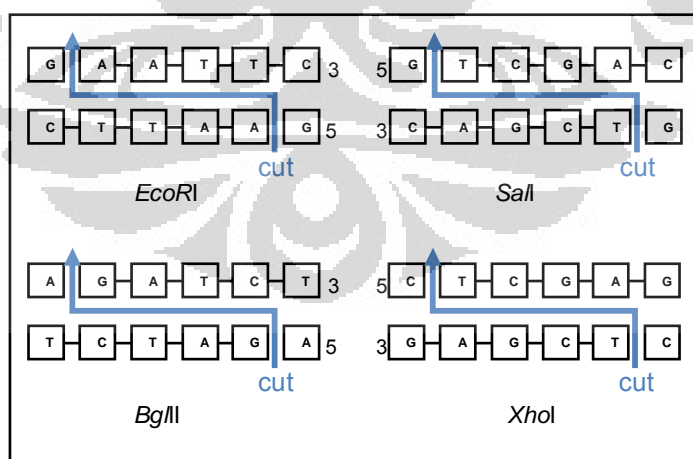
Gambar 11. Hasil pengujian 10 enzim endonuklease restriksi sisi pemotongan MCS plasmid pCMV-HA pada sekuens DNA *conserved region 13 HA*, *conserved region 12 NA*, *conserved region 1 M2* menggunakan software pDRAW32.

Untuk enzim restriksi *Accl*, *NotI*, dan *EagI* tidak dapat digunakan karena memotong pada sekuens DNA *conserved region 12 neuraminidase* (NA) sehingga total enzim restriksi yang dapat digunakan sebanyak tujuh buah. Pada perancangan ini digunakan enzim restriksi *EcoRI*, *SaII*, *BglII*, dan *XhoI* karena keempat enzim restriksi ini memenuhi kedua syarat tersebut. Selain itu letak keempat enzim restriksi ini posisinya berdekatan satu sama lain. Penyisipan DNA *insert* dilakukan sedapat mungkin satu dengan yang

lain berdekatan agar penambahan protein saat translasi diantara protein *conserved region* HA, NA, dan M2 tidak banyak dan panjang protein hasil translasi tidak terlalu panjang.

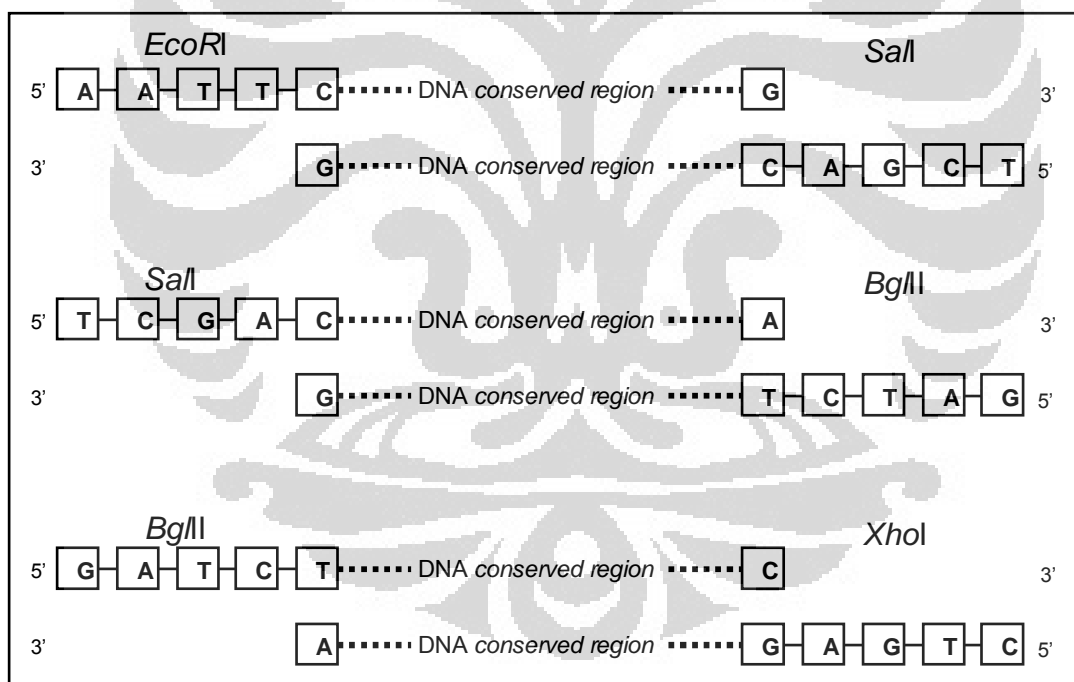
4.8.3 Rekombinasi Plasmid pCMV-HA dengan DNA *Conserved Region* 13 Hemagglutinin (HA), *Conserved Region* 12 Neuraminidase (NA), dan *Conserved Region* 1 Protein Matrik 2 (M2)

Pemotongan vektor transfer dengan enzim restriksi *EcoRI*, *Sall*, *BglII*, dan *XhoI* menghasilkan ujung-ujung *overhang* (*sticky ends*) (Gambar 12). Ujung-ujung *overhang* ini yang diligasi dengan DNA *insert* yaitu DNA *conserved region* 13 hemagglutinin (HA), *conserved region* 12 neuraminidase (NA), dan *conserved region* 1 protein matrik 2 (M2).



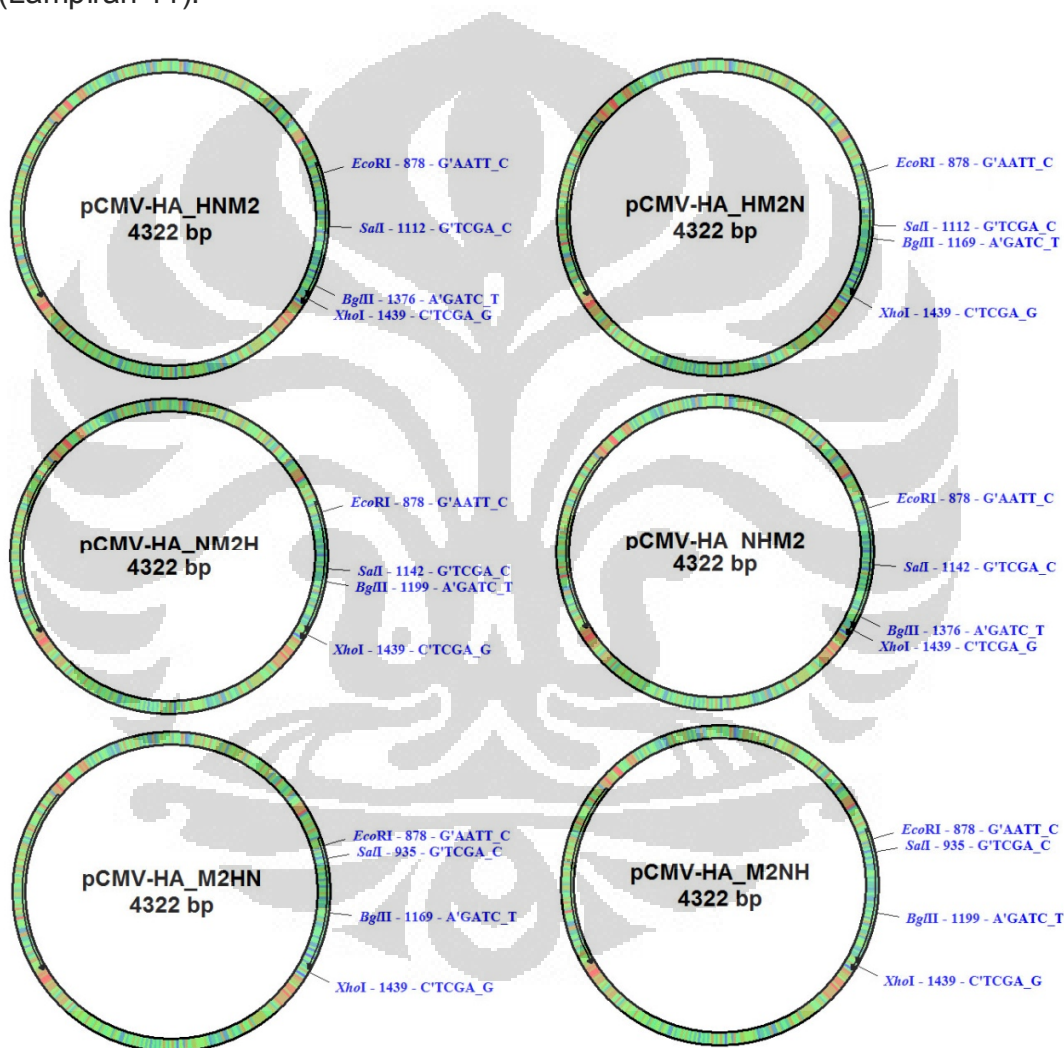
Gambar 12. Situs pemotongan *EcoRI*, *Sall*, *BglII*, dan *XhoI*.

Untuk membentuk situs pemotongan *EcoRI* dan *SalI* pada ujung-ujung DNA *conserved region* yang akan disisipkan, maka dilakukan penambahan nukleotida pada kedua ujung DNA *conserved region* tersebut. Pada ujung 5' ditambah nukleotida **AATTC** dan pada ujung 3' ditambah nukleotida **G**, situs pemotongan *SalI* dan *BglII* pada ujung 5' ditambah nukleotida **TCGAC** dan pada ujung 3' ditambah nukleotida **A**, situs pemotongan *BglII* dan *XhoI* pada ujung 5' ditambah nukleotida **GATCT** dan pada ujung 3' ditambah nukleotida **C** sehingga sekuens DNA vaksin menjadi seperti ditampilkan pada Gambar 13.



Gambar 13. Sekuens DNA *conserved region* setelah ditambah situs pemotongan *EcoRI*, *SalI*, *BglII*, dan *XhoI*.

Dengan kombinasi tiga buah DNA *insert* yaitu berupa DNA *conserved region* HA, NA, dan M2 diperoleh vaksin DNA sebanyak enam buah yaitu pCMV-HA_HNM2, pCMV-HA_HM2N, pCMV-HA_NHM2, pCMV-HA_NM2H, pCMV-HA_M2HN, dan pCMV-HA_M2NH yang diperlihatkan Gambar 14 (Lampiran 11).



Gambar 14. Plasmid Rekombinan pCMV-HA_HNM2, pCMV-HA_HM2N, pCMV-HA_NHM2, pCMV-HA_NM2H, pCMV-HA_M2HN, dan pCMV-HA_M2NH.

4.9 Translasi Vaksin DNA

Hasil *Open Reading Frame* (ORF) pada *software* pDRAW32 merupakan pembacaan sekuens DNA yang ditranslasikan menjadi protein dengan menggunakan kode genetik *standard*. Rekombinan vektor transfer pCMV-HA dengan DNA *Conserved Region 13 Hemagglutinin* (HA), *Conserved Region 12 Neuraminidase* (NA), dan *Conserved Region 1 Protein Matrik 2* (M2) diperoleh panjang sekuens 4322 bp dibuatkan *mapping* plasmidnya, analisis enzim restriksi, dan analisis hasil *Open Reading Frame* (ORF) dengan menggunakan bantuan *software* pDRAW32 seperti terlihat pada (Lampiran 11).

Translasi merupakan proses penerjemahan urutan nukleotida yang ada pada molekul mRNA menjadi rangkaian asam-asam amino yang menyusun polipeptida atau protein. Molekul mRNA merupakan transkrip (salinan) urutan DNA yang menyusun suatu gen dalam bentuk ORF. Suatu ORF dicirikan oleh: (1) *kodon inisiasi translasi*, yaitu urutan ATG (pada DNA) atau AUG (pada mRNA), (2) serangkaian urutan nukleotida yang menyusun banyak kodon, (3) *kodon terminasi translasi*, yaitu TAA (UAA pada mRNA), TAG (UAG pada mRNA), atau TGA (UGA pada mRNA) (Yuwono, 2005).

Proses translasi menggunakan *software* pDRAW32 menghasilkan dua dan tiga daerah ORF yang masing-masing pembentukan inisiasinya diawali dengan pembentukan metionin. Untuk ORF pertama adalah domain MCS yang merupakan daerah pembentukan protein *conserved region 13*

Hemagglutinin (HA), *Conserved Region 12 Neuraminidase (NA)*, dan *Conserved Region 1 Protein Matrik 2 (M2)* dan ORF kedua merupakan domain yang resistensi terhadap *ampicilin*. Terdapatnya dua daerah ORF ini memberikan gambaran bahwa untuk menyisipkan DNA tidak hanya dapat dilakukan pada domain MCS saja tetapi dapat juga dilakukan pada domain yang resistensi terhadap *ampicilin*. Kedua daerah ORF ini terdapat pada pembacaan *frame* kedua untuk translasi protein *conserved region* dan pembacaan *frame* kelima untuk *ampicilin*.

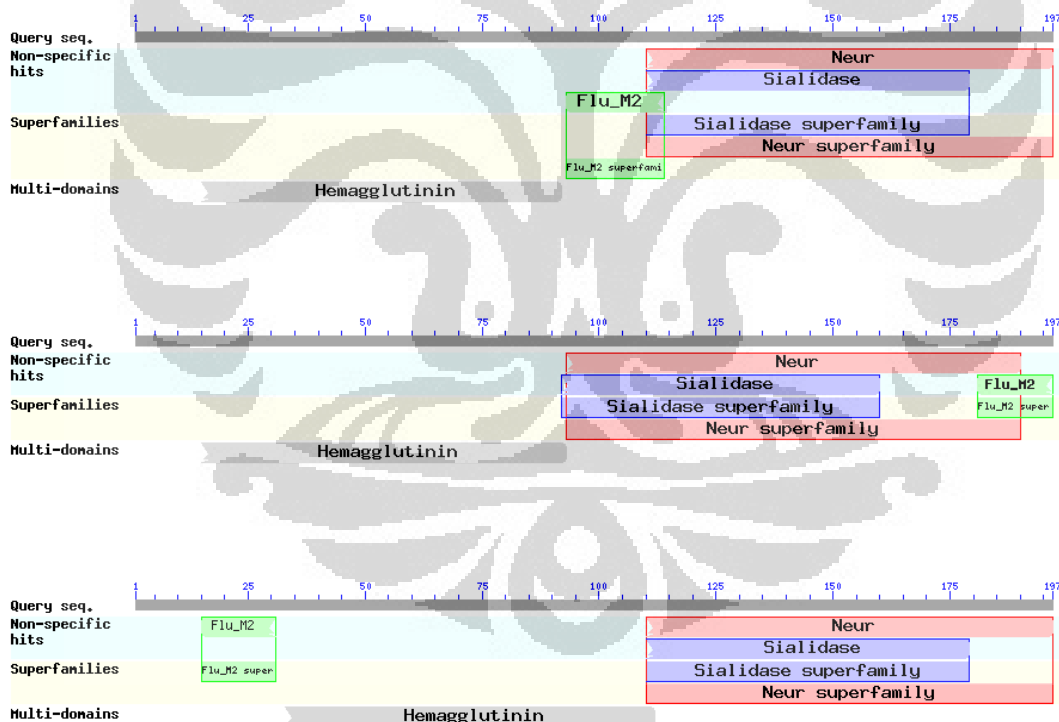
Pada pCMV-HA_HNM2, pCMV-HA_NHM2, pCMV-HA_NM2H, dan pCMV-HA_M2NH terdapat tiga daerah ORF dengan satu protein tidak dikenal (pada pembacaan *frame* pertama) karena setelah dilakukan BLAST pada protein ini tidak terdapat *database* yang cocok. Disarankan untuk vaksin DNA digunakan pCMV-HA_HM2N dan pCMV-HA_M2HN yang hanya memberikan dua daerah ORF.

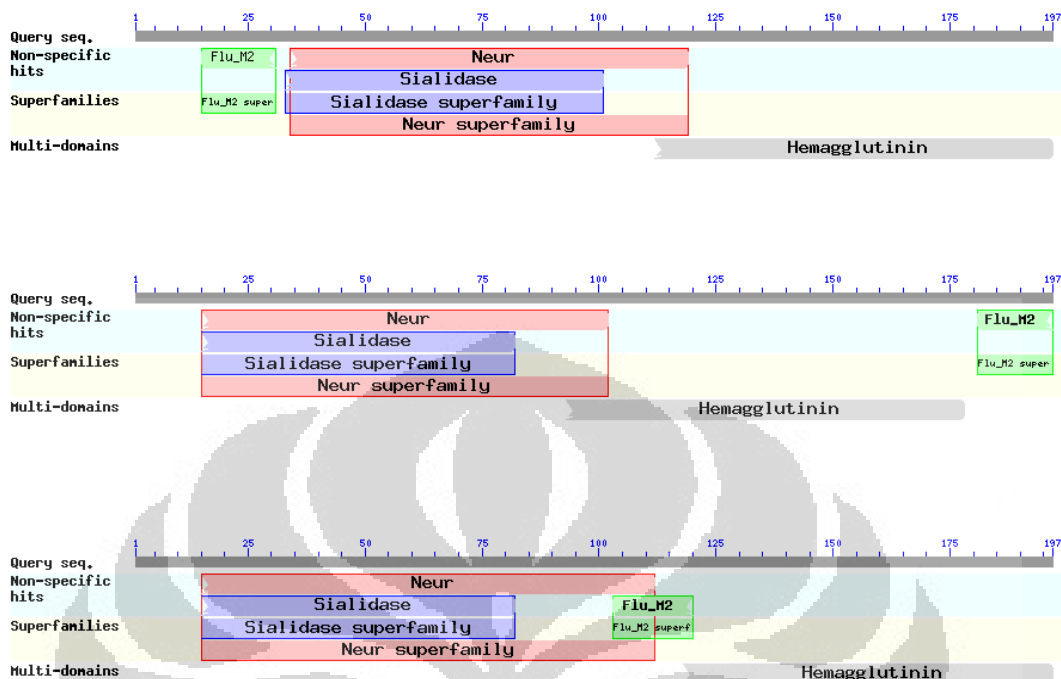
4.10 Alignment, BLAST dan Prediksi *Proteasomal Cleavage* Protein Translasi Vaksin DNA

Alignment bertujuan untuk menentukan tingkat kemiripan antara sekuens protein *conserved region* sebelumnya dengan sekuens protein hasil translasi. Proses *alignment* dilakukan dengan mencocokkan asam amino antar sekuens. Digunakan software ClustalX versi 1.8 untuk *alignment*

dengan *input* protein hasil translasi serta *Conserved Region 13 Hemagglutinin (HA)*, *Conserved Region 12 Neuraminidase (NA)*, dan *Conserved Region 1 Protein Matrik 2 (M2)* (Lampiran 12).

Dari hasil alignment protein yang diinginkan memiliki kesamaan dengan *Conserved Region 13 Hemagglutinin (HA)*, *Conserved Region 12 Neuraminidase (NA)*, dan *Conserved Region 1 Protein Matrik 2 (M2)*. Kemudian dilakukan juga BLASTp terhadap protein hasil translasi yang diperlihatkan Gambar 15 (Lampiran 13).





Gambar 15. BLASTp hasil translasi protein pCMV-HA_HM2N, pCMV-HA_HNM2, pCMV-HA_M2HN, pCMV-HA_M2NH, pCMV-HA_NHM2, dan pCMV-HA_NM2H.

Prediksi *proteasomal cleavage* protein translasi vaksin DNA

menggunakan MAPPP menggambarkan bahwa *epitope* yang diprediksi diawal sebelum DNA *Conserved Region 13 Hemagglutinin (HA)*, *Conserved Region 12 Neuraminidase (NA)*, dan *Conserved Region 1 Protein Matrik 2 (M2)* disisipkan ke dalam pCMV-HA tetap dihasilkan (Lampiran 14). Dengan demikian, protein hasil translasi vaksin DNA sesuai dengan yang diharapkan karena *epitope* pada prediksi sebelum proses perancangan vaksin DNA dilakukan tetap dihasilkan.

BAB V

KESIMPULAN DAN SARAN

5.1 Kesimpulan

Penentuan *conserved region hemagglutinin (HA)*, *neuraminidase (NA)*, dan protein matrik 2 (M2) menggunakan *software* ClustalX versi 1.8 dan BioEdit versi 7.0.9.0 diperoleh 16 *regions* untuk *hemagglutinin (HA)*, 12 *regions* untuk *neuraminidase (NA)*, dan 1 *region* untuk protein matrik 2 (M2). Kemampuan imunitas terbaik berdasarkan prediksi secara *in silico* menggunakan *server* bioinformatika immuneepitope dan MULTIPRED adalah *conserved region 13 hemagglutinin (HA)*, *conserved region 12 neuraminidase (NA)*, dan *conserved region 1* protein matrik 2 (M2).

Berdasarkan prediksi secara *in silico* menggunakan *software* pDRAW32 versi 1.1.97, plasmid pCMV-HA dapat digunakan sebagai pembawa DNA *conserved region 13 hemagglutinin (HA)*, *conserved region 12 neuraminidase (NA)*, dan *conserved region 1* protein matrik 2 (M2), dan terdapat tujuh enzim restriksi yang dapat digunakan untuk memotong plasmid tanpa memotong sekuen DNA *conserved region 13 hemagglutinin (HA)*, *conserved region 12 neuraminidase (NA)*, dan *conserved region 1* protein matrik 2 (M2). Dalam penelitian ini digunakan 4 jenis enzim restriksi *endonuklease* yaitu *EcoRI*, *SaI*, *BglII*, dan *XhoI*.

Enam vaksin DNA yang mengkode *conserved region 13 hemagglutinin* (HA), *conserved region 12 neuraminidase* (NA), dan *conserved region 1 protein matrik 2 (M2)* pada *host* ditemukan dari hasil rancangan *in silico* vektor plasmid rekombinan pCMV-HA dengan bantuan *software* pDRAW32 versi 1.1.97 yaitu pCMV-HA_HNM2, pCMV-HA_HM2N, pCMV-HA_NHM2, pCMV-HA_NM2H, pCMV-HA_M2HN, dan pCMV-HA_M2NH.

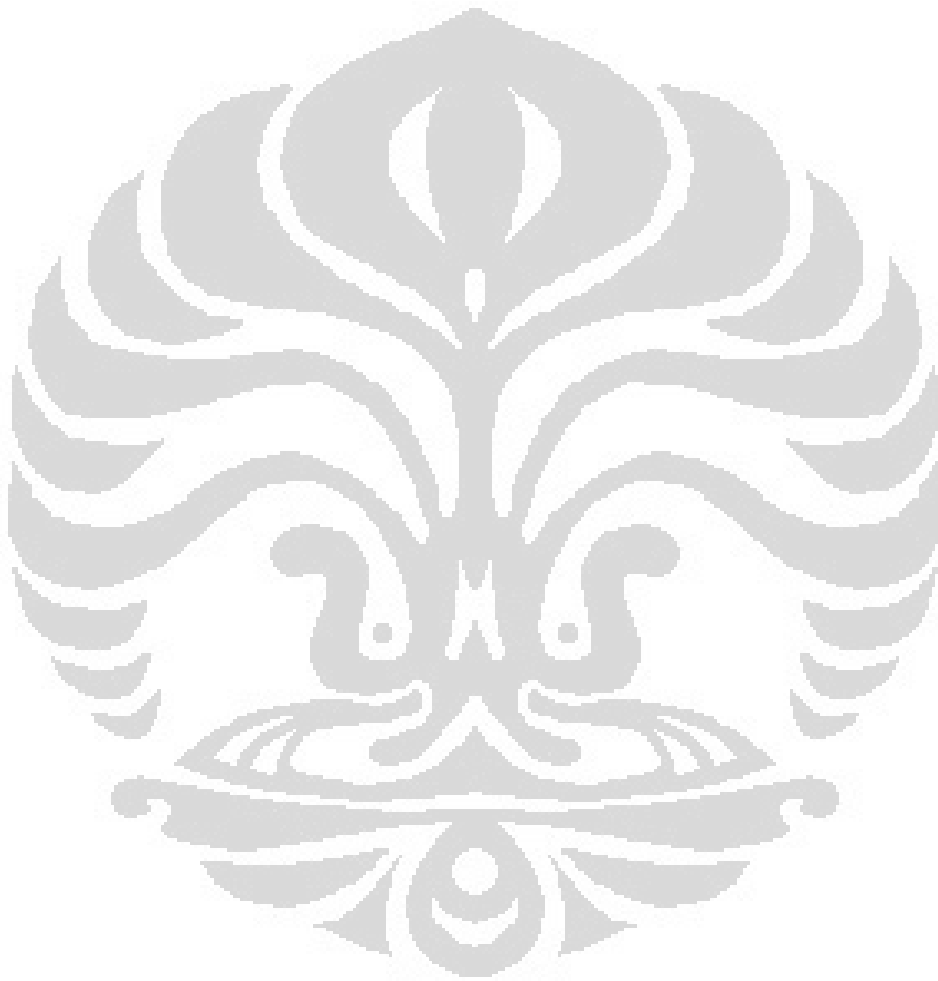
Alignment terhadap protein hasil translasi vaksin DNA diperoleh sekuen asam amino yang sama untuk setiap *conserved region* homolog 100% dengan setiap protein *conserved region* awal. Hasil prediksi *Proteasomal cleavage* terhadap protein hasil translasi vaksin DNA memberikan fragmen *epitope* yang diinginkan seperti prediksi pada protein *hemagglutinin* (HA), *neuraminidase* (NA), dan protein matrik 2 (M2) sebelumnya.

5.2 Saran

Melakukan penelitian secara *in silico* untuk mengetahui desain primer dari DNA *conserved region 13 hemagglutinin* (HA), *conserved region 12 neuraminidase* (NA), dan *conserved region 1 protein matrik 2 (M2)* untuk proses amplifikasi pada pembuatan DNA rekombinan.

Diperlukan studi lanjutan dalam tahapan penelitian *in vitro* untuk merekonstruksi rancangan vaksin DNA pCMV-HA_HNM2, pCMV-HA_HM2N,

pCMV-HA_NHM2, pCMV-HA_NM2H, pCMV-HA_M2HN, dan pCMV-HA_M2NH. Kemudian mengujicobakannya (*in vivo*) pada hewan percobaan untuk mengetahui imunogenitas vaksin DNA tersebut.



DAFTAR PUSTAKA

- Abbas, A. K., Lichtman, A. H., Pober, J. S. 1994. *Cellular and Molecular Immunology*. 2nd ed., W.B. Saunders Company.
- Alberts, B., Johnson, A., Lewis, J., Raff, M., Roberts, K., Walter, P. 2002. *Molecular Biology of The Cell*, 4th ed., Garland Science, New York.
- Baratawidjaja, K. G. 2006. *Imunologi Dasar*. Balai Penerbit-FK UI: Jakarta.
- Baxevanis, A. D., Oulette, B. F. F. 2001. *Bioinformatics A Practical Guide to the Analysis of Genes and Protein 2nd Edition*. USA: Wiley Interscience.
- Baxevanis, A. D., Ouelette, B. F. F. 2005. *Bioinformatics A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins*. 3rd ed., Wiley Interscience.
- Bean, W. J., Schell, M., Katz, J., Kawaoka, Y., Naeve, C., Gorman, O. 1992. *Evolution of the H3 Influenza Virus Hemagglutinin from Human and Non-Human Hosts*. J. Virol., 66; 1129-1138.
- Black, J. G. 1999. *Microbiology Principles and Explorations*. 4th ed. JohnWiley & Sons, Inc., USA.
- Cox et al. 2005. *Orthomyxoviridae*. Sem. Virol., 6; 359–70.
- Davis, H. L. 1997. *Plasmid DNA expression system for the purpose of immunisation*. Curr. Opin. Biotechnol 8: 635-640.
- de Jong, M., Tran, T. H. 2005. *Avian Influenza A (H5N1)*. Journal of Clinical Virology, 951.

- Henke, A. 2002. *DNA immunization – a new chance in vaccine research?*.
Med Microbiol Immunol 191:187-190.
- Hilleman, M. R. 2000. *Vaccines in historic evolution and perspective: a narrative of vaccine discoveries*. J Hum Virol 3:63-76.
- Holzht tter, H. G., Fr mmel, C., Kloetzel, P. M. 1999. *A Theoretical Approach Towards the Identification of Cleavage-Determining Amino Acid Motifs of the 20S Proteasome*. J. Mol. Biol. 286, 1251-1265.
- Holzht tter, H. G., Kloetzel, P. M. 2000. *A kinetic model of vertebrate 20S proteasome accounting for the generation of major proteolytic fragments from oligomeric peptide substrates*. Biophysical J. 2000 (79): 1196-1205.
- Horimoto, T., Kawaoka, Y. 2001. *Pandemic Threat Posed by Avian Influenza A Viruses*. Clin Microbiol Rev. 14(1), 129-149.
- Isbagio, D. W. 2004. *Strategi Terbaru Dalam Pencegahan Influenza*. Pusat Penelitian Pengembangan Pemberantasan Penyakit Badan Penelitian dan Pengembangan Kesehatan, Jakarta.
- Kelgert, K. D. 1996. *Immunology: Understanding the Immune System*. Wiley-Liss, Inc. New York.
- Kloetzel, P. M. 2001. *Antigenic Processing by The Proteasome*. Nature Review. Molecular Cell Biol.
- Knight, J. 2002. *Science of Every Things Volume 3: Real-Life Biology*. Gale Group Inc.

- Kuby, J. 1992. *Immunology*. W. H. Freeman and Company. New York.
- Kulkarni-Kale, U., S. Bhosle, A. S. Kolaskar. 2005. *CEP: a conformational epitope prediction server*. *Nuc. Acid Research*, Vol. 33.
- Lamb *et al.* 1994. *Influenza A*. Folding and assembly of viral.
- Manoj, B., Raghava, G. P. S. 2003. *Analysis and Prediction of Affinity of TAP Binding Peptides using cascade SVM*. *Protein Science* 13:596–607.
- Makky, M. 2007. *Studi in silico Conserved Region Hemagglutinin (HA) pada Virus Avian Influenza A Subtipe H5N1 di Indonesia untuk Perancangan Vaksin DNA*. Skripsi Sarjana Sains Departemen Kimia, FMIPA UI.
- McDonnell, W. M., Askari, F. K. 1996. *Molecular Medicine DNA Vaccines*. The New England Journal of Medicine.
- Miklos, A David Freyer, Greg A. Crotty, A David. 2003. *DNA Science A first Course*. Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Mount, D. W., 2004. *Bioinformatics sequence and genome analysis*. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York.
- Muladno. 2002. *Seputar Teknologi Rekayasa Genetika*. Pustaka Wirausaha Muda, Bogor.
- Nidom, C. A. 2005. *Analisis molekuler genoma virus avian influenza H5N1 di Indonesia*. Disertasi. UNAIR.

- Old, R. W., Primrose, S. B. 1989. *Prinsip-prinsip Manipulasi gen: Pengantar Rekayasa Genetik*. Edisi Keempat. Blackwell Scientific Publications.
- Rengganis, I. 2006. *Perlu kah Imunisasi Dewasa? Cermin Dunia Kedokteran*. 152:19-22.
- Roeslan, B. O. 2002. *Imunologi Oral: Kelainan di dalam Rongga Mulut*. Fakultas Kedokteran Universitas Indonesia. Jakarta.
- Scholtissek, C., Rohde, W., Hoyningen V. V., Rott, R. 1978. *On the Origin of the Humanvirus Subtype H2N2 and H3N2.*, *Virology* 87;13-20.
- Srinivasan, K. N., Zhang, G. L., Khan, A. M., August, J. T., Brusic, V. 2004. *Prediction of class I T-cell epitopes: evidence of presence of immunological hot spots inside antigens*. *Bioinformatic* i297–i302.
- Tannock, I. F., Hill, R. P. 1998. *The Basic Science of Oncology*. 3rd ed., McGraw-Hill.
- Toapanta, F. R. 2006. *Immune Enhancement Mechanisms by the Complement Protein C3d*. Dissertation. University of Pittsburgh.
- Tompkins *et al.* 2007. *Matrix Protein 2 Vaccination and Protection against Influenza Viruses, Including Subtype H5N1*. University of Georgia, Athens, Georgia, USA.
- Ulmer, J. B., 2006. *Novel Vaccines: Bridging Research, Development and Production-CHI's Inaugural Conference*. *Drugs*, 9(10).
- Utama, A., 2003. *Peranan Bioinformatika Dalam Dunia Kedokteran*. IlmuKomputer.com.

Vladimir, B., Petrovsky, N., Zhang, G. L., Vladimir, B. B. 2002. *Prediction of promiscuous peptides that bind HLA class I molecules. Immunology and Cell Biology* 80, 280–285.

Vurfes, W. K, David, S., Gorden, H. O, Craig H. 2004. *Life - The Science of Biology*. Seventh Edition. W H Freeman Enco.

Wagner *et al.* 2001. *Virus Influenza*. J. Virol., 75; 9282–6.

Wahren, B., Liu, M. 2005. *DNA Vaccine-An Overview*. Wiley-VCH Verlag GmbH and Co. KGaA, Weinheim.

Yuwono, T. 2005. *Biologi Molekular*. Penerbit Erlangga. Jakarta.

Zhang, G.L., A. M. Khan, K. N. Srinivasan, J.T. Angust, V. Brusic. 2005. *MULTIPRED: a computational system for prediction of promiscuous HLA binding peptides*. Nuc. Acids Res.

Zhang Qiang-Zhe, Qin X-Ming, Dong Hai-Li, Liang Rong, He Hong-Xuan, Li Xi, Jiang Bei-Yu, Liu Xiang-Jun, Duan Ming-Xing. 2005. *Efficient Protection of H5N1 Influenza Virus DNA Vaccine Delivering by Electroporation in Mammalian and Avian System*. Prog. Biochem. Biophysy 32(8):726-733.

<http://en.wikipedia.org/wiki/H5N1.htm>, diakses 5 November 2007, 20:40 WIB.

www.niaid.nih.gov, diakses 5 November 2007, 20:55 WIB.

<http://www.who.int>, diakses 18 November 2007, 06:00 WIB.

<http://www3.niaid.nih.gov/>, diakses 18 November 2007, 06:13 WIB.

<http://www.accessexcellence.org/RC/VL/GG/influenza.html>, diakses 18 November 2007, 11:42 WIB.

<http://www.uq.edu.au/VDUInfluenza.htm>, diakses 18 November 2007, 11:56 WIB.

<http://users.rcn.com/jkimball.ma.ultranet/BiologyPages/T/Translation.html>, diakses 1 Februari 2008, 09:12 WIB.

<http://bima.ipb.ac.id/~tpb-ipb/materi/genetika/dnarekombinan.html>, diakses 1 Februari 2008, 10:17 WIB.

<http://www.clontech.com>, diakses 1 Februari 2008, 10:33 WIB.

<http://www.biologycorner.com/bio3/notes-immunology.html>, diakses 1 Februari 2008, 10:23 WIB.

<http://www.ust.hk/roundtable/hi-tech.series/1-b.html>, diakses 1 Februari 2008, 10:37 WIB.

http://www.nobelprize.org/educational_games/medicinal/dna/a/translation/elongation.html, diakses 2 Februari 2008, 09:37 WIB.

http://www.burung.org/detail_txt.php?op=news&id=106, diakses 22 Februari 2008, 14:13 WIB.

Lampiran 1. Informasi Genetik Virus H5N1 *Hemagglutinin* dalam Format GBFF

```

1: hemagglutinin [In...[gi:124098927]
LOCUS      ABM90478                552 aa                linear   VRL 24-JAN-2007
DEFINITION hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC1032/2007(H5N1))].
ACCESSION  ABM90478
VERSION    ABM90478.1  GI:124098927
DBSOURCE   accession CY019384.1
KEYWORDS   .
SOURCE     Influenza A virus (A/Indonesia/CDC1032/2007(H5N1))
ORGANISM   Influenza A virus \(A/Indonesia/CDC1032/2007\(H5N1\)\)
           Viruses; ssRNA negative-strand viruses; Orthomyxoviridae;
           Influenzavirus A.
REFERENCE  1 (residues 1 to 552)
AUTHORS    Balish,A., Deyde,V., Garten,R., Lindstrom,S., Shu,B., Smith,C.,
           Smith,E. and Xu,X.
TITLE      Avian Influenza Associated with Outbreaks in Indonesia
JOURNAL    Unpublished
REFERENCE  2 (residues 1 to 552)
AUTHORS    Balish,A., Deyde,V., Garten,R., Lindstrom,S., Shu,B., Smith,C.,
           Smith,E. and Xu,X.
TITLE      Direct Submission
JOURNAL    Submitted (24-JAN-2007) WHO Collaborating Center for Surveillance,
           Epidemiology and Control of Influenza, Influenza Branch, Centers
           for Disease Control and Prevention, 1600 Clifton Road NE, Atlanta,
           GA 30333, USA
COMMENT    Method: conceptual translation.
FEATURES   Location/Qualifiers
           source                1..552
                                   /organism="Influenza A virus
                                   (A/Indonesia/CDC1032/2007(H5N1))"
                                   /strain="A/Indonesia/CDC1032/2007"
                                   /serotype="H5N1"
                                   /isolation_source="gender:F; age:37; Throat Swab"
                                   /specific_host="Human"
                                   /db_xref="taxon:421471"
                                   /segment="4"
                                   /lab_host="E1 passage(s)"
                                   /country="Indonesia"
                                   /collection_date="6-Jan-2007"
           Protein                <1..552
                                   /product="hemagglutinin"
                                   /function="receptor binding and fusion protein"
           Region                3..552
                                   /region_name="Hemagglutinin"
                                   /note="Hemagglutinin. Hemagglutinin from influenza virus
                                   causes membrane fusion of the viral membrane with the host
                                   membrane. Fusion occurs after the host cell internalises
                                   the virus by endocytosis; pfam00509"
                                   /db_xref="CDD:64376"
           CDS                1..552
                                   /gene="HA"
                                   /coded_by="CY019384.1:<1..1659"
ORIGIN
1 dqicigyhan nsteqvdtim eknvtvthaq dilekthngk lcdldgvkpl ilrdcsvagw
61 llgnpmcdef invpewyiv ekanptndlc ypgsfndyee lkhllsrinh fekiqiipks
121 swsdheassg vssacpylgs psffrnvwwl ikknsttypti kksynntnqe dllvlwgihh
181 pnneeetrll yqnpptyisi gtstlnqrly pkiatrskvn gqsgmreffw tilkpndain
241 fesngnfiap eyaykivkkg dsaimksele ysnctkqct pmgainssmp fhnihpltig
301 ecpsyvkssr lvlatglrns pqresrkkkr glfgaiagfi eggwqgmvdg wygyhhsneq
361 gsgyaadkes tqkaidgvtn kvnsiidkmm tqfeavgref nmlerrienl nkkmedgfld
421 wtyynaellv lmenertldf hdsnvknlyd kvrlqlrnda kelgngcfef yhkcdnecme
481 sirngtynyp qyseearlkr eeisgvkles igtyqilsiy stvasslala imiaglsilm
541 csngslqcri ci

```

Lampiran 2. Daftar Kode Dua Puluh Asam Amino

No	Kode satu huruf	Kode tiga huruf	Nama
1	A	Ala	Alanin
2	R	Arg	Arginin
3	N	Asn	Aspargin
4	D	Asp	Asam aspartat
5	C	Cys	Sistein
7	Q	Gln	Glutamin
6	E	Glu	Asam glutamat
8	G	Gly	Glisin
9	H	His	Histidin
10	I	Ile	Isoleusin
11	L	Leu	Leusin
12	K	Lys	Lisin
13	M	Met	Metionin
14	F	Phe	Fenilalanin
15	P	Pro	Prolin
16	S	Ser	Serin
17	T	The	Treonin
18	W	Trp	Triptofan
19	Y	Tyr	Tirosin
20	V	Val	Valin

Lampiran 3. Sekuens Asam Amino H5N1 *Hemagglutinin* (HA), *Neuraminidase* (NA), dan matrik 2 (M2) *host human* dalam Format FASTA

Hemagglutinin (HA)

```
>gi|157955586|gb|ABW06200|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/05/10/ hemagglutinin [Influenza A virus
(A/Indonesia/535H/2006(H5N1))]
MEKIVLLLATVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPEWSYIVEKANPANGLCYPGNFNDYEELKHLLSRINHFELQIIPKSSWSD
HEASLGVSSACPYLGRSSFFRNVVWLIKKNNTYPTIKRSYNNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISVGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGDCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRERRRKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNMLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWTYNAELLVLMENERLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGYQILSIYSTVASSLALAIMMAGLSLWMCNSG
SLQCRVC
>gi|145284450|gb|ABP51969|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2005/// hemagglutinin [Influenza A virus
(A/Indonesia/5/05(H5N1))]
MEKIVLLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPEWSYIVEKANPTNDLCYPGSFNDYEELKHLLSRINHFELQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGRSSFFRNVVWLIKKNNTYPTIKKSYNNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRERRRKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNMLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWTYNAELLVLMENERLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMMAGLSLWMCNSG
SLQCRIC
>gi|157955881|gb|ABW06367|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2005/// hemagglutinin [Influenza A virus
(A/Indonesia/7/2005(H5N1))]
MEKIMLLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPEWSYIVEKANPTNDLCYPGSFNDYEELKHLLSRINHFELQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGRSSFFRNVVWLIKKNNTYPTIKKSYNNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRERRRKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNMLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWTYNAELLVLMENERLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMMAGLSLWMCNSG
SLQCRIC
>gi|118864330|gb|ABI49415|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/// hemagglutinin [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC759/2006(H5N1))]
MEKIVLLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPEWSYIVEKANPTNDLCYPGSFNDYEELKHLLSRINHFELQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGRSSFFRNVVWLIKKNNTYPTIKKSYNNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWAILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRERRRKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNMLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWTYNAELLVLMENERLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNSG
SLQCRIC
>gi|158604860|gb|ABW74701|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/// hemagglutinin [Influenza A virus
(A/Indonesia/TLL001/2006(H5N1))]
MEKIVLLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPEWSYIVEKANPTNDLCYPGSFNDYEELKHLLSRINHFELQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGRSSFFRNVVWLIKKNNTYPTIKKSYNNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTTGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRERRRKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNMLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWTYNAELLVLMENERLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMMAGLSLWMCNSG
```


SLQCRICI
>gij158604862|gb|ABW74702|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/// hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/TLL002/2006(H5N1))]
MEKIVLLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIWEKANPTNDLCYPGFSFNDYEELKHLISRINHFKEIQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSSSFRRNVVWLIKKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATR SKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFFNNLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWVTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMMAGLSLWMCNSG
SLQCRICI
>gij158604864|gb|ABW74703|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/// hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/TLL003/2006(H5N1))]
MEKIVLLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILKD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIWEKANPTNDLCYPGFSFNDYEELKHLISRINHFKEIQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSPSFFRRNVVWLIKKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATR SKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFFNSLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWVTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNSG
SLQCRICI
>gij158604866|gb|ABW74704|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/// hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/TLL004/2006(H5N1))]
MEKIVLLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIWEKANPTNDLCYPGFSFNDYEELKHLISRINHFKEIQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSPSFFRRNVVWLIKKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATR SKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFFNNLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWVTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNSG
SLQCRICI
>gij158604868|gb|ABW74705|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/// hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/TLL005/2006(H5N1))]
MEKIVLLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIWEKANPTNDLCYPGFSFNDYEELKHLISRINHFKEIQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSPSFFRRNVVWLIKKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATR SKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFFNNLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWVTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNSG
SLQCRICI
>gij158604870|gb|ABW74706|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/// hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/TLL006/2006(H5N1))]
MEKIVLLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIWEKANPTNDLCYPGFSFNDYEELKHLISRINHFKEIQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSPSFFRRNVVWLIKKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATR SKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFFNNLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWVTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMMAGLSLWMCNSG
SLQCRICI
>gij158604872|gb|ABW74707|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/// hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/TLL007/2006(H5N1))]
MEKIVLLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIWEKANPTNDLCYPGFSFNDYEELKHLISRINHFKEIQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSPSFFRRNVVWLIKKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATR SKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFFNNLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWVTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNSG
SLQCRICI

>gi|158604874|gb|ABW74708|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/// hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/TLL008/2006(H5N1))]
MEKIVLLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNTVTTHAQDILEKTHNGKLCDDLDGVKPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPEWSYIVEKANPTNDLCYPGSFNDYEELKHLISRINHFKEKIQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSPSFFRNVVWLIKKNSTYPTIKKSYNNNTNQEDLLVWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNMLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWYNAELLVLMENERLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNSG
SLQCRICI

>gi|158604876|gb|ABW74709|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/// hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/TLL009/2006(H5N1))]
MEKIVLLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNTVTTHAQDILEKTHNGKLCDDLDGVKPLILKD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPEWSYIVEKANPTNDLCYPGSFNDYEELKHLISRINHFKEKIQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSPSFFRNVVWLIKKNSTYPTIKKSYNNNTNQEDLLVWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLXPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNMLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWYNAELLVLMENERLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNSG
SLQCRICI

>gi|158604878|gb|ABW74710|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/// hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/TLL010/2006(H5N1))]
MEKIVLLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNTVTTHAQDILEKTHNGKLCDDLDGVKPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPEWSYIVEKANPTNDLCYPGSFNDYEELKHLISRINHFKEKIQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSPSFFRNVVWLIKKNSTYPTIKKSYNNNTNQEDLLVWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNMLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWYNAELLVLMENERLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNSG
SLQCRICI

>gi|158604880|gb|ABW74711|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/// hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/TLL011/2006(H5N1))]
MEKIVLLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNTVTTHAQDILEKTHNGKLCDDLDGVKPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPEWSYIVEKANPTNDLCYPGSFNDYEELKHLISRINHFKEKIQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSPSFFRNVVWLIKKNSTYPTIKKSYNNNTNQEDLLVWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNMLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWYNAELLVLMENERLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNSG
SLQCRICI

>gi|158604882|gb|ABW74712|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/// hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/TLL012/2006(H5N1))]
MEKIVLLLSIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNTVTTHAQDILEKTHNGKLCDDLDGVKPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPEWSYIVEKANPTNDLCYPGSFNDYEELKHLISRINHFKEKIQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSPSFFRNVVWLIKKNSTYPTIKKSYNNNTNQEDLLVWGIHHPNDEEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYSNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNMLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWYNAELLVLMENERLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNSG
SLQCRICI

>gi|157955770|gb|ABW06304|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/01/14/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/283H/2006(H5N1))]
MEKIVLLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNTVTTHAQDILEKTHNGKLCDDLDGVKPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPEWSYIVEKANPTNDLCYPGSFNDYEELKHLISRINHFKEKIQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSPSFFRNVVWLIKKNSTYPTIKKSYNNNTNQEDLLVWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILNPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNMLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWYNAELLVLMENERLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNSG
SLQCRICI

>gij157955753|gb|ABW06295| /Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/01/14/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/286H/2006(H5N1))]
MEKIVLLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNTVTTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIVEKANPTNDLCYPGFSFNDYEELKHLISRINHFELQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSFSFFRNWVWLIKKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILNPNDAINFESNGNFAIPEYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKRLGFLG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFFNNLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWVTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMMAGLSLWMCNSG
SLQCRVICI

>gij113496047|gb|ABI36198| /Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/03/23/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC523/2006(H5N1))]
MEKIVLLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNTVTTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIVEKANPTNDLCYPGFSFNDYEELKHLISRINHFELQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSFSFFRNWVWLIKKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFAIPEYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKRLGFLG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFFNNLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWVTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNSG
SLQCRVICI

>gij157955605|gb|ABW06211| /Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/05/09/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/538H/2006(H5N1))]
MEKIVLLLATVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNTVTTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIVEKANPANGLCYPGNFNDYEELKHLISRINHFELQIIPKSSWSD
HEASLGVSSACPYLGRSSFFRNWVWLIKKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISVGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFAIPEYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGDCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKRLGFLG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFFNNLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWVTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMMAGLSLWMCNSG
SLQCRVICI

>gij157955531|gb|ABW06169| /Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/05/10/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/542H/2006(H5N1))]
MEQIVLLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNTVTTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIVEKANPTNDLCYPGFSFNDYEELKHLISRINHFELQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGRSSFFRNWVWLIKKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFAIPEYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKRLGFLG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFFNNLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWVTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNSG
SLQCRVICI

>gij113495896|gb|ABI36166| /Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/05/10/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC596/2006(H5N1))]
MEKIVLLLATVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNTVTTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIVEKANPANGLCYPGNFNDYEELKHLISRINHFELQIIPKSSWSD
HEASLGVSSACPYLGRSSFFRNWVWLIKKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISVGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFAIPEYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGDCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKRLGFLG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFFNNLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWVTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMMAGLSLWMCNSG
SLQCRVICI

>gij113495952|gb|ABI36177| /Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/05/10/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC597/2006(H5N1))]
MEKIVLLLATVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNTVTTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIVEKANPANGLCYPGNFNDYEELKHLISRINHFELQIIPKSSWSD
HEASLGVSSACPYLGRSSFFRNWVWLIKKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISVGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFAIPEYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGDCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKRLGFLG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFFNNLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWVTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMMAGLSLWMCNSG
SLQCRVICI

>gi|157955496|gb|ABW06150|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/05/17/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/546bH/2006(H5N1))]
MEKIVLLLATVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPEWSYIVEKANPANGLCYPGNFNDEEELKHLISRINHFELKQIIPKSSWSD
HEASLGVSSACPYLGRSSFFRNVVWLIKNNNTYPTIKRSYNNNTNQEDLLVWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISVGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPPEYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGDCNCKQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRERRRRKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNMLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWYNAELLVLMENERLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGIYQILSIYSTVASSLALAIMMAGLSLWMCNSG
SLQCRVCI

>gi|113497047|gb|ABI36406|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/05/22/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC625L/2006(H5N1))]
MEKIVLLLATVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPEWSYIVEKANPANGLCYPGNFNDEEELKHLISRINHFELKQIIPKSSWSD
HEASLGVSSACPYLGRSSFFRNVVWLIKNNNTYPTIKRSYNNNTNQEDLLVWGLHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISVGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPPEYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGDCNCKQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRERRRRKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNMLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWYNAELLVLMENERLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGIYQILSIYSTVASSLALAIMMAGLSLWMCNSG
SLQCRVCI

>gi|113495780|gb|ABI36144|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/05/9/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC594/2006(H5N1))]
MEKIVLLLATVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPEWSYIVEKANPANGLCYPGNFNDEEELKHLISRINHFELKQIIPKSSWSD
HEASLGVSSACPYLGRSSFFRNVVWLIKNNNTYPTIKRSYNNNTNQEDLLVWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISVGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPPEYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGDCNCKQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRERRRRKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNMLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWYNAELLVLMENERLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGIYQILSIYSTVASSLALAIMMAGLSLWMCNSG
SLQCRVCI

>gi|113495837|gb|ABI36155|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/05/9/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC595/2006(H5N1))]
MEKIVLLLATVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPEWSYIVEKANPANGLCYPGNFNDEEELKHLISRINHFELKQIIPKSSWSD
HEASLGVSSACPYLGRSSFFRNVVWLIKNNNTYPTIKRSYNNNTNQEDLLVWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISVGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPPEYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGDCNCKQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRERRRRKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNMLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWYNAELLVLMENERLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGIYQILSIYSTVASSLALAIMMAGLSLWMCNSG
SLQCRVCI

>gi|113497156|gb|ABI36428|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/06/13/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC669/2006(H5N1))]
MEKIVLLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPEWSYIVEKANPTNDLCYPGFSFNDEEELKHLISRINHFELKQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGRSSFFRNVVWLIKNNNTYPTIKRSYNNNTNQEDLLVWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWAILKPNDAINFESNGNFIAPPEYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGDCNCKQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRERRRRKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNMLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWYNAELLVLMENERLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNSG
SLQCRVCI

>gi|113497215|gb|ABI36439|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/06/13/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC669P/2006(H5N1))]
MEKIVLLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPEWSYIVEKANPTNDLCYPGFSFNDEEELKHLISRINHFELKQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGRSSFFRNVVWLIKNNNTYPTIKRSYNNNTNQEDLLVWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWAILKPNDAINFESNGNFIAPPEYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGDCNCKQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRERRRRKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNMLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWYNAELLVLMENERLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNSG
SLQCRVCI

>gij113497265[gb]ABI36450[Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/07/6/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC699/2006(H5N1))]
MEKIVLLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILGKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIWEKANPTNDLCYPGSFNDYEELKHLISRINHFEKIQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSPSFFRNWVWLIKKNSTYPTIKTSYNNNTNQEDLLVLWGIHHSNDAAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFFNNLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWVTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNSG
SLQCRIC

>gij118864277[gb]ABI49396[Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/08/5/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC739/2006(H5N1))]
MEKIVLLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILGKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIWEKANPTNDLCYPGSFNDYEELKHLISRINHFEKIQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSPSFFRNWVWLIKKNSTYPTIKTSYNNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWAILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFFNNLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWVTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNSG
SLQCRIC

>gij118864126[gb]ABL31744[Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/09/22/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC835/2006(H5N1))]
MEKIVLLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIWEKANPTNDLCYPGSFNDYEELKHLISRINHFEKIQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSPSFFRNWVWLIKKNSTYPTIKTSYNNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFFNNLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWVTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNSG
SLQCRIC

>gij118864183[gb]ABL31755[Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/09/24/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC836/2006(H5N1))]
MEKIVLLLAIVSFKSDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIWEKANPTNDLCYPGSFNDYEELKHLISRINHFEKIQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSPSFFRNWVWLIKKNSTYPTIKTSYNNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWAILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFFNNLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWVTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNSG
SLQCRIC

>gij118864224[gb]ABL31766[Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/09/24/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC836T/2006(H5N1))]
MEKIVLLLAIVSFKSDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIWEKANPTNDLCYPGSFNDYEELKHLISRINHFEKIQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSPSFFRNWVWLIKKNSTYPTIKTSYNNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWAILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFFNNLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWVTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNSG
SLQCRIC

>gij118864380[gb]ABL31780[Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/10/14/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC887/2006(H5N1))]
MEKIVLLSIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIWEKANPTNDLCYPGSFNDYEELKHLISRINHFEKIQIIPKGSWSD
HEASSGVSSACPYLRSPSFFRNWVWLIKKNSTYPTIKTSYNNNTNQEDLLVLWGIHHPNNEAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFFNNLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWVTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNSG
SLQCRIC

>gi|118574870|gb|ABL07008|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/11/10/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC938/2006(H5N1))]
MEKIVLLLSIVSLVKSDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNTVTTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPEWSYIVEKANPTNDLCYPGSFNDEEELKHLISRINHFKEKIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSPSFFRNVVWLTCKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNNEAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPEYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYSNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNMLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNSG
SLQCRICI

>gi|118574889|gb|ABL07019|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/11/10/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC938E/2006(H5N1))]
MEKIVLLLSIVSLVKSDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNTVTTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPEWSYIVEKANPTNDLCYPGSFNDEEELKHLISRINHFKEKIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSPSFFRNVVWLTCKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNNEAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPEYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYSNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNMLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNSG
SLQCRICI

>gi|118574908|gb|ABL07030|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/11/12/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC940/2006(H5N1))]
MEKIVLLLSIVSLVKSDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNTVTTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPEWSYIVEKANPTNDLCYPGSFNDEEELKHLISRINHFKEKIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSPSFFRNVVWLTCKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWAILKPNDAINFESNGNFIAPEYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYSNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNMLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNSG
SLQCRICI

>gi|124099004|gb|ABM90511|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2007/01/11/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC1046/2007(H5N1))]
MEKIVLLLSIVSLVKSDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNTVTTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILKD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPEWSYIVEKANPTNDLCYPGSFNDEEELKHLISRINHFKEKIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSPSFFRNVVWLTCKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNNEAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPEYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYSNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNMLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNSG
SLQCRICI

>gi|124099026|gb|ABM90522|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2007/01/11/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC1046T/2007(H5N1))]
MEKIVLLLSIVSLVKSDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNTVTTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILKD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPEWSYIVEKANPTNDLCYPGSFNDEEELKHLISRINHFKEKIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSPSFFRNVVWLTCKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNNEAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPEYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYSNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNMLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNSG
SLQCRICI

>gi|124099052|gb|ABM90533|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2007/01/12/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC1047/2007(H5N1))]
MEKIVLLLSIVSLVKSDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNTVTTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILKD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPEWSYIVEKANPTNDLCYPGSFNDEEELKHLISRINHFKEKIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSPSFFRNVVWLTCKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNNEAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPEYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYSNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNMLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNSG
SLQCRICI

>gij124099078|gb|ABM90544|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2007/01/12/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC1047S/2007(H5N1))]
MEKIVLLLSIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILKD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIVEKANPTNDLCYPGSFNDYEELKHLISRINHFKEIQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSFSPFRNVVWLIKKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNNEEEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGCEPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNNLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWVTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNSG
SLQCRIC

>gij124098903|gb|ABM90467|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2007/01/5/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC1031RE2/2007(H5N1))]
MEKIVLLLSIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIVEKANPTNDLCYPGSFNDYEELKHLISRINHFKEIQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSFSPFRNVVWLIKKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNNEAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGCEPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNNLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWVTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNSG
SLQCRIC

>gij157955423|gb|ABW06108|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2005/// hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/5/2005(H5N1))]
MEKIVLLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIVEKANPTNDLCYPGSFNDYEELKHLISRINHFKEIQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSFSPFRNVVWLIKKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGCEPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNNLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWVTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMMAGLSLWMCNSG
SLQCRIC

>gij157955864|gb|ABW06358|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2005/11/11/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/175H/2005(H5N1))]
MEKIVLLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIVEKANPTNGLCYPGSFNDYEELKHLISRINHFKEIQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSFSPFRNVVWLIKKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGCEPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNNLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWVTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMMAGLSLWMCNSG
SLQCRIC

>gij157955548|gb|ABW06178|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/05/13/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/546H/2006(H5N1))]
MEKIVLLLATVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIVEKANPANGLCYPGNFNDYEELKHLISRINHFKEIQIIPKSSWSD
HEASLGVSSACPYLGRSSFFRNVVWLIKKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNP
TTYISVGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGDCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGCEPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNNLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWVTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMMAGLSLWMCNSG
SLQCRVIC

>gij157955845|gb|ABW06347|/Human/4(HA)/H5N1/Indonesia/2006/11/08/ hemagglutinin [Influenza A virus (A/Indonesia/160H/2005(H5N1))]
MEKIMLLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIVEKANPTNDLCYPGSFNDYEELKHLISRINHFKEIQIIPKSSWSD
HEASSGVSSACPYLGSFSPFRNVVWLIKKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNDGAEQTRLYQNP
TTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAI
MKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGCEPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQGSYAADKESTQRAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNNLE
RRIENLNKKMEDGFLDVWVTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKC
DNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMMAGLSLWMCNSG
SLQCRIC

Neuraminidase (NA)

>gi|157955679|gb|ABW06254|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/02/10/ neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/321H/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMVIGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVYSKDNIRIGSKGDVFIREFPISCSHLECRFTFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPSTNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSN
RPWVSFNQNLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSG
FEMIWDPNGWGTGDSFVSKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTSVSWSPDGAELPFTMT

>gi|157955660|gb|ABW06243|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/02/21/ neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/341H/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMVIGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLTEKAMASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSDNNIRIGSKGDVFIREFPISCSHLECRFTFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPSTNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSN
RPWVSFNQNLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSG
FEMIWDPNGWGTGDSFVSKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTSVSWSPDGAELPFTID

>gi|157955584|gb|ABW06199|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/05/10/ neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/535H/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMAIGTVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSDNSIRIGSKGDVFIREFPISCSHSECRFTFLTQGALLNDKHSNETVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNGAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPSTNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSN
RPWVSFNQNLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSSNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSG
FEMIWDPNGWGTGDSFVSKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTSVSWSPDGAELPFTID

>gi|157955546|gb|ABW06177|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/05/13/ neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/546H/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMAIGTVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSDNSIRIGSKGDVFIREFPISCSHSECRFTFLTQGALLNDKHSNETVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNGAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPSTNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSN
RPWVSFNQNLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSSNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSG
FEMIWDPNGWGTGDSFVSKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTSVSWSPDGAELPFTID

>gi|157955787|gb|ABW06314|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2005/// neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/245H/2005(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMVIGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSDNNIRIGSKGDVFIREFPISCSHLECRFTFLTQGALLNDKHSNETVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPSTNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSN
RPWVSFNQNLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSG
FEMIWDPNGWGTGDSFVSKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTSVSWSPDGAELPFTIDK

>gi|157955421|gb|ABW06107|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2005/// neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/5/2005(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMVIGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSDNNIRIGSKGDVFIREFPISCSHLECRFTFLTQGALLNDKHSNETVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPSTNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSN
RPWVSFNQNLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSG
FEMIWDPNGWGTGDSFVSKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTSVSWSPDGAELPFTIDK

>gi|157955897|gb|ABW06376|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2005/// neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/6/2005(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMVIGIVSLLLQIGNMISIWISHSIQTGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSDNSIRIGSKGDVFIREFPISCSHLECRFTFLTQGALLNDKHSNETVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNGAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPSTNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSN
RPWVSFNQNLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMFPNGAYGIKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSG

FEMWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHP ELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSD TVNSWPDGAELPFTIDK
>gij157955879|gb|ABW06366| /Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2005/// neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/7/2005(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDV FVIREPFISCSHLECR TFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGT SWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGP SNGQASYKIFKMEKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVC RDNWHGSN
RPWVSFNQNL EYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGF SFKYNGVWIGRTKSTNSRSG
FEMWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHP ELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSD TVNSWPDGAELPFTIDK
>gij157955862|gb|ABW06357| /Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2005/11/11/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/175H/2005(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDV FVIREPFISCSHLECR TFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGT SWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGP SNGQASYKIFKMEKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVC RDNWHGSN
RPWVSFNQNL EYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGF SFKYNGVWIGRTKSTNSRSG
FEMWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHP ELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSD TVNSWPDGAELPFTIDK
>gij157955698|gb|ABW06265| /Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/// neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/292H/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDV FVIREPFISCSHLECR TFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGT SWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGP SNGQASYKIFKMEKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVC RDNWHGSN
RPWVSFNQNL EYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGF SFKYNGVWIGRTKSTNSRSG
FEMWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHP ELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSD TVNSWPDGAELPFTIDK
>gij113972330|gb|ABI49417| /Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/// neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC759/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDV FVIREPFISCSHLECR TFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGT SWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGP SNGQASYKIFKMEKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVC RDNWHGSN
RPWVSFNQNL EYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGF SFKYNGVWIGRTKSTNSRSG
FEMWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHP ELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSD TVNSWPDGAELPFTIDK
>gij113972330|gb|ABI49417| /Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/// neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC759/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDV FVIREPFISCSHLECR TFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGT SWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGP SNGQASYKIFKMEKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVC RDNWHGSN
RPWVSFNQNL EYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGF SFKYNGVWIGRTKSTNSRSG
FEMWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHP ELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSD TVNSWPDGAELPFTIDK
>gij157955768|gb|ABW06303| /Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/01/14/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/283H/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLEKAVASVTLG NSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDV FVIREPFISCSHLECR TFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGT SWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGP SNGQASYKIFKMEKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVC RDNWHGSN
RPWVSFNQNL EYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGF SFKYNGVWIGRTKSTNSRSG
FEMWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHP ELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSD TVNSWPDGAELPFTIDK
>gij157955751|gb|ABW06294| /Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/01/14/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/286H/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLEKAVASVTLG NSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDV FVIREPFISCSHLECR TFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGT SWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGP SNGQASYKIFKMEKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVC RDNWHGSN
RPWVSFNQNL EYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGF SFKYNGVWIGRTKSTNSRSG
FEMWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHP ELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSD TVNSWPDGAELPFTIDK
>gij113496058|gb|ABI36200| /Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/03/23/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC523/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDV FVIREPFISCSHLECR TFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGT SWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGP SNGQASYKIFKMEKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVC RDNWHGSN
RPWVSFNQNL EYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGF SFKYNGVWIGRTKSTNSRSG
FEMWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHP ELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSD TVNSWPDGAELPFTIDK
>gij113496417|gb|ABI36278| /Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/03/23/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC523E/2006(H5N1))]

MNPNQKIITIGSICMVGIVLSMLQIGNMISIWVSHSIQKGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFVIREPFISCSHLECRFTFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPSTNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGNS
RPWVSFNQNLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSR
FEMIWDPNGWGTGDSFVSKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK
>gi|113496471|gb|ABI36287|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/03/23/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC523T/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMVGIVLSMLQIGNMISIWVSHSIQKGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFVIREPFISCSHLECRFTFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPSTNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGNS
RPWVSFNQNLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSR
FEMIWDPNGWGTGDSFVSKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK
>gi|113496518|gb|ABI36298|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/04/26/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC582/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMVGIVLSMLQIGNMISIWVSHSIQKGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFVIREPFISCSHLECRFTFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPSTNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGNS
RPWVSFNQNLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSR
FEMIWDPNGWGTGDSFVSKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK
>gi|157955529|gb|ABW06168|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/05/10/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/542H/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMVGIVLSMLQIGNMISIWVSHSIQKGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFVIREPFISCSHLECRFTFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPSTNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGNS
RPWVSFNQNLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSR
FEMIWDPNGWGTGDSFVSKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK
>gi|113495914|gb|ABI36168|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/05/10/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC596/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMAIGTVSLMLQIGNMISIWVSHSIQKGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFVIREPFISCSHSECRFTFLTQGALLNDKHSNETVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNGAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPSTNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGNS
RPWVSFNQNLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSSNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSR
FEMIWDPNGWGTGDSFVSKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK
>gi|113495963|gb|ABI36179|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/05/10/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC597/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMAIGTVSLMLQIGNMISIWVSHSIQKGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFVIREPFISCSHSECRFTFLTQGALLNDKHSNETVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNGAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPSTNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGNS
RPWVSFNQNLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSSNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSR
FEMIWDPNGWGTGDSFVSKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK
>gi|113496008|gb|ABI36189|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/05/11/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC599/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMAIGTVSLMLQIGNMISIWVSHSIQKGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFVIREPFISCSHSECRFTFLTQGALLNDKHSNETVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNGAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPSTNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGNS
RPWVSFNQNLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSSNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSR
FEMIWDPNGWGTGDSFVSKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK
>gi|113496586|gb|ABI36314|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/05/11/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC610/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMVGIVLSMLQIGNMISIWVSHSIQKGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFVIREPFISCSHLECRFTFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPSTNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGNS

RPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGF SFKYNGVWIGRTKSTNSRSRG
FEMIWDPNNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSD TVSWSWPDGAELPFTIDK
>gij157955494|gb|ABW06149|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/05/17/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/546bH/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMAIGTVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSHKDNSIRIGSKGDV FVIREPFI SC SHSECR TFFLTQ GALLNDKHSNETVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGT SWLTIGISGPDNGAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGP SNGQASYKIFKMEKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSN
RPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSSNGAYGVKGF SFKYNGVWIGRTKSTNSRSRG
FEMIWDPNNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSD TVSWSWPDGAELPFTIDK
>gij113496640|gb|ABI36325|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/05/18/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC623/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMVI GIVSLMLQIGNMISIWVSHSVQ TGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSHKDN NIRIGSKGDV FVIREPFI SC SHLECR TFFLTQ GALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPLGEAPSPYNSRFESV SWSASACHDGT SWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGP SNGQASYKIFKMEKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSN
RPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGF SFKYNGVWIGRTKSTNSRSRG
FEMIWDPNNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SIISFCGVNSD TVSWSWPDGAELPFTIDK
>gij113496690|gb|ABI36336|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/05/19/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC623E/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMVI GIVSLMLQIGNMISIWVSHSVQ TGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSHKDN NIRIGSKGDV FVIREPFI SC SHLECR TFFLTQ GALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPLGEAPSPYNSRFESV SWSASACHDGT SWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGP SNGQASYKIFKMEKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSN
RPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGF SFKYNGVWIGRTKSTNSRSRG
FEMIWDPNNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SIISFCGVNSD TVSWSWPDGAELPFTIDK
>gij113496737|gb|ABI36347|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/05/19/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC624/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMVI GIVSLMLQIGNMISIWVSHSVQ TGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSHKDN NIRIGSKGDV FVIREPFI SC SHLECR TFFLTQ GALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESV SWSASACHDGT SWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGP SNGQASYKIFKMEKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSN
RPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGF SFKYNGVWIGRTKSTNSRSRG
FEMIWDPNNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SIISFCGVNSD TVSWSWPDGAELPFTIDK
>gij113496824|gb|ABI36358|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/05/19/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC624E/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMVI GIVSLMLQIGNMISIWVSHSVQ TGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSHKDN NIRIGSKGDV FVIREPFI SC SHLECR TFFLTQ GALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESV SWSASACHDGT SWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGP SNGQASYKIFKMEKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSN
RPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGF SFKYNGVWIGRTKSTNSRSRG
FEMIWDPNNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SIISFCGVNSD TVSWSWPDGAELPFTIDK
>gij157955512|gb|ABW06159|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/05/20/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/560H/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMAIGTVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSHKDNSIRIGSKGDV FVIREPFI SC SHSECR TFFLTQ GALLNDKHSNETVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESV SVAWSASACHDGT SWLTIGISGPDNGAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGP SNGQASYKIFKMEKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSN
RPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSSNGAYGVKGF SFKYNGVWIGRTKSTNSRSRG
FEMIWDPNNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSD TVSWSWPDGAELPFTIDK
>gij113496873|gb|ABI36369|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/05/21/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC625/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMAIGTVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSHKDNSIRIGSKGDV FVIREPFI SC SHSECR TFFLTQ GALLNDKHSNETVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESV SVAWSASACHDGT SWLTIGISGPDNGAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGP SNGQASYKIFKMEKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSN
RPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSSNGAYGVKGF SFKYNGVWIGRTKSTNSRSRG
FEMIWDPNNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSD TVSWSWPDGAELPFTIDK

>gi|113497087|gb|ABI36413|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/05/22/ neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC625L/2006(H5N1))]
MNPNQIITIGSICMAIGTVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNSIRIGSKGDVVFVIREPFISCSHSECRFTFFLTQGALLNDKHSNETVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNGAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPSNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSN
RPWVSFNQNLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSSNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSG
FEMIWDPNGWGTGDSFVSVKQDIVAIDTWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK
>gi|113496924|gb|ABI36380|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/05/23/ neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC634/2006(H5N1))]
MNPNQIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSTQKGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFVIREPFISCSHLECRFTFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPSNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSN
RPWVSFNQNLEYQIGYICSGIFGDNPRPNDGTGSCGPMFPNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSG
FEMIWDPNGWGTGDSFVSVKQDIVAIDTWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK
>gi|113496975|gb|ABI36391|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/05/23/ neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC634P/2006(H5N1))]
MNPNQIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSTQKGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFVIREPFISCSHLECRFTFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPSNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSN
RPWVSFNQNLEYQIGYICSGIFGDNPRPNDGTGSCGPMFPNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSG
FEMIWDPNGWGTGDSFVSVKQDIVAIDTWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK
>gi|113497028|gb|ABI36402|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/05/23/ neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC634T/2006(H5N1))]
MNPNQIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSTQKGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFVIREPFISCSHLECRFTFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPSNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSN
RPWVSFNQNLEYQIGYICSGIFGDNPRPNDGTGSCGPMFPNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSG
FEMIWDPNGWGTGDSFVSVKQDIVAIDTWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK
>gi|157955622|gb|ABW06221|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/05/29/ neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/567H/2006(H5N1))]
MNPNQIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSTQKGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFVIREPFISCSHLECRFTFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPSNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSN
RPWVSFNQNLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSG
FEMIWDPNGWGTGDSFVSVKQDIVAIDTWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK
>gi|113497328|gb|ABI36465|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/05/29/ neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC644T/2006(H5N1))]
MNPNQIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSTQKGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFVIREPFISCSHLECRFTFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPSNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSN
RPWVSFNQNLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSG
FEMIWDPNGWGTGDSFVSVKQDIVAIDTWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK
>gi|113497374|gb|ABI36476|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/05/30/ neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC644/2006(H5N1))]
MNPNQIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSTQKGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFVIREPFISCSHLECRFTFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPSNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSN
RPWVSFNQNLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSG
FEMIWDPNGWGTGDSFVSVKQDIVAIDTWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK
>gi|113495792|gb|ABI36146|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/05/9/ neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC594/2006(H5N1))]
MNPNQIITIGSICMAIGTVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNSIRIGSKGDVVFVIREPFISCSHSECRFTFFLTQGALLNDKHSNETVKDRSPHRTLMS

CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSLWTIGISGPDNGAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPNSNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGNS
RPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSSNGAYGVKGFsfkyngvwwigrtkstnsrsg
FEMWDPNGWGTGDTSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTSVSWSPDGAELPFTIDK
>gij113495851|gb|ABI36157|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/05/9/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC595/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMAIGTVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNIRIGSKGDVFIREFPISCSHSECRFFLTQGALLNDKHSNETVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSLWTIGISGPDNGAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPNSNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGNS
RPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSSNGAYGVKGFsfkyngvwwigrtkstnsrsg
FEMWDPNGWGTGDTSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTSVSWSPDGAELPFTIDK
>gij113497198|gb|ABI36435|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/06/13/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC669/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMVIIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNIRIGSKGDVFIREFPISCSHLECRFFLTQGALLNDKHSNETVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSLWTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPNSNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGNS
RPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFsfkyngvwwigrtkstnsrsg
FEMWDPNGWGTGDTSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTSVSWSPDGAELPFTIDK
>gij113497245|gb|ABI36446|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/06/13/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC669P/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMVIIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNIRIGSKGDVFIREFPISCSHLECRFFLTQGALLNDKHSNETVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSLWTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPNSNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGNS
RPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFsfkyngvwwigrtkstnsrsg
FEMWDPNGWGTGDTSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTSVSWSPDGAELPFTIDK
>gij113497296|gb|ABI36457|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/07/6/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC699/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMVIIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNIRIGSKGDVFIREFPISCSHLECRFFLTQGALLNDKHSNETVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSLWTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPNSNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGNS
RPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFsfkyngvwwigrtkstnsrsg
FEMWDPNGWGTGDTSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTSVSWSPDGAELPFTIDK
>gij113972297|gb|ABI49398|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/08/5/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC739/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMVIIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNIRIGSKGDVFIREFPISCSHLECRFFLTQGALLNDKHSNETVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSLWTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPNSNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGNS
RPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFsfkyngvwwigrtkstnsrsg
FEMWDPNGWGTGDTSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTSVSWSPDGAELPFTIDK
>gij113972316|gb|ABI49409|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/08/7/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC742/2006(H5N1))]
MNPNRKIITIGSICMVIIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNIRIGSKGDVFIREFPISCSHLECRFFLTQGALLNDKHSNETVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSLWTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPNSNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELVAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGNS
RPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFsfkyngvwwigrtkstnsrsg
FEMWDPNGWGTGDTSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTSVSWSPDGAELPFTIDK
>gij118864141|gb|ABL31746|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/09/22/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC835/2006(H5N1))]
MNPNQKIITIGSICMVIIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNIRIGSKGDVFIREFPISCSHLECRFFLTQGALLNDKHSNETVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSLWTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPNSNGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGNS
RPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFsfkyngvwwigrtkstnsrsg
FEMWDPNGWGTGDTSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG

SSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK
>gi|118864192|gb|ABL31757|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/09/24/ neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC836/2006(H5N1))]
MNPNQIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFVIREPFISCSHLECRFTFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPSTNGQASYKIFKMEKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCARDNWHGNS
RPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSR
FEMIWDPNGWGTGDTSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK
>gi|118864235|gb|ABL31768|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/09/24/ neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC836T/2006(H5N1))]
MNPNQIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFVIREPFISCSHLECRFTFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPSTNGQASYKIFKMEKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCARDNWHGNS
RPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSR
FEMIWDPNGWGTGDTSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK
>gi|118864393|gb|ABL31782|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/10/14/ neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC887/2006(H5N1))]
MNPNQIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQKGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFVIREPFISCSHLECRFTFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPSTNGQASYKIFKMKKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCARDNWHGNS
RPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSR
FEMIWDPNGWGTGDTSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK
>gi|157955843|gb|ABW06346|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/11/08/ neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/160H/2005(H5N1))]
MNPNQIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQKGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFVIREPFISCSHLECRFTFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPSTNGQASYKIFKMKKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCARDNWHGNS
RPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSR
FEMIWDPNGWGTGDTSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK
>gi|118574874|gb|ABL07010|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/11/10/ neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC938/2006(H5N1))]
MNPNQIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQKGNQHQAESISNTNPLTEKAVASITLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFVIREPFISCSHLECRFTFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPSTNGQASYKIFKMKKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCARDNWHGNS
RPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSR
FEMIWDPNGWGTGDTSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK
>gi|118574893|gb|ABL07021|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/11/10/ neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC938E/2006(H5N1))]
MNPNQIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQKGNQHQAESISNTNPLTEKAVASITLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFVIREPFISCSHLECRFTFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPSTNGQASYKIFKMKKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCARDNWHGNS
RPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSR
FEMIWDPNGWGTGDTSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK
>gi|118574912|gb|ABL07032|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2006/11/12/ neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC940/2006(H5N1))]
MNPNQIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMVSTWVSHSIQTGNQYQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFVIREPFISCSHLECRFTFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPSTNGQASYKIFKMEKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCARDNWHGNS
RPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSR
FEMIWDPNGWGTGDTSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK
>gi|124099009|gb|ABM90513|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2007/01/11/ neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC1046/2007(H5N1))]
MNPNQIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLTEKAVSVTLAGNSS

LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFIREPFISCSHLECRFFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPNSGQASYKIFKMEKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGNS
RPVVSFNQNLQYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFsfkyngvwigrtkstnsrsg
FEMWDPNGWGTGDTSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTSVSWSPDGAELPFTIDK

>gij124099031|gb|ABM90524|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2007/01/11/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC1046T/2007(H5N1))]

MNPNQKIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLEKAVVSVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFIREPFISCSHLECRFFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPNSGQASYKIFKMEKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGNS
RPVVSFNQNLQYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFsfkyngvwigrtkstnsrsg
FEMWDPNGWGTGDTSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTSVSWSPDGAELPFTIDK

>gij124099058|gb|ABM90535|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2007/01/12/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC1047S/2007(H5N1))]

MNPNQKIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLEKAVVSVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFIREPFISCSHLECRFFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPNSGQASYKIFKMEKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGNS
RPVVSFNQNLQYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFsfkyngvwigrtkstnsrsg
FEMWDPNGWGTGDTSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTSVSWSPDGAELPFTIDK

>gij124099084|gb|ABM90546|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2007/01/12/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC1047S/2007(H5N1))]

MNPNQKIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLEKAVVSVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFIREPFISCSHLECRFFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPNSGQASYKIFKMEKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGNS
RPVVSFNQNLQYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFsfkyngvwigrtkstnsrsg
FEMWDPNGWGTGDTSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTSVSWSPDGAELPFTIDK

>gij124098582|gb|ABM90436|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2007/01/5/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC1031/2007(H5N1))]

MNPNQKIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQKGNQHQAESISNTNPLEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFIREPFISCSHLECRFFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPNSGQASYKIFKMKKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGNS
RPVVSFNQNLQYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFsfkyngvwigrtkstnsrsg
FEMWDPNGWGTGDTSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTSVSWSPDGAELPFTIDK

>gij124098908|gb|ABM90469|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2007/01/5/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC1031RE2/2007(H5N1))]

MNPNQKIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQKGNQHQAESISNTNPLEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFIREPFISCSHLECRFFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPNSGQASYKIFKMKKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGNS
RPVVSFNQNLQYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFsfkyngvwigrtkstnsrsg
FEMWDPNGWGTGDTSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTSVSWSPDGAELPFTIDK

>gij124098853|gb|ABM90447|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2007/01/5/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC1031T/2007(H5N1))]

MNPNQKIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQKGNQHQAESISNTNPLEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFIREPFISCSHLECRFFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPNSGQASYKIFKMKKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGNS
RPVVSFNQNLQYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFsfkyngvwigrtkstnsrsg
FEMWDPNGWGTGDTSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
SSISFCGVNSDTSVSWSPDGAELPFTIDK

>gij124098881|gb|ABM90458|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2007/01/6/ neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC1031T2/2007(H5N1))]

MNPNQKIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQKGNQHQAESISNTNPLEKAVASVTLAGNSS
LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFIREPFISCSHLECRFFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
CACVNGSCFTVMTDGPNSGQASYKIFKMKKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGNS
RPVVSFNQNLQYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFsfkyngvwigrtkstnsrsg

FEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
 SSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK
 >gi|124098932|gb|ABM90480|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2007/01/6/ neuraminidase [Influenza A virus
 (A/Indonesia/CDC1032/2007(H5N1))]
 MNPNQKIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQKGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
 LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFVIREPFISCSHLECRFTFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
 CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSLWTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
 CACVNGSCFTVMTDGPSTNGQASYKIFKMKKGVKSVELDATNYHYEECSYCPDAGEITCVCVRDNWHGNS
 RPWVSFNQNLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSG
 FEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
 SSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK
 >gi|124098957|gb|ABM90491|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2007/01/7/ neuraminidase [Influenza A virus
 (A/Indonesia/CDC1032N/2007(H5N1))]
 MNPNQKIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQKGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
 LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFVIREPFISCSHLECRFTFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
 CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSLWTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
 CACVNGSCFTVMTDGPSTNGQASYKIFKMKKGVKSVELDATNYHYEECSYCPDAGEITCVCVRDNWHGNS
 RPWVSFNQNLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSG
 FEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
 SSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK
 >gi|124098984|gb|ABM90502|/Human/6(NA)/H5N1/Indonesia/2007/01/7/ neuraminidase [Influenza A virus
 (A/Indonesia/CDC1032T/2007(H5N1))]
 MNPNQKIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQKGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNSS
 LCPIRGWAVHSKDNNIRIGSKGDVVFVIREPFISCSHLECRFTFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMS
 CPVGEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSLWTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNILRTQESE
 CACVNGSCFTVMTDGPSTNGQASYKIFKMKKGVKSVELDATNYHYEECSYCPDAGEITCVCVRDNWHGNS
 RPWVSFNQNLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSEFKYNGVWIGRTKSTNSRSG
 FEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG
 SSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK

Protein Matrik 2 (M2)

>gi|157955811|gb|ABW06328|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2005/// matrix protein 2 [Influenza A virus
 (A/Indonesia/239H/2005(H5N1))]
 MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLAVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSSTAGVPE
 SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
 >gi|157955792|gb|ABW06317|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2005/// matrix protein 2 [Influenza A virus
 (A/Indonesia/245H/2005(H5N1))]
 MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLAVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSSTAGAPE
 SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
 >gi|151336851|gb|ABS00905|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2005/// M2 protein [Influenza A virus
 (A/Indonesia/CDC177/2005(H5N1))]
 MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLVAASIIIGILHLILWILDRLFFKCIYRRLKYGLKRGPSKTGVPE
 SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE
 >gi|151336857|gb|ABS00908|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2005/// M2 protein [Influenza A virus
 (A/Indonesia/CDC298/2005(H5N1))]
 MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLVAASIIIGILHLILWILDRLFFKCIYRRLKYGLKRGPSSTEGVPE
 SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE
 >gi|113494145|gb|ABI36005|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2005/07/8/ matrix protein 2 [Influenza A virus
 (A/Indonesia/5/2005(H5N1))]
 MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLVAASIIIGILHLILWILDRLFFKCIYRRLKYGLKRGPSKTGVPE
 SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE
 >gi|157955867|gb|ABW06360|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2005/11/11/ matrix protein 2 [Influenza A virus
 (A/Indonesia/175H/2005(H5N1))]
 MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLVAASIIIGILHLILWILDRLFFKCIYRRLKYGLKRGPSKTGVPE
 SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE
 >gi|113495471|gb|ABI36081|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2005/11/12/ matrix protein 2 [Influenza A virus
 (A/Indonesia/CDC194P/2005(H5N1))]
 MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLVAASIIIGILHLILWILDRLFFKCIYRRLKYGLKRGPSKTGVPE
 SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE
 >gi|113495254|gb|ABI36059|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2005/11/8/ matrix protein 2 [Influenza A virus
 (A/Indonesia/CDC184/2005(H5N1))]
 MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLVAASIIIGILHLILWILDRLFFKCIYRRLKYGLKRGPSKTGVPE

SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE
>gij113495477|gb|ABI36083|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2005/12/13/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC287E/2005(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWCKCIDSSDPLAVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gij113495262|gb|ABI36061|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2005/12/15/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC292T/2005(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWCKCIDSSDPLAVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gij157955703|gb|ABW06268|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/// matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/292H/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWCKCIDSSDPLAVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gij151336853|gb|ABS00906|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/// M2 protein [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC485/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWCKCIDSSDPLVAASIIIGILHLILWILDRLFFKCIYRRLKYGLKRGPSKGTGVP
SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIDLE
>gij151336849|gb|ABS00904|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/// M2 protein [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC530/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWCKCIDSSDPLVAASIIIGILHLILWIIDRLFFKCIYRRLKYGLKRGPSSTEGVPE
SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE
>gij151336847|gb|ABS00903|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/// M2 protein [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC535/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWCKCIDSSDPLVAASIIIGILHLILWIIDRLFFKCIYRRLKYGLKRGPSSTEGVPE
SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE
>gij151336845|gb|ABS00902|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/// M2 protein [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC540/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWCKCIDSSDPLVAASIIIGILHLILWIIDRLFFKCIYRRLKYGLKRGPSSTEGVPE
SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE
>gij151336855|gb|ABS00907|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/// M2 protein [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC561/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWCKCIDSSDPLAVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gij113972333|gb|ABI49419|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/// matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC759/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWCKCIDSSDPLAVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gij157955773|gb|ABW06306|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/01/14/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/283H/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWCKCIDSSDPLAVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gij113495275|gb|ABW06297|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/01/14/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/286H/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWCKCIDSSDPLAVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gij113495433|gb|ABI36069|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/01/14/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC329/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWCKCIDSSDPLAVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gij113495268|gb|ABI36063|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/01/15/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC326/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWCKCIDSSDPLAVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gij113495275|gb|ABI36065|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/01/16/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC326T/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWCKCIDSSDPLAVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gij113495427|gb|ABI36067|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/01/17/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC326N/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWCKCIDSSDPLAVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gij157955721|gb|ABW06278|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/01/30/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/304H/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWCKCIDSSDPLAVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gij113495439|gb|ABI36071|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/01/30/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC357/2006(H5N1))]

MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLAVAANIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSKTAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gi|157955740|gb|ABW06289|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/02/03/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/298H/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECCSDSDNDPLVVAASIIGILHLILWILDRLFFKCIYRRLKYGLKRGPSKTGVPE
SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE
>gi|157955684|gb|ABW06257|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/02/10/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/321H/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECCSDSDSDPLVVAASIIGILHLILWILDRLFFKCIYRRLKYGLKRGPSKTGVPE
SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE
>gi|113495452|gb|ABI36075|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/02/10/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC370/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECCSDSDSDPLVVAASIIGILHLILWILDRLFFKCIYRRLKYGLKRGPSKTGVPE
SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE
>gi|113495460|gb|ABI36077|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/02/10/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC370E/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECCSDSDSDPLVVAASIIGILHLILWILDRLFFKCIYRRLKYGLKRGPSKTGVPE
SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE
>gi|113495465|gb|ABI36079|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/02/20/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC390/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECCSDSDSDPLVVAASIIGILHLILWILDRLFFKCIYRRLKYGLKRGPSKTGVPE
SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE
>gi|157955665|gb|ABW06246|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/02/21/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/341H/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECCSDSDSDPLVVAASIIGILHLILWILDRLFFKCIYRRLKYGLKRGPSKTGVPE
SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE
>gi|113496065|gb|ABI36202|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/03/23/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC523/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLAVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSKTAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gi|113496411|gb|ABI36277|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/03/23/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC523E/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLAVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSKTAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gi|113496512|gb|ABI36297|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/04/26/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC582/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLAVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSKTAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gi|157955646|gb|ABW06235|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/05/09/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/534H/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECCSDSDSDPLVVAANIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSKTAGVPE
SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE
>gi|157955570|gb|ABW06191|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/05/09/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/536H/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECCSDSDSDPLVVAANIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSKTAGVPE
SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE
>gi|157955608|gb|ABW06213|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/05/09/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/538H/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECCSDSDSDPLVVAANIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSKTAGVPE
SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE
>gi|157955534|gb|ABW06171|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/05/10/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/542H/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLAVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gi|113495920|gb|ABI36170|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/05/10/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC596/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECCSDSDSDPLVVAANIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSKTAGVPE
SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE
>gi|113495971|gb|ABI36181|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/05/10/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC597/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECCSDSDSDPLVVAANIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSKTAGVPE
SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE
>gi|113496014|gb|ABI36191|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/05/11/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC599/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECCSDSDSDPLVVAANIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSKTAGVPE
SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE

>gij113496580|gb|ABI36313|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/05/11/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC610/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWCKCIDSSDPLAVAASIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE

>gij113497139|gb|ABI36425|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/05/12/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC599N/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECRCSDSSDPLVVAANIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE

>gij113496634|gb|ABI36324|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/05/18/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC623/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECRCSDSSDPLVVAANIIGILHLILWILDRLFFKCIYRRLKYGLKRGPSKTGVPE
SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE

>gij113496684|gb|ABI36335|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/05/19/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC623E/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECRCSDSSDPLVVAANIIGILHLILWILDRLFFKCIYRRLKYGLKRGPSKTGVPE
SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE

>gij113496731|gb|ABI36346|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/05/19/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC624/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECRCSDSSDPLVVAANIIGILHLILWILDRLFFKCIYRRLKYGLKRGPSKTGVPE
SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE

>gij113496787|gb|ABI36357|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/05/19/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC624E/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECRCSDSSDPLVVAANIIGILHLILWILDRLFFKCIYRRLKYGLKRGPSKTGVPE
SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE

>gij157955517|gb|ABW06162|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/05/20/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/560H/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECRCSDSSDPLVVAANIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE

>gij113496868|gb|ABI36368|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/05/21/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC625/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECRCSDSSDPLVVAANIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE

>gij113497080|gb|ABI36412|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/05/22/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC625L/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECRCSDSSDPLVVAANIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE

>gij113496919|gb|ABI36379|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/05/23/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC634/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWCKCIDSSDPLAVAASIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE

>gij113496970|gb|ABI36390|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/05/23/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC634P/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWCKCIDSSDPLAVAASIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE

>gij113497022|gb|ABI36401|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/05/23/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC634T/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWCKCIDSSDPLAVAASIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE

>gij157955627|gb|ABW06224|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/05/29/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/567H/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWCKCIDSSDPLAVAASIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE

>gij113497322|gb|ABI36464|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/05/29/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC644T/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWCKCIDSSDPLAVAASIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE

>gij113497369|gb|ABI36475|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/05/30/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC644/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWCKCIDSSDPLAVAASIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE

>gij113495802|gb|ABI36148|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/05/9/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC594/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECRCSDSSDPLVVAANIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE

>gij113495863|gb|ABI36159|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/05/9/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC595/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECRCSDSSDPLVVAANIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE

SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE
>gi|157955461|gb|ABW06130|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/06/01/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/569H/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSKTGVPE
SMREEYRQEQQSAVDVDDGHFVNIELE
>gi|157955442|gb|ABW06119|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/06/13/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/583H/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gi|113497189|gb|ABI36434|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/06/13/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC669/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gi|113497239|gb|ABI36445|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/06/13/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC669P/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gi|113497291|gb|ABI36456|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/07/6/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC699/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gi|113972300|gb|ABI49400|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/08/5/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC739/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gi|118864148|gb|ABL31748|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/09/22/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC835/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLVAASVIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gi|118864196|gb|ABL31759|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/09/24/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC836/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gi|118864243|gb|ABL31770|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/09/24/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC836T/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gi|118864401|gb|ABL31784|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/10/14/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC887/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYDLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gi|118574877|gb|ABL07012|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/11/10/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC938/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYDLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gi|118574896|gb|ABL07023|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/11/10/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC938E/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYDLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gi|118574915|gb|ABL07034|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2006/11/12/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC940/2006(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gi|124099013|gb|ABM90515|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2007/01/11/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC1046/2007(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gi|124099035|gb|ABM90526|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2007/01/11/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC1046T/2007(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gi|124099062|gb|ABM90537|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2007/01/12/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC1047/2007(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLVAASIIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGPSMAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gi|124099087|gb|ABM90548|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2007/01/12/ matrix protein 2 [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC1047S/2007(H5N1))]

MSLLTEVETPTRNEWECRCIDSSDPLAVAANIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGSTAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gij|124098586|gb|ABM90438|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2007/01/5/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC1031/2007(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECRCIDSSDPLAVAASIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYDLKRGSTAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gij|124098911|gb|ABM90471|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2007/01/5/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC1031RE2/2007(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECRCIDSSDPLAVAASIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYDLKRGSTAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gij|124098857|gb|ABM90449|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2007/01/5/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC1031T/2007(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECRCIDSSDPLAVAASIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYDLKRGSTAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gij|124098886|gb|ABM90460|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2007/01/6/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC1031T2/2007(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECRCIDSSDPLAVAASIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYDLKRGSTAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gij|124098961|gb|ABM90493|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2007/01/7/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC1032N/2007(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECRCIDSSDPLAVAASIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYDLKRGSTAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE
>gij|124098988|gb|ABM90504|/Human/7(MP)/H5N1/Indonesia/2007/01/7/ matrix protein 2 [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC1032T/2007(H5N1))]
MSLLTEVETPTRNEWECRCIDSSDPLAVAASIIGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYDLKRGSTAGVPE
SMREEYRQEQQNAVDVDDGHFVNIELE



Lampiran 4. Multiple Sequence Alignments Hemagglutinin (HA), Neuraminidase (NA), dan matrik 2 (M2)

Hemagglutinin (HA)

		5	15	25	35	45	55
gi	1586048	MEKI VLLLA	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1579555	MEQI VLLLA	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1586048	MEKI VLLLA	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1188641	MEKI VLLLA	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1586048	MEKI VLLLA	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1586048	MEKI VLLLA	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1586048	MEKI VLLLA	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1586048	MEKI VLLLA	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1240990	MEKI VLLLSI	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI I EKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1240990	MEKI VLLLSI	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1240990	MEKI VLLLSI	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1240990	MEKI VLLLSI	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1586048	MEKI VLLLSI	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1185748	MEKI VLLLSI	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1185748	MEKI VLLLSI	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1188643	MEKI VLLLSI	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1240989	MEKI VLLLSI	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1134960	MEKI VLLLA	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1188641	MEKI VLLLA	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1188642	MEKI VLLLA	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1188643	MEKI VLLLA	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1134971	MEKI VLLLA	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1134972	MEKI VLLLA	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1185749	MEKI VLLLA	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1134972	MEKI VLLLA	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LG KTHNGKLCDL
gi	1188642	MEKI VLLLA	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LG KTHNGKLCDL
gi	1579557	MEKI VLLLA	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1579557	MEKI VLLLA	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1586048	MEKI VLLLA	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1452844	MEKI VLLLA	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1586048	MEKI VLLLA	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1579554	MEKI VLLLA	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1586048	MEKI VLLLA	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1586048	MEKI VLLLA	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1579558	MEKI MLLLA	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1579558	MEKI MLLLA	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1579558	MEKI VLLLA	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1579555	MEKI VLLLAT	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1579556	MEKI VLLLAT	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1134958	MEKI VLLLAT	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1134959	MEKI VLLLAT	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1579554	MEKI VLLLAT	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1134957	MEKI VLLLAT	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1134970	MEKI VLLLAT	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1134958	MEKI VLLLAT	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1579555	MEKI VLLLAT	VSLVKSDQI	C IGYHANNSTE	QVDTI MEKNV	TVTHAADI	LE KTHNGKLCDL
gi	1586048	DGVKPLI LRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFI NVP	EWSYI VEKAN	PTNDLCYPGS	FNDYEELKHL
gi	1579555	DGVKPLI LRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFI NVP	EWSYI VEKAN	PTNDLCYPGS	FNDYEELKHL
gi	1586048	DGVKPLI LRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFI NVP	EWSYI VEKAN	PTNDLCYPGS	FNDYEELKHL
gi	1188641	DGVKPLI LRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFI NVP	EWSYI VEKAN	PTNDLCYPGS	FNDYEELKHL
gi	1586048	DGVKPLI LRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFI NVP	EWSYI VEKAN	PTNDLCYPGS	FNDYEELKHL
gi	1586048	DGVKPLI LRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFI NVP	EWSYI VEKAN	PTNDLCYPGS	FNDYEELKHL
gi	1586048	DGVKPLI LRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFI NVP	EWSYI VEKAN	PTNDLCYPGS	FNDYEELKHL
gi	1586048	DGVKPLI LRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFI NVP	EWSYI VEKAN	PTNDLCYPGS	FNDYEELKHL
gi	1240990	DGVKPLI LRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFI NVP	EWSYI VEKAN	PTNDLCYPGS	FNDYEELKHL
gi	1240990	DGVKPLI LRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFI NVP	EWSYI VEKAN	PTNDLCYPGS	FNDYEELKHL
gi	1240990	DGVKPLI LRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFI NVP	EWSYI VEKAN	PTNDLCYPGS	FNDYEELKHL
gi	1240990	DGVKPLI LRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFI NVP	EWSYI VEKAN	PTNDLCYPGS	FNDYEELKHL
gi	1240990	DGVKPLI LRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFI NVP	EWSYI VEKAN	PTNDLCYPGS	FNDYEELKHL
gi	1586048	DGVKPLI LRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFI NVP	EWSYI VEKAN	PTNDLCYPGS	FNDYEELKHL


```
gi | 1579554  NGCFEFYHKC  DNECMESI RN  GTYNYPQYSE  EARLKREEI S  GVKLESI GI Y  QI LSI YSTVA
gi | 1134957  NGCFEFYHKC  DNECMESI RN  GTYNYPQYSE  EARLKREEI S  GVKLESI GI Y  QI LSI YSTVA
gi | 1134970  NGCFEFYHKC  DNECMESI RN  GTYNYPQYSE  EARLKREEI S  GVKLESI GI Y  QI LSI YSTVA
gi | 1134958  NGCFEFYHKC  DNECMESI RN  GTYNYPQYSE  EARLKREEI S  GVKLESI GI Y  QI LSI YSTVA
gi | 1579555  NGCFEFYHKC  DNECMESI RN  GTYNYPQYSE  EARLKREEI S  GVKLESI GI Y  QI LSI YSTVA
Clustal Co *****  ****.*****  *****  *****  *****  * *****
```

```

      |...|...|...|...|...|...
      |545|555|565
gi | 1586048  SSLALAI MI A  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1579555  SSLALAI MI A  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1586048  SSLALAI MI A  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1188641  SSLALAI MI A  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1586048  SSLALAI MI A  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1586048  SSLALAI MI A  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1586048  SSLALAI MI A  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1586048  SSLALAI MI A  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1586048  SSLALAI MI A  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1240990  SSLALAI MI A  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1240990  SSLALAI MI A  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1240990  SSLALAI MI A  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1586048  SSLALAI MI A  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1185748  SSLALAI MI A  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1185748  SSLALAI MI A  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1188643  SSLALAI MI A  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1240989  SSLALAI MI A  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1134960  SSLALAI MI A  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1188641  SSLALAI MI A  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1188642  SSLALAI MI A  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1188643  SSLALAI MI A  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1134971  SSLALAI MI A  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1134972  SSLALAI MI A  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1185749  SSLALAI MI A  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1134972  SSLALAI MI A  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1188642  SSLALAI MI A  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1579557  SSLALAI MMA  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1579557  SSLALAI MMA  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1586048  SSLALAI MMA  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1452844  SSLALAI MMA  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1586048  SSLALAI MMA  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1579554  SSLALAI MMA  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI K
gi | 1586048  SSLALAI MMA  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1586048  SSLALAI MMA  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1579558  SSLALAI MMA  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI -
gi | 1579558  SSLALAI MMA  GLSLWMC SNG  SLOCRI CI K
gi | 1579555  SSLALAI MMA  GLSLWMC SNG  SLOCRCV -
gi | 1579556  SSLALAI MMA  GLSLWMC SNG  SLOCRCV -
gi | 1134958  SSLALAI MMA  GLSLWMC SNG  SLOCRCV -
gi | 1134959  SSLALAI MMA  GLSLWMC SNG  SLOCRCV -
gi | 1579554  SSLALAI MMA  GLSLWMC SNG  SLOCRCV -
gi | 1134957  SSLALAI MMA  GLSLWMC SNG  SLOCRCV -
gi | 1134970  SSLALAI MMA  GLSLWMC SNG  SLOCRCV -
gi | 1134958  SSLALAI MMA  GLSLWMC SNG  SLOCRCV -
gi | 1579555  SSLALAI MMA  GLSLWMC SNG  SLOCRCV CI K
Clustal Co *****. * ***** ***** *****. *

```

Neuraminidase (NA)

```

      |...|...|...|...|...|...
      |5|15|25|35|45|55
gi | 1579556  MNPNQKI I TI  GSI CMVGI V  SLMLQI GNMI  SI WSHSI QT  GNOHOAESI S  NTNPLTEKAV
gi | 1579556  MNPNQKI I TI  GSI CMVI GI V  SLMLQI GNMI  SI WSHSI QT  GNOHOAESI S  NTNPLTEKAM
gi | 1579558  MNPNQKI I TI  GSI CMVI GI V  SLMLQI GNMI  SI WSHSI QT  GNOHOAESI S  NTNPLTEKAV
gi | 1579556  MNPNQKI I TI  GSI CMVI GI V  SLMLQI GNMI  SI WSHSI QT  GNOHOAESI S  NTNPLTEKAV
gi | 1579555  MNPNQKI I TI  GSI CMVI GI V  SLMLQI GNMI  SI WSHSI QT  GNOHOAESI S  NTNPLTEKAV
gi | 1139722  MNPNQKI I TI  GSI CMVI GI V  SLMLQI GNMI  SI WSHSI QT  GNOHOAESI S  NTNPLTEKAV
gi | 1188641  MNPNQKI I TI  GSI CMVI GI V  SLMLQI GNMI  SI WSHSI QT  GNOHOAESI S  NTNPLTEKAV
gi | 1188642  MNPNQKI I TI  GSI CMVI GI V  SLMLQI GNMI  SI WSHSI QT  GNOHOAESI S  NTNPLTEKAV
gi | 1579558  MNPNQKI I TI  GSI CMVI GI V  SLMLQI GNMI  SI WSHSI QT  GNOHOAESI S  NTNPLTEKAV
gi | 1579557  MNPNQKI I TI  GSI CMVI GI V  SLMLQI GNMI  SI WSHSI QT  GNOHOAESI S  NTNPLTEKAV
gi | 1579554  MNPNQKI I TI  GSI CMVI GI V  SLMLQI GNMI  SI WSHSI QT  GNOHOAESI S  NTNPLTEKAV

```



```

gi | 1134960  GKVKVSVELD  APNYHYEECS  CYPDAGEI TC  VCRDNWHGSN  RPWVSFNQNL  EYQI GYI CSG
gi | 1579554  GKVKVSVELD  APNYHYEECS  CYPDAGEI TC  VCRDNWHGSN  RPWVSFNQNL  EYQI GYI CSG
gi | 1134968  GKVKVSVELD  APNYHYEECS  CYPDAGEI TC  VCRDNWHGSN  RPWVSFNQNL  EYQI GYI CSG
gi | 1579555  GKVKVSVELD  APNYHYEECS  CYPDAGEI TC  VCRDNWHGSN  RPWVSFNQNL  EYQI GYI CSG
gi | 1134970  GKVKVSVELD  APNYHYEECS  CYPDAGEI TC  VCRDNWHGSN  RPWVSFNQNL  EYQI GYI CSG
gi | 1134957  GKVKVSVELD  APNYHYEECS  CYPDAGEI TC  VCRDNWHGSN  RPWVSFNQNL  EYQI GYI CSG
gi | 1134958  GKVKVSVELD  APNYHYEECS  CYPDAGEI TC  VCRDNWHGSN  RPWVSFNQNL  EYQI GYI CSG
Clustal Co  ***.***.*  *.***.*****  *****.***  *****.***  *****.***  *****.***

```

```

.....|.....|.....|.....|.....|.....|
          305          315          325          335          345          355
gi | 1579556  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1579556  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1579558  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1579556  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1579555  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1139722  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1188641  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1188642  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1579558  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1579557  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1579554  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1134971  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1134972  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1240990  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1240990  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1240990  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1240990  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1579557  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1579557  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1134965  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1188641  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1139723  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1185749  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1185748  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1185748  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1240989  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1240989  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1240989  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1188643  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1240985  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1240989  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1240988  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1240988  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1134960  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1134964  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1134965  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1134972  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1134969  I FGDNPRPND  GTGSCGPMFP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1134970  I FGDNPRPND  GTGSCGPMFP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1579556  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1134973  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1134973  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1134966  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1134966  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1134967  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1134968  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1139723  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1579558  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSP  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1579558  VFGDNPRPND  GTGSCGPMFP  NGAYGI KGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1579555  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSS  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1579555  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSS  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1134959  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSS  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1134959  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSS  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1134960  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSS  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1579554  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSS  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1134968  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSS  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1579555  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSS  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1134970  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSS  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1134957  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSS  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
gi | 1134958  VFGDNPRPND  GTGSCGPMSS  NGAYGVKGF  FKYNGVWI G  RTKSTNSRSG  FEMI WDPNGW
Clustal Co  :*****  *****  *****.***  *****.***  *****.***  *****.***
.....|.....|.....|.....|.....|.....|
          365          375          385          395          405          415

```



```

gi|1134971 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1134972 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1240990 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1240990 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1240990 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1240990 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1579557 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1579557 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1134965 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1188641 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1139723 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1185749 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1185748 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1185748 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1240989 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1240989 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1240989 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1188643 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1240985 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1240989 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1240988 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1240988 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1134960 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1134964 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1134964 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1134965 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1134972 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1134969 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1134969 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1134970 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1579556 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1134973 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1134973 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1134966 SI I SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1134966 SI I SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1134967 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1134968 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1139723 SSI SFCGVNS DTASWSWPDG AELPFTI DK
gi|1579558 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1579558 SSI SFCGVNS DTVNWSWPDG AELPFTI DK
gi|1579555 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI D-
gi|1579555 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI D-
gi|1134959 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1134959 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1134960 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1579554 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1134968 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1579555 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1134970 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1134957 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
gi|1134958 SSI SFCGVNS DTVSWSWPDG AELPFTI DK
Clustal Co * * * * *

```



Protein Matrik 2 (M2)

```

      . . . . . | . . . . . | . . . . . | . . . . . | . . . . . |
      5         | 15        | 25        | 35        | 45        | 55        |
gi|1579558 MSLLTEVETP TRNEWECKCI DSSDPLAVAA SI I G I L H L I L W I L D R L F F K F I Y R R L K Y G L K
gi|1134954 MSLLTEVETP TRNEWECKCI DSSDPLAVAA SI I G I L H L I L W I L D R L F F K F I Y R R L K Y G L K
gi|1513368 MSLLTEVETP TRNEWECKCI DSSDPLAVAA SI I G I L H L I L W I L D R L F F K F I Y R R L K Y G L K
gi|1579557 MSLLTEVETP TRNEWECKCI DSSDPLAVAA SI I G I L H L I L W I L D R L F F K F I Y R R L K Y G L K
gi|1134960 MSLLTEVETP TRNEWECKCI DSSDPLAVAA SI I G I L H L I L W I L D R L F F K F I Y R R L K Y G L K
gi|1134964 MSLLTEVETP TRNEWECKCI DSSDPLAVAA SI I G I L H L I L W I L D R L F F K F I Y R R L K Y G L K
gi|1134965 MSLLTEVETP TRNEWECKCI DSSDPLAVAA SI I G I L H L I L W I L D R L F F K F I Y R R L K Y G L K
gi|1134969 MSLLTEVETP TRNEWECKCI DSSDPLAVAA SI I G I L H L I L W I L D R L F F K F I Y R R L K Y G L K
gi|1134969 MSLLTEVETP TRNEWECKCI DSSDPLAVAA SI I G I L H L I L W I L D R L F F K F I Y R R L K Y G L K
gi|1134970 MSLLTEVETP TRNEWECKCI DSSDPLAVAA SI I G I L H L I L W I L D R L F F K F I Y R R L K Y G L K
gi|1579556 MSLLTEVETP TRNEWECKCI DSSDPLAVAA SI I G I L H L I L W I L D R L F F K F I Y R R L K Y G L K
gi|1134973 MSLLTEVETP TRNEWECKCI DSSDPLAVAA SI I G I L H L I L W I L D R L F F K F I Y R R L K Y G L K
gi|1134973 MSLLTEVETP TRNEWECKCI DSSDPLAVAA SI I G I L H L I L W I L D R L F F K F I Y R R L K Y G L K
gi|1134972 MSLLTEVETP TRNEWECKCI DSSDPLAVAA SI I G I L H L I L W I L D R L F F K F I Y R R L K Y G L K
gi|1579557 MSLLTEVETP TRNEWECKCI DSSDPLAVAA SI I G I L H L I L W I L D R L F F K F I Y R R L K Y G L K
gi|1134952 MSLLTEVETP TRNEWECKCI DSSDPLAVAA SI I G I L H L I L W I L D R L F F K F I Y R R L K Y G L K

```



```
gi | 1134969 RGPSTAGVPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134970 RGPSTAGVPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1579556 RGPSTAGVPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134973 RGPSTAGVPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134973 RGPSTAGVPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134972 RGPSTAGVPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1579557 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134952 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1188642 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1185749 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1188641 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1139723 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134972 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134971 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1579554 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1579557 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1579557 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134954 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134952 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134952 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134954 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1579555 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134965 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1139723 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1579557 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1188641 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1188644 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1240985 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1240989 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1240988 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1240988 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1240989 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1240989 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1185748 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1185748 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134954 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1240990 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1240990 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1240990 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1240990 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1513368 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134941 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1579558 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134954 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1513368 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1579556 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134954 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1579557 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134954 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134954 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1579556 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134966 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134966 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134967 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134967 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1579554 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134952 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1513368 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1513368 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1513368 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1513368 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1579556 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1579555 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1579556 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134959 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134959 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134960 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134971 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134968 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134970 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134958 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1134958 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
gi | 1579555 RGPSTAGAPE SMREEYROEQ QNAVDVDDGH FVNI ELE
Clustal Co **** * ** *****.*** * ***** ***.**
```

Lampiran 5. Conserved Region Hemagglutinin (HA), Neuraminidase (NA), dan Protein Matrik 2 (M2)

Hemagglutinin (HA)

BioEdit version 5.0.9
Conserved region search
Alignment file: G:\balairung_akudatang\sekuens_M2\FASTA_HA_full.aln
02/04/2008 11:06:29

Minimum segment length (actual for each sequence): 15
Maximum average entropy: 0.2
Maximum entropy per position: 0.2
Gaps limited to 2 per segment
Contiguous gaps limited to 1 in any segment

16 conserved regions found

Region 1: Position 14 to 35
Consensus:
14 VKSDQICIGYHANNSTEQVDTI 35

Segment Length: 22
Average entropy (Hx): 0,1013
Position 14 : 0,1013
Position 15 : 0,1013
Position 16 : 0,1013
Position 17 : 0,1013
Position 18 : 0,1013
Position 19 : 0,1013
Position 20 : 0,1013
Position 21 : 0,1013
Position 22 : 0,1013
Position 23 : 0,1013
Position 24 : 0,1013
Position 25 : 0,1013
Position 26 : 0,1013
Position 27 : 0,1013
Position 28 : 0,1013
Position 29 : 0,1013
Position 30 : 0,1013
Position 31 : 0,1013
Position 32 : 0,1013
Position 33 : 0,1013
Position 34 : 0,1013
Position 35 : 0,1013

Region 2: Position 37 to 68
Consensus:
37 EKNVTVTHAADI LEKTHNGKLCDLGKPLIL 68

Segment Length: 32
Average entropy (Hx): 0,1041
Position 37 : 0,1013
Position 38 : 0,1013
Position 39 : 0,1013
Position 40 : 0,1013
Position 41 : 0,1013
Position 42 : 0,1013
Position 43 : 0,1013
Position 44 : 0,1013
Position 45 : 0,1013
Position 46 : 0,1013
Position 47 : 0,1013
Position 48 : 0,1013
Position 49 : 0,1013
Position 50 : 0,1929
Position 51 : 0,1013
Position 52 : 0,1013
Position 53 : 0,1013
Position 54 : 0,1013

Posi ti on 55 : 0, 1013
Posi ti on 56 : 0, 1013
Posi ti on 57 : 0, 1013
Posi ti on 58 : 0, 1013
Posi ti on 59 : 0, 1013
Posi ti on 60 : 0, 1013
Posi ti on 61 : 0, 1013
Posi ti on 62 : 0, 1013
Posi ti on 63 : 0, 1013
Posi ti on 64 : 0, 1013
Posi ti on 65 : 0, 1013
Posi ti on 66 : 0, 1013
Posi ti on 67 : 0, 1013
Posi ti on 68 : 0, 1013

Region 3: Posi ti on 70 to 101
Consensus:
70 DCSVAGWLLGNPMCDEFI NVPEWSYI VEKANP 101

Segment Length: 32
Average entropy (Hx): 0, 1019
Posi ti on 70 : 0, 1013
Posi ti on 71 : 0, 1013
Posi ti on 72 : 0, 1013
Posi ti on 73 : 0, 1013
Posi ti on 74 : 0, 1013
Posi ti on 75 : 0, 1013
Posi ti on 76 : 0, 1013
Posi ti on 77 : 0, 1013
Posi ti on 78 : 0, 1013
Posi ti on 79 : 0, 1013
Posi ti on 80 : 0, 1013
Posi ti on 81 : 0, 1013
Posi ti on 82 : 0, 1013
Posi ti on 83 : 0, 1013
Posi ti on 84 : 0, 1013
Posi ti on 85 : 0, 1013
Posi ti on 86 : 0, 1013
Posi ti on 87 : 0, 1214
Posi ti on 88 : 0, 1013
Posi ti on 89 : 0, 1013
Posi ti on 90 : 0, 1013
Posi ti on 91 : 0, 1013
Posi ti on 92 : 0, 1013
Posi ti on 93 : 0, 1013
Posi ti on 94 : 0, 1013
Posi ti on 95 : 0, 1013
Posi ti on 96 : 0, 1013
Posi ti on 97 : 0, 1013
Posi ti on 98 : 0, 1013
Posi ti on 99 : 0, 1013
Posi ti on 100 : 0, 1013
Posi ti on 101 : 0, 1013

Region 4: Posi ti on 111 to 129
Consensus:
111 FNDYEELKHLLSRI NHFEK 129

Segment Length: 19
Average entropy (Hx): 0, 1013
Posi ti on 111 : 0, 1013
Posi ti on 112 : 0, 1013
Posi ti on 113 : 0, 1013
Posi ti on 114 : 0, 1013
Posi ti on 115 : 0, 1013
Posi ti on 116 : 0, 1013
Posi ti on 117 : 0, 1013
Posi ti on 118 : 0, 1013
Posi ti on 119 : 0, 1013
Posi ti on 120 : 0, 1013
Posi ti on 121 : 0, 1013
Posi ti on 122 : 0, 1013
Posi ti on 123 : 0, 1013
Posi ti on 124 : 0, 1013
Posi ti on 125 : 0, 1013

Posi ti on 126 : 0, 1013
Posi ti on 127 : 0, 1013
Posi ti on 128 : 0, 1013
Posi ti on 129 : 0, 1013

Region 5: Posi ti on 179 to 193
Consensus:
179 SYNNTNOEDLLVLWG 193

Segment Length: 15
Average entropy (Hx): 0, 1013
Posi ti on 179 : 0, 1013
Posi ti on 180 : 0, 1013
Posi ti on 181 : 0, 1013
Posi ti on 182 : 0, 1013
Posi ti on 183 : 0, 1013
Posi ti on 184 : 0, 1013
Posi ti on 185 : 0, 1013
Posi ti on 186 : 0, 1013
Posi ti on 187 : 0, 1013
Posi ti on 188 : 0, 1013
Posi ti on 189 : 0, 1013
Posi ti on 190 : 0, 1013
Posi ti on 191 : 0, 1013
Posi ti on 192 : 0, 1013
Posi ti on 193 : 0, 1013

Region 6: Posi ti on 230 to 246
Consensus:
230 ATRSKVNGQSGRMEFFW 246

Segment Length: 17
Average entropy (Hx): 0, 1013
Posi ti on 230 : 0, 1013
Posi ti on 231 : 0, 1013
Posi ti on 232 : 0, 1013
Posi ti on 233 : 0, 1013
Posi ti on 234 : 0, 1013
Posi ti on 235 : 0, 1013
Posi ti on 236 : 0, 1013
Posi ti on 237 : 0, 1013
Posi ti on 238 : 0, 1013
Posi ti on 239 : 0, 1013
Posi ti on 240 : 0, 1013
Posi ti on 241 : 0, 1013
Posi ti on 242 : 0, 1013
Posi ti on 243 : 0, 1013
Posi ti on 244 : 0, 1013
Posi ti on 245 : 0, 1013
Posi ti on 246 : 0, 1013

Region 7: Posi ti on 256 to 287
Consensus:
256 NFESNGNFI APEYAYKI VKKGDSAI MKSELEY 287

Segment Length: 32
Average entropy (Hx): 0, 1013
Posi ti on 256 : 0, 1013
Posi ti on 257 : 0, 1013
Posi ti on 258 : 0, 1013
Posi ti on 259 : 0, 1013
Posi ti on 260 : 0, 1013
Posi ti on 261 : 0, 1013
Posi ti on 262 : 0, 1013
Posi ti on 263 : 0, 1013
Posi ti on 264 : 0, 1013
Posi ti on 265 : 0, 1013
Posi ti on 266 : 0, 1013
Posi ti on 267 : 0, 1013
Posi ti on 268 : 0, 1013
Posi ti on 269 : 0, 1013
Posi ti on 270 : 0, 1013
Posi ti on 271 : 0, 1013
Posi ti on 272 : 0, 1013

120

Posi ti on 273 : 0, 1013
Posi ti on 274 : 0, 1013
Posi ti on 275 : 0, 1013
Posi ti on 276 : 0, 1013
Posi ti on 277 : 0, 1013
Posi ti on 278 : 0, 1013
Posi ti on 279 : 0, 1013
Posi ti on 280 : 0, 1013
Posi ti on 281 : 0, 1013
Posi ti on 282 : 0, 1013
Posi ti on 283 : 0, 1013
Posi ti on 284 : 0, 1013
Posi ti on 285 : 0, 1013
Posi ti on 286 : 0, 1013
Posi ti on 287 : 0, 1013

Region 8: Position 290 to 306
Consensus:
290 CNTKQCOTPMGAI NSSMP 306

Segment Length: 17
Average entropy (Hx): 0, 1013
Posi ti on 290 : 0, 1013
Posi ti on 291 : 0, 1013
Posi ti on 292 : 0, 1013
Posi ti on 293 : 0, 1013
Posi ti on 294 : 0, 1013
Posi ti on 295 : 0, 1013
Posi ti on 296 : 0, 1013
Posi ti on 297 : 0, 1013
Posi ti on 298 : 0, 1013
Posi ti on 299 : 0, 1013
Posi ti on 300 : 0, 1013
Posi ti on 301 : 0, 1013
Posi ti on 302 : 0, 1013
Posi ti on 303 : 0, 1013
Posi ti on 304 : 0, 1013
Posi ti on 305 : 0, 1013
Posi ti on 306 : 0, 1013

Region 9: Position 308 to 324
Consensus:
308 HNI HPLTI GECPKYVKS 324

Segment Length: 17
Average entropy (Hx): 0, 1025
Posi ti on 308 : 0, 1013
Posi ti on 309 : 0, 1013
Posi ti on 310 : 0, 1013
Posi ti on 311 : 0, 1013
Posi ti on 312 : 0, 1013
Posi ti on 313 : 0, 1013
Posi ti on 314 : 0, 1013
Posi ti on 315 : 0, 1214
Posi ti on 316 : 0, 1013
Posi ti on 317 : 0, 1013
Posi ti on 318 : 0, 1013
Posi ti on 319 : 0, 1013
Posi ti on 320 : 0, 1013
Posi ti on 321 : 0, 1013
Posi ti on 322 : 0, 1013
Posi ti on 323 : 0, 1013
Posi ti on 324 : 0, 1013

Region 10: Position 326 to 340
Consensus:
326 RLVLATGLRNSPORE 340

Segment Length: 15
Average entropy (Hx): 0, 1026
Posi ti on 326 : 0, 1013
Posi ti on 327 : 0, 1214
Posi ti on 328 : 0, 1013
Posi ti on 329 : 0, 1013

Posi ti on 330 : 0, 1013
Posi ti on 331 : 0, 1013
Posi ti on 332 : 0, 1013
Posi ti on 333 : 0, 1013
Posi ti on 334 : 0, 1013
Posi ti on 335 : 0, 1013
Posi ti on 336 : 0, 1013
Posi ti on 337 : 0, 1013
Posi ti on 338 : 0, 1013
Posi ti on 339 : 0, 1013
Posi ti on 340 : 0, 1013

Region 11: Posi ti on 342 to 388

Consensus:

342 RRKKRGLFGAI AGFI EGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQ 388

Segment Length: 47

Average entropy (Hx): 0, 1013

Posi ti on 342 : 0, 1013
Posi ti on 343 : 0, 1013
Posi ti on 344 : 0, 1013
Posi ti on 345 : 0, 1013
Posi ti on 346 : 0, 1013
Posi ti on 347 : 0, 1013
Posi ti on 348 : 0, 1013
Posi ti on 349 : 0, 1013
Posi ti on 350 : 0, 1013
Posi ti on 351 : 0, 1013
Posi ti on 352 : 0, 1013
Posi ti on 353 : 0, 1013
Posi ti on 354 : 0, 1013
Posi ti on 355 : 0, 1013
Posi ti on 356 : 0, 1013
Posi ti on 357 : 0, 1013
Posi ti on 358 : 0, 1013
Posi ti on 359 : 0, 1013
Posi ti on 360 : 0, 1013
Posi ti on 361 : 0, 1013
Posi ti on 362 : 0, 1013
Posi ti on 363 : 0, 1013
Posi ti on 364 : 0, 1013
Posi ti on 365 : 0, 1013
Posi ti on 366 : 0, 1013
Posi ti on 367 : 0, 1013
Posi ti on 368 : 0, 1013
Posi ti on 369 : 0, 1013
Posi ti on 370 : 0, 1013
Posi ti on 371 : 0, 1013
Posi ti on 372 : 0, 1013
Posi ti on 373 : 0, 1013
Posi ti on 374 : 0, 1013
Posi ti on 375 : 0, 1013
Posi ti on 376 : 0, 1013
Posi ti on 377 : 0, 1013
Posi ti on 378 : 0, 1013
Posi ti on 379 : 0, 1013
Posi ti on 380 : 0, 1013
Posi ti on 381 : 0, 1013
Posi ti on 382 : 0, 1013
Posi ti on 383 : 0, 1013
Posi ti on 384 : 0, 1013
Posi ti on 385 : 0, 1013
Posi ti on 386 : 0, 1013
Posi ti on 387 : 0, 1013
Posi ti on 388 : 0, 1013

Region 12: Posi ti on 390 to 417

Consensus:

390 AIDGVTNKVNSI IDKMNTQFEAVGREFN 417

Segment Length: 28

Average entropy (Hx): 0, 1013

Posi ti on 390 : 0, 1013
Posi ti on 391 : 0, 1013
Posi ti on 392 : 0, 1013

Posi ti on 393 : 0, 1013
Posi ti on 394 : 0, 1013
Posi ti on 395 : 0, 1013
Posi ti on 396 : 0, 1013
Posi ti on 397 : 0, 1013
Posi ti on 398 : 0, 1013
Posi ti on 399 : 0, 1013
Posi ti on 400 : 0, 1013
Posi ti on 401 : 0, 1013
Posi ti on 402 : 0, 1013
Posi ti on 403 : 0, 1013
Posi ti on 404 : 0, 1013
Posi ti on 405 : 0, 1013
Posi ti on 406 : 0, 1013
Posi ti on 407 : 0, 1013
Posi ti on 408 : 0, 1013
Posi ti on 409 : 0, 1013
Posi ti on 410 : 0, 1013
Posi ti on 411 : 0, 1013
Posi ti on 412 : 0, 1013
Posi ti on 413 : 0, 1013
Posi ti on 414 : 0, 1013
Posi ti on 415 : 0, 1013
Posi ti on 416 : 0, 1013
Posi ti on 417 : 0, 1013

Regi on 13: Posi ti on 419 to 494

Consensus:

419 LERRI ENLNKKMEDGFLDVWTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNKELGNGCFEFYHKCDNEC 494

Segment Length: 76

Average entropy (Hx): 0, 1013

Posi ti on 419 : 0, 1013
Posi ti on 420 : 0, 1013
Posi ti on 421 : 0, 1013
Posi ti on 422 : 0, 1013
Posi ti on 423 : 0, 1013
Posi ti on 424 : 0, 1013
Posi ti on 425 : 0, 1013
Posi ti on 426 : 0, 1013
Posi ti on 427 : 0, 1013
Posi ti on 428 : 0, 1013
Posi ti on 429 : 0, 1013
Posi ti on 430 : 0, 1013
Posi ti on 431 : 0, 1013
Posi ti on 432 : 0, 1013
Posi ti on 433 : 0, 1013
Posi ti on 434 : 0, 1013
Posi ti on 435 : 0, 1013
Posi ti on 436 : 0, 1013
Posi ti on 437 : 0, 1013
Posi ti on 438 : 0, 1013
Posi ti on 439 : 0, 1013
Posi ti on 440 : 0, 1013
Posi ti on 441 : 0, 1013
Posi ti on 442 : 0, 1013
Posi ti on 443 : 0, 1013
Posi ti on 444 : 0, 1013
Posi ti on 445 : 0, 1013
Posi ti on 446 : 0, 1013
Posi ti on 447 : 0, 1013
Posi ti on 448 : 0, 1013
Posi ti on 449 : 0, 1013
Posi ti on 450 : 0, 1013
Posi ti on 451 : 0, 1013
Posi ti on 452 : 0, 1013
Posi ti on 453 : 0, 1013
Posi ti on 454 : 0, 1013
Posi ti on 455 : 0, 1013
Posi ti on 456 : 0, 1013
Posi ti on 457 : 0, 1013
Posi ti on 458 : 0, 1013
Posi ti on 459 : 0, 1013
Posi ti on 460 : 0, 1013
Posi ti on 461 : 0, 1013
Posi ti on 462 : 0, 1013

Posi ti on 463 : 0, 1013
Posi ti on 464 : 0, 1013
Posi ti on 465 : 0, 1013
Posi ti on 466 : 0, 1013
Posi ti on 467 : 0, 1013
Posi ti on 468 : 0, 1013
Posi ti on 469 : 0, 1013
Posi ti on 470 : 0, 1013
Posi ti on 471 : 0, 1013
Posi ti on 472 : 0, 1013
Posi ti on 473 : 0, 1013
Posi ti on 474 : 0, 1013
Posi ti on 475 : 0, 1013
Posi ti on 476 : 0, 1013
Posi ti on 477 : 0, 1013
Posi ti on 478 : 0, 1013
Posi ti on 479 : 0, 1013
Posi ti on 480 : 0, 1013
Posi ti on 481 : 0, 1013
Posi ti on 482 : 0, 1013
Posi ti on 483 : 0, 1013
Posi ti on 484 : 0, 1013
Posi ti on 485 : 0, 1013
Posi ti on 486 : 0, 1013
Posi ti on 487 : 0, 1013
Posi ti on 488 : 0, 1013
Posi ti on 489 : 0, 1013
Posi ti on 490 : 0, 1013
Posi ti on 491 : 0, 1013
Posi ti on 492 : 0, 1013
Posi ti on 493 : 0, 1013
Posi ti on 494 : 0, 1013

Region 14: Posi ti on 496 to 528
Consensus:
496 ESI RNGTHYNYPOYSEEARLKREEI SGVKLESIG 528

Segment Length: 33
Average entropy (Hx): 0, 1013
Posi ti on 496 : 0, 1013
Posi ti on 497 : 0, 1013
Posi ti on 498 : 0, 1013
Posi ti on 499 : 0, 1013
Posi ti on 500 : 0, 1013
Posi ti on 501 : 0, 1013
Posi ti on 502 : 0, 1013
Posi ti on 503 : 0, 1013
Posi ti on 504 : 0, 1013
Posi ti on 505 : 0, 1013
Posi ti on 506 : 0, 1013
Posi ti on 507 : 0, 1013
Posi ti on 508 : 0, 1013
Posi ti on 509 : 0, 1013
Posi ti on 510 : 0, 1013
Posi ti on 511 : 0, 1013
Posi ti on 512 : 0, 1013
Posi ti on 513 : 0, 1013
Posi ti on 514 : 0, 1013
Posi ti on 515 : 0, 1013
Posi ti on 516 : 0, 1013
Posi ti on 517 : 0, 1013
Posi ti on 518 : 0, 1013
Posi ti on 519 : 0, 1013
Posi ti on 520 : 0, 1013
Posi ti on 521 : 0, 1013
Posi ti on 522 : 0, 1013
Posi ti on 523 : 0, 1013
Posi ti on 524 : 0, 1013
Posi ti on 525 : 0, 1013
Posi ti on 526 : 0, 1013
Posi ti on 527 : 0, 1013
Posi ti on 528 : 0, 1013

Region 15: Posi ti on 530 to 548
Consensus:

530 YQI LSI YSTVASSLALAI M 548

Segment Length: 19
Average entropy (Hx): 0,1013
Position 530 : 0,1013
Position 531 : 0,1013
Position 532 : 0,1013
Position 533 : 0,1013
Position 534 : 0,1013
Position 535 : 0,1013
Position 536 : 0,1013
Position 537 : 0,1013
Position 538 : 0,1013
Position 539 : 0,1013
Position 540 : 0,1013
Position 541 : 0,1013
Position 542 : 0,1013
Position 543 : 0,1013
Position 544 : 0,1013
Position 545 : 0,1013
Position 546 : 0,1013
Position 547 : 0,1013
Position 548 : 0,1013

Region 16: Position 550 to 565

Consensus:
550 AGLSLWCSNGSLQCR 565

Segment Length: 16
Average entropy (Hx): 0,1013
Position 550 : 0,1013
Position 551 : 0,1013
Position 552 : 0,1013
Position 553 : 0,1013
Position 554 : 0,1013
Position 555 : 0,1013
Position 556 : 0,1013
Position 557 : 0,1013
Position 558 : 0,1013
Position 559 : 0,1013
Position 560 : 0,1013
Position 561 : 0,1013
Position 562 : 0,1013
Position 563 : 0,1013
Position 564 : 0,1013
Position 565 : 0,1013

Neuraminidase (NA)

BioEdit version 5.0.9

Conserved region search

Alignment file: G:\balairung_akudatang\sekuens_M2\FASTA_NA_full.aln
02/04/2008 11:07:55

Minimum segment length (actual for each sequence): 15

Maximum average entropy: 0.2

Maximum entropy per position: 0.2

Gaps limited to 2 per segment

Contiguous gaps limited to 1 in any segment

12 conserved regions found

Region 1: Position 20 to 37

Consensus:
20 VSLMLQIGNMISIWVSHS 37

Segment Length: 18
Average entropy (Hx): 0,0959
Position 20 : 0,0815
Position 21 : 0,0815
Position 22 : 0,0815

Posi ti on 23 : 0,1628
Posi ti on 24 : 0,0815
Posi ti on 25 : 0,0815
Posi ti on 26 : 0,0815
Posi ti on 27 : 0,0815
Posi ti on 28 : 0,0815
Posi ti on 29 : 0,0815
Posi ti on 30 : 0,1628
Posi ti on 31 : 0,0815
Posi ti on 32 : 0,0970
Posi ti on 33 : 0,0815
Posi ti on 34 : 0,1628
Posi ti on 35 : 0,0815
Posi ti on 36 : 0,0815
Posi ti on 37 : 0,0815

Regi on 2: Posi ti on 41 to 60
Consensus:
41 GNQHOAESI SNTNPLTEKAV 60

Segment Length: 20
Average entropy (Hx): 0,0896
Posi ti on 41 : 0,0815
Posi ti on 42 : 0,0815
Posi ti on 43 : 0,0815
Posi ti on 44 : 0,1628
Posi ti on 45 : 0,0815
Posi ti on 46 : 0,0815
Posi ti on 47 : 0,0815
Posi ti on 48 : 0,0815
Posi ti on 49 : 0,0815
Posi ti on 50 : 0,0815
Posi ti on 51 : 0,0815
Posi ti on 52 : 0,0815
Posi ti on 53 : 0,0815
Posi ti on 54 : 0,0815
Posi ti on 55 : 0,0815
Posi ti on 56 : 0,0815
Posi ti on 57 : 0,0815
Posi ti on 58 : 0,0815
Posi ti on 59 : 0,0815
Posi ti on 60 : 0,1628

Regi on 3: Posi ti on 67 to 84
Consensus:
67 GNSSLCP I RGWAVHSKDN 84

Segment Length: 18
Average entropy (Hx): 0,0860
Posi ti on 67 : 0,0815
Posi ti on 68 : 0,0815
Posi ti on 69 : 0,0815
Posi ti on 70 : 0,0815
Posi ti on 71 : 0,0815
Posi ti on 72 : 0,0815
Posi ti on 73 : 0,0815
Posi ti on 74 : 0,0815
Posi ti on 75 : 0,0815
Posi ti on 76 : 0,0815
Posi ti on 77 : 0,0815
Posi ti on 78 : 0,0815
Posi ti on 79 : 0,0815
Posi ti on 80 : 0,1628
Posi ti on 81 : 0,0815
Posi ti on 82 : 0,0815
Posi ti on 83 : 0,0815
Posi ti on 84 : 0,0815

Regi on 4: Posi ti on 86 to 106
Consensus:
86 I R I GSKGDV FVI REPFI SCSH 106

Segment Length: 21
Average entropy (Hx): 0,0815

126

Posi ti on 86 : 0,0815
Posi ti on 87 : 0,0815
Posi ti on 88 : 0,0815
Posi ti on 89 : 0,0815
Posi ti on 90 : 0,0815
Posi ti on 91 : 0,0815
Posi ti on 92 : 0,0815
Posi ti on 93 : 0,0815
Posi ti on 94 : 0,0815
Posi ti on 95 : 0,0815
Posi ti on 96 : 0,0815
Posi ti on 97 : 0,0815
Posi ti on 98 : 0,0815
Posi ti on 99 : 0,0815
Posi ti on 100 : 0,0815
Posi ti on 101 : 0,0815
Posi ti on 102 : 0,0815
Posi ti on 103 : 0,0815
Posi ti on 104 : 0,0815
Posi ti on 105 : 0,0815
Posi ti on 106 : 0,0815

Region 5: Position 108 to 126
Consensus:
108 ECRFFFLTQGALLNDKHSN 126

Segment Length: 19
Average entropy (Hx): 0,0858
Posi ti on 108 : 0,0815
Posi ti on 109 : 0,0815
Posi ti on 110 : 0,0815
Posi ti on 111 : 0,0815
Posi ti on 112 : 0,0815
Posi ti on 113 : 0,0815
Posi ti on 114 : 0,0815
Posi ti on 115 : 0,0815
Posi ti on 116 : 0,1628
Posi ti on 117 : 0,0815
Posi ti on 118 : 0,0815
Posi ti on 119 : 0,0815
Posi ti on 120 : 0,0815
Posi ti on 121 : 0,0815
Posi ti on 122 : 0,0815
Posi ti on 123 : 0,0815
Posi ti on 124 : 0,0815
Posi ti on 125 : 0,0815
Posi ti on 126 : 0,0815

Region 6: Position 128 to 142
Consensus:
128 TVKDRSPHRTLMSCP 142

Segment Length: 15
Average entropy (Hx): 0,0815
Posi ti on 128 : 0,0815
Posi ti on 129 : 0,0815
Posi ti on 130 : 0,0815
Posi ti on 131 : 0,0815
Posi ti on 132 : 0,0815
Posi ti on 133 : 0,0815
Posi ti on 134 : 0,0815
Posi ti on 135 : 0,0815
Posi ti on 136 : 0,0815
Posi ti on 137 : 0,0815
Posi ti on 138 : 0,0815
Posi ti on 139 : 0,0815
Posi ti on 140 : 0,0815
Posi ti on 141 : 0,0815
Posi ti on 142 : 0,0815

Region 7: Position 182 to 238
Consensus:
182 AVAVLKYNIGI TDTI KSWRNNI LRTQESEACAVNGSCFTVMTDGPNSNGQASYKI FKM 238

Segment Length: 57
Average entropy (Hx): 0,0858
Posi ti on 182 : 0,0815
Posi ti on 183 : 0,0815
Posi ti on 184 : 0,0815
Posi ti on 185 : 0,0815
Posi ti on 186 : 0,0815
Posi ti on 187 : 0,0815
Posi ti on 188 : 0,0815
Posi ti on 189 : 0,0815
Posi ti on 190 : 0,0815
Posi ti on 191 : 0,1628
Posi ti on 192 : 0,0815
Posi ti on 193 : 0,0815
Posi ti on 194 : 0,0815
Posi ti on 195 : 0,0815
Posi ti on 196 : 0,0815
Posi ti on 197 : 0,0815
Posi ti on 198 : 0,0815
Posi ti on 199 : 0,0815
Posi ti on 200 : 0,0815
Posi ti on 201 : 0,1628
Posi ti on 202 : 0,0815
Posi ti on 203 : 0,0815
Posi ti on 204 : 0,0815
Posi ti on 205 : 0,0815
Posi ti on 206 : 0,0815
Posi ti on 207 : 0,0815
Posi ti on 208 : 0,0815
Posi ti on 209 : 0,0815
Posi ti on 210 : 0,0815
Posi ti on 211 : 0,0815
Posi ti on 212 : 0,0815
Posi ti on 213 : 0,0815
Posi ti on 214 : 0,0815
Posi ti on 215 : 0,0815
Posi ti on 216 : 0,0815
Posi ti on 217 : 0,0815
Posi ti on 218 : 0,0815
Posi ti on 219 : 0,0815
Posi ti on 220 : 0,0815
Posi ti on 221 : 0,0815
Posi ti on 222 : 0,0815
Posi ti on 223 : 0,0815
Posi ti on 224 : 0,0815
Posi ti on 225 : 0,0815
Posi ti on 226 : 0,0815
Posi ti on 227 : 0,0815
Posi ti on 228 : 0,1628
Posi ti on 229 : 0,0815
Posi ti on 230 : 0,0815
Posi ti on 231 : 0,0815
Posi ti on 232 : 0,0815
Posi ti on 233 : 0,0815
Posi ti on 234 : 0,0815
Posi ti on 235 : 0,0815
Posi ti on 236 : 0,0815
Posi ti on 237 : 0,0815
Posi ti on 238 : 0,0815

Regi on 8: Posi ti on 267 to 283
Consensus:
267 EITCVCRDNWHGSRPW 283

Segment Length: 17
Average entropy (Hx): 0,0815
Posi ti on 267 : 0,0815
Posi ti on 268 : 0,0815
Posi ti on 269 : 0,0815
Posi ti on 270 : 0,0815
Posi ti on 271 : 0,0815
Posi ti on 272 : 0,0815
Posi ti on 273 : 0,0815
Posi ti on 274 : 0,0815
Posi ti on 275 : 0,0815
Posi ti on 276 : 0,0815

128

Posi ti on 277 : 0,0815
Posi ti on 278 : 0,0815
Posi ti on 279 : 0,0815
Posi ti on 280 : 0,0815
Posi ti on 281 : 0,0815
Posi ti on 282 : 0,0815
Posi ti on 283 : 0,0815

Region 9: Posi ti on 285 to 300
Consensus:
285 SFNONLEYQIGYI CSG 300

Segment Length: 16
Average entropy (Hx): 0,0815
Posi ti on 285 : 0,0815
Posi ti on 286 : 0,0815
Posi ti on 287 : 0,0815
Posi ti on 288 : 0,0815
Posi ti on 289 : 0,0815
Posi ti on 290 : 0,0815
Posi ti on 291 : 0,0815
Posi ti on 292 : 0,0815
Posi ti on 293 : 0,0815
Posi ti on 294 : 0,0815
Posi ti on 295 : 0,0815
Posi ti on 296 : 0,0815
Posi ti on 297 : 0,0815
Posi ti on 298 : 0,0815
Posi ti on 299 : 0,0815
Posi ti on 300 : 0,0815

Region 10: Posi ti on 302 to 318
Consensus:
302 FGDNPRPNDGTGSCGPM 318

Segment Length: 17
Average entropy (Hx): 0,0815
Posi ti on 302 : 0,0815
Posi ti on 303 : 0,0815
Posi ti on 304 : 0,0815
Posi ti on 305 : 0,0815
Posi ti on 306 : 0,0815
Posi ti on 307 : 0,0815
Posi ti on 308 : 0,0815
Posi ti on 309 : 0,0815
Posi ti on 310 : 0,0815
Posi ti on 311 : 0,0815
Posi ti on 312 : 0,0815
Posi ti on 313 : 0,0815
Posi ti on 314 : 0,0815
Posi ti on 315 : 0,0815
Posi ti on 316 : 0,0815
Posi ti on 317 : 0,0815
Posi ti on 318 : 0,0815

Region 11: Posi ti on 321 to 345
Consensus:
321 NGAYGVKGFsfkyGNGVWI GRtkST 345

Segment Length: 25
Average entropy (Hx): 0,0848
Posi ti on 321 : 0,0815
Posi ti on 322 : 0,0815
Posi ti on 323 : 0,0815
Posi ti on 324 : 0,0815
Posi ti on 325 : 0,0815
Posi ti on 326 : 0,1628
Posi ti on 327 : 0,0815
Posi ti on 328 : 0,0815
Posi ti on 329 : 0,0815
Posi ti on 330 : 0,0815
Posi ti on 331 : 0,0815
Posi ti on 332 : 0,0815
Posi ti on 333 : 0,0815

Posi ti on 334 : 0,0815
Posi ti on 335 : 0,0815
Posi ti on 336 : 0,0815
Posi ti on 337 : 0,0815
Posi ti on 338 : 0,0815
Posi ti on 339 : 0,0815
Posi ti on 340 : 0,0815
Posi ti on 341 : 0,0815
Posi ti on 342 : 0,0815
Posi ti on 343 : 0,0815
Posi ti on 344 : 0,0815
Posi ti on 345 : 0,0815

Regi on 12: Posi ti on 347 to 432

Consensus:

347

SRSGFEMI WDPNGWTGTDSSFSVKODI VAI TDWSGYSGSFVQHPELTGLDCI RPCFWVELI RGRPKESTI WTSGSSI SFCGVNSD

T 432

Segment Length: 86

Average entropy (Hx): 0,0843

Posi ti on 347 : 0,0815
Posi ti on 348 : 0,0815
Posi ti on 349 : 0,0815
Posi ti on 350 : 0,0815
Posi ti on 351 : 0,0815
Posi ti on 352 : 0,0815
Posi ti on 353 : 0,0815
Posi ti on 354 : 0,0815
Posi ti on 355 : 0,0815
Posi ti on 356 : 0,0815
Posi ti on 357 : 0,0815
Posi ti on 358 : 0,0815
Posi ti on 359 : 0,0815
Posi ti on 360 : 0,0815
Posi ti on 361 : 0,0815
Posi ti on 362 : 0,0815
Posi ti on 363 : 0,0815
Posi ti on 364 : 0,0815
Posi ti on 365 : 0,0815
Posi ti on 366 : 0,0815
Posi ti on 367 : 0,0815
Posi ti on 368 : 0,0815
Posi ti on 369 : 0,0815
Posi ti on 370 : 0,0815
Posi ti on 371 : 0,0815
Posi ti on 372 : 0,0815
Posi ti on 373 : 0,0815
Posi ti on 374 : 0,0815
Posi ti on 375 : 0,0815
Posi ti on 376 : 0,0815
Posi ti on 377 : 0,0815
Posi ti on 378 : 0,1628
Posi ti on 379 : 0,0815
Posi ti on 380 : 0,0815
Posi ti on 381 : 0,0815
Posi ti on 382 : 0,0815
Posi ti on 383 : 0,0815
Posi ti on 384 : 0,0815
Posi ti on 385 : 0,0815
Posi ti on 386 : 0,0815
Posi ti on 387 : 0,0815
Posi ti on 388 : 0,0815
Posi ti on 389 : 0,0815
Posi ti on 390 : 0,0815
Posi ti on 391 : 0,0815
Posi ti on 392 : 0,0815
Posi ti on 393 : 0,0815
Posi ti on 394 : 0,0815
Posi ti on 395 : 0,0815
Posi ti on 396 : 0,0815
Posi ti on 397 : 0,0815
Posi ti on 398 : 0,0815
Posi ti on 399 : 0,0815
Posi ti on 400 : 0,0815
Posi ti on 401 : 0,0815

Posi ti on 402 : 0,0815
Posi ti on 403 : 0,0815
Posi ti on 404 : 0,0815
Posi ti on 405 : 0,0815
Posi ti on 406 : 0,0815
Posi ti on 407 : 0,0815
Posi ti on 408 : 0,0815
Posi ti on 409 : 0,0815
Posi ti on 410 : 0,1628
Posi ti on 411 : 0,0815
Posi ti on 412 : 0,0815
Posi ti on 413 : 0,0815
Posi ti on 414 : 0,0815
Posi ti on 415 : 0,0815
Posi ti on 416 : 0,0815
Posi ti on 417 : 0,0815
Posi ti on 418 : 0,0815
Posi ti on 419 : 0,0815
Posi ti on 420 : 0,0815
Posi ti on 421 : 0,0815
Posi ti on 422 : 0,1560
Posi ti on 423 : 0,0815
Posi ti on 424 : 0,0815
Posi ti on 425 : 0,0815
Posi ti on 426 : 0,0815
Posi ti on 427 : 0,0815
Posi ti on 428 : 0,0815
Posi ti on 429 : 0,0815
Posi ti on 430 : 0,0815
Posi ti on 431 : 0,0815
Posi ti on 432 : 0,0815

Protein Matrik 2 (M2)

Bi oE di t versi on 7.0.8.0 (6/17/07)
Conserved region search
Alignment file: C:\Documents and Settings\Bi oMol ecul arDi vi si on\My Documents\aku_hudan\bal ai rung_akudatang\sekuens_M2\FASTA_full l l engt. al n
25/02/2008 10:45:22

Minimum segment length (actual for each sequence): 15
Maximum average entropy: 0.2
Maximum entropy per position: 0.2
Gaps limited to 2 per segment
Contiguous gaps limited to 1 in any segment

1 conserved regions found

Region 1: Position 1 to 17
Consensus:
1 MSLLEVEVTPTRNEWEC 17

Segment Length: 17
Average entropy (Hx): 0,0659
Posi ti on 1 : 0,0659
Posi ti on 2 : 0,0659
Posi ti on 3 : 0,0659
Posi ti on 4 : 0,0659
Posi ti on 5 : 0,0659
Posi ti on 6 : 0,0659
Posi ti on 7 : 0,0659
Posi ti on 8 : 0,0659
Posi ti on 9 : 0,0659
Posi ti on 10 : 0,0659
Posi ti on 11 : 0,0659
Posi ti on 12 : 0,0659
Posi ti on 13 : 0,0659
Posi ti on 14 : 0,0659
Posi ti on 15 : 0,0659
Posi ti on 16 : 0,0659
Posi ti on 17 : 0,0659

Query results

Parameters	
Length of sequence	97
Range for length of peptide fragments	9..9
Min. probability for cleavage after a single residue	0.5
Min. probability for cleavage of a fragment	0.5

Prediction results	
No. of possible fragments	10
Total no. of fragments	89
Percentage (fragments / total fragments)	11.23%
Highest fragment cleavage probability (at pos. 0@1)	1
Highest residue cleavage probability (at pos. 7@1)	0.9930

MSLLTEVETPTRNEWECKCIDSSDPLAVAASITGILHLILWILDRLFFKFIYRRLKYGLKRGVPSTAGVPESMREEYRQQNAVDDVDDGHFVNI ELE
 11111111100000000000000000001123333333332233332322211111000000001111111110000000111111110000000000
 MSLLTEVET(1)

VAASITGIL(0.9142)
 ASITGILHL(0.9282)
 SITGILHLI(0.5002)
 HLILWILDR(0.5325)
 ILWILDRLF(0.5072)
 ILDRLFFKF(0.5866)
 FFKFIYRRL(0.9934)

PSTAGVPES(0.5002) QQNAVDDDD(1)

Lampiran 7. TAP Binding Protein Hemagglutinin (HA), Neuraminidase (NA), dan matrik 2 (M2) Virus H5N1 (TAPPred)

The screenshot displays the TAPPred web application interface. The main heading is "TAPPred Cascade SVM Based method for prediction of binding affinity of TAP Binders". Below this, there are navigation tabs: Home, Help, Information, Links, Team, and Contact. The "Prediction Results" section shows the following details:

- Prediction Approach: Simple SVM
- Antigen Name: HA
- Scanned on: Mon Apr 7 12:36:28 2008
- Length of input sequence: 568 amino acids
- Number of nonamers from input sequence: 560

A "Display I" button is visible, followed by a sequence viewer showing a portion of the amino acid sequence:

```

1 M E K V L L A V S L A S D Q I C I G Y H A N L P S G V D I I M E K N Y I T A Q O L E C T P F K I K L C H D G K P L L E D S A S W I L L G N P H C S P I N G E W S Y I S E A N 100
101 P T M L C Y P S E N D G E L K A L S L I N G E I Q I P K S S W D H E S S G S S A P L G S D S F S I W W L K N S T Y P T I K S Y I T N C E L V L W G H H P O A 200
201 I N E T A L Q M T P T I S G S T L N P Q L P Q I Y S M I S G S G A M E F P T T S G N D A I I E S T L P T P E Y W I L K G C S A I H K S E L G L T T S C T P I G L 300
301 I I S S P P H I H E T S G P Q Y Y S T A L L A H I S Y P O R E S R R K S S P H A T A G I E G W L E W D G W Y G I H S T C S S S A A D K S T O P A I D Y I N K S I S 400
    
```

A "Tabular Display" button is also present, leading to a table of peptide predictions:

Peptide Rank	Start Position	Sequence	Score	Predicted Affinity
1	3511	DKSNVYVW	6.213	0.0ph
2	556	IKQVNYVW	6.2463	0.0ph
3	262	KVYVYVYV	6.259	0.0ph
4	279	ZLDRDYSVYV	6.420	0.0ph
5	99	ZADQDNYVYV	7.496	0.0ph
6	322	IKQVNYVW	7.497	0.0ph
7	205	IKQVNYVW	7.497	0.0ph
8	335	IKQVNYVW	7.437	0.0ph
9	343	IKQVNYVW	7.077	0.0ph
10	164	ZLZLQVYV	6.925	0.0ph
11	325	IKQVNYVW	6.818	0.0ph
12	320	IKQVNYVW	6.736	0.0ph
13	330	IKQVNYVW	6.518	0.0ph
14	35	IKQVNYVW	6.516	0.0ph
15	319	IKQVNYVW	6.313	0.0ph
16	342	IKQVNYVW	6.313	0.0ph
17	346	ZLDRDYSVYV	6.365	0.0ph
18	335	IKQVNYVW	6.315	0.0ph
19	249	IKQVNYVW	6.234	0.0ph
20	560	KVYVYVYV	6.196	0.0ph
21	242	IKQVNYVW	6.114	0.0ph
22	363	IKQVNYVW	6.160	0.0ph

TAPPred
Cascade SVM Based method for prediction of binding affinity of TAP Binders

Home | Help | Information | Links | Team | Contact

Home | Help | Information | Links | Team | Contact

Prediction Results

Prediction Approach: Cascade SVM
 Antigen Name: NA
 Scanned on: Mon Apr 7 13:01:10 2008
 Length of input sequence: 449 amino acids
 Number of nonamers from input sequence: 441

Display I

```

1  DM-NOKITIGICIMVIGISLU-LSQNMIMSEW-DE-DE-IGN-CHOAES-SN-IPLTEKAVAVTLAIGNSLU-PIRGV-AVHKKDNIR-DSK-VOVPVIRE- 100
101  LISSEHLICATP-LT-PTQ-L-DK-SNGTVKQ-SPHR-IL-S-D-GEAPSPYNSRFESVAWSASACT-GTSM-L-IGISGPP-L-AVALLYNGHITDTHSWR- 200
201  D-LTST-L-ELKZC-W-GSC-T-M-D-H-SNGQASXKIFPMKPKKVKVSV-PAPIVHY-PR-S-YPDAGETCYCADWAGSSIR-ERVVSP-QULEYQI-VY-SC- 300
301  M-SPWR-DE-IGES-GR-VEHQA-SVY-SFPA-GVGV-WIGRT-KTNSRSRPFEM-INDPQ-WTGT-EDSSSEYKODIVAITW-SP-SSSEY-ADR-IGLQ-TR- 400
    
```

Tabular Display

Peptide Rank	Start Position	Sequence	Score	Predicted Affinity
1	86	IRIGSKGDV	8.647	High
2	399	RPCFVVELI	8.645	High
3	114	LTQGALLND	8.645	High
4	277	HGSNRFWVS	8.642	High
5	439	DGAELEPFI	8.642	High
6	118	ALLNDRHSN	8.641	High
7	242	KVVKSVELD	8.637	High
8	341	RTKSTNSRS	8.633	High
9	81	SKDNNIRIG	8.629	High
10	47	ESISNTNPL	8.628	High
11	168	TSWLTIGIS	8.626	High
12	428	VNSDTVSN	8.623	High
13	273	RDNNHGSNR	8.619	High
14	148	SPYNSRFES	8.618	High
15	366	SFSVQDIV	8.617	High
16	354	IWFNGWTG	8.612	High
17	48	SISNTNPLI	8.605	High
18	26	IGNMISLW	8.603	High
19	369	VKQDIVAIT	8.602	High
20	123	KHSNGTVKD	8.599	High
21	222	MTDGFSGNQ	8.594	High
22	55	LTEKAVASV	8.578	High
23	115	TQGALLNDK	8.577	High

TAPPred
Cascade SVM Based method for prediction of binding affinity of TAP Binders

Home | Help | Information | Links | Team | Contact

Prediction Results

Prediction Approach: Cascade SVM
 Antigen Name: full-length
 Scanned on: Thu Feb 28 13:35:55 2008
 Length of input sequence: 97 amino acids
 Number of nonamers from input sequence: 89

Display I

1 M S L T V T P T R L W E C K C Q S S D L A V A S I I G T E N L I L W I L D R L F P K F I Y R R L K G L K G P S T A V R E M R E Y R Q Q N A V D D G H F V N I E L E 97

Tabular Display

Peptide Rank	Start Position	Sequence	Score	Predicted Affinity
1	64	STAGVPESM	8.640	High
2	43	LDRLFFKFI	8.615	High
3	78	QEQQNAVAV	8.612	High
4	54	RLRYGLKRG	8.574	High
5	17	CKCIDSSDP	8.537	High
6	21	DSSDPLAVA	8.427	High
7	9	TFTRNEWEC	8.278	High
8	86	VDDGHFVNI	8.243	High
9	58	GLKRGPSA	8.235	High
10	19	CIDSSDPLA	7.704	High
11	76	YRQEQQNAV	7.640	High
12	2	SLLTEVETP	7.524	High
13	70	ESMREYRQ	7.489	High
14	68	VFESMREY	7.273	High
15	72	MREYRQEQ	7.021	High
16	59	LKRGPSA	6.793	High
17	4	LIEVETETR	6.614	High
18	22	SSDPLAVA	6.547	High
19	73	REYRQEQQ	6.282	High
20	77	RQEQQNAV	6.147	High
21	85	DVDDGHFVN	6.107	High
22	65	TAGVPESMR	6.027	High
23	74	EYRQEQQ	5.875	Intermediate

Lampiran 8. Prediksi Epitope T-cell Protein Hemagglutinin (HA), Neuraminidase (NA), dan

Prediksi Epitope Conserved Region Hemagglutinin (HA)

Epitope ^a	Conserved region	Prediction of binding afinity of TAP binders ^b	prediction of HLA class		
			MULTIPRED ^c		
			HLA class I A2	HLA class I A3	p
VKSDQICIG	1	high	low binders	non binders	
EKNVTVTHA	2	intermidate	low binders	low binders	
TVTHAQDIL	2	high	moderate binders	low binders	
ILEKTHNGK	2	high	moderate binders	moderate binders	

EKTHNGKLC	2	low	low binders	non binders
CDLDGVKPL	2	intermidate	low binders	non binders
DLDGVKPLI	2	low	low binders	non binders
LGNPMCDEF	3	high	low binders	non binders

YEELKHLLS	4	high	low binders	non binders
HLLSRINHF	4	intermidate	moderate binders	low binders
YNNTNQEDL	5	low	low binders	low binders

OSGRMEFFW	6	intermidate	low binders	non binders
FESNGNFIA	7	high	low binders	non binders

YKIVKKGDS	7	low	low binders	low binders
HNIHPLTIG	9	low	low binders	non binders
VLATGLRNS	10	low	low binders	low binders
LATGLRNSP	10	intermidate	low binders	non binders
IENLNKKME	13	low	low binders	low binders
NKKMEDGFL	13	intermidate	low binders	non binders

LDVWTYNAE	13	low	non binders	non binders
DVWTYNAEL	13	intermidate	moderate binders	low binders
VWTYNAELL	13	high	low binders	non binders
WTYNAELLV	13	intermidate	moderate binders	low binders

ELLVMENE	13	intermidate	low binders	low binders
LLVMENER	13	intermidate	low binders	moderate binders
LVMENERT	13	high	low binders	low binders
VLMENERTL	13	intermidate	high binders	low binders

YDKVRLQLR	13	high	low binders	low binders
QLRDNAKEL	13	intermidate	high binders	low binders
LKREEISGV	14	intermidate	moderate binders	non binders

SIYSTVASS	15	high	moderate binders	low binders	
ASSLALAIM	15	high	low binders	non binders	

^a diperoleh berdasarkan prediksi *proteasome cleavage* dengan MAPPP

^b diperoleh menggunakan TAPPred dengan metode cascade svm

^c diperoleh menggunakan MULTIPRED dengan metode HMM

^d diperoleh menggunakan Immuneepitope dengan metode smm

Prediksi Epitope Conserved Region Neuraminidase (NA)

Epitope ^a	Conserved region	Prediction of binding afinity of TAP binders ^b	prediction of HLA cl	
			MULTIPRED ^c	
			HLA class I A2	HLA class I A3
SLMLQIGNM	1	high	moderate binders	low binders
PIRGWAVHS	3	high	low binders	low binders

FLTOGALLN	5	low	low binders	low binders
LTOGALLND	5	high	low binders	low binders
VKDRSPHRT	6	intermidate	low binders	low binders
KDRSPHRTL	6	intermidate	low binders	low binders
DRSPHRTLM	6	intermidate	low binders	low binders

AVLKYNGII	7	high	moderate binders	low binders
VLKYNGIIT	7	high	low binders	low binders
LKYNGIITD	7	intermidate	low binders	low binders
KYNGIITDT	7	intermidate	moderate binders	low binders
IKSWRNNIL	7	intermidate	low binders	non binders

RNNILRTOE	7	intermidate	low binders	low binders
NGSCFTVMT	7	low	low binders	low binders
GSCFTVMTD	7	high	low binders	low binders
GPSNGQASY	7	low	low binders	low binders
YQIGYICSG	9	high	low binders	non binders

DGTGSCGPM	10	low	non binders	non binders
NGAYGVKGF	11	intermidate	low binders	non binders
AYGVKGFSE	11	intermidate	low binders	non binders

SFKYGNQVW	11	high	non binders	non binders
WDPNGWTGT	12	low	non binders	non binders
WTGTDSSFS	12	low	low binders	non binders
DSSFSVKQD	12	low	low binders	low binders
SSFSVKQDI	12	high	moderate binders	low binders

VKODIVAIT	12	high	moderate binders	non binders
KODIVAITD	12	high	low binders	low binders
DWSGYSGSF	12	high	low binders	non binders
WSGYSGSFV	12	low	low binders	non binders

SGSFVQHPE	12	intermidate	non binders	low binders
VOHPELTGL	12	intermidate	low binders	non binders
DCIRPCFWV	12	intermidate	moderate binders	non binders

LIRGRPKES	12	high	low binders	low binders
SSISFCGVN	12	low	low binders	non binders

^a diperoleh berdasarkan prediksi *proteasome cleavage* dengan MAPPP

^b diperoleh menggunakan TAPPred dengan metode cascade svm

^c diperoleh menggunakan MULTIPRED dengan metode HMM

^d diperoleh menggunakan Immuneepitope dengan metode smm

Prediksi Epitope Conserved Region Matriks Protein 2 (M2)

Epitope ^a	Conserved region	Prediction of binding afinity of TAP binders ^b	prediction of HLA cla	
			MULTIPRED ^c	
			HLA class I A2	HLA class I A3
MSLLTEVET	1	low	low binders	low binders

--	--	--	--	--

^a diperoleh berdasarkan prediksi *proteasome cleavage* dengan MAPPP

^b diperoleh menggunakan TAPPred dengan metode cascade svm

^c diperoleh menggunakan MULTIPRED dengan metode HMM

^d diperoleh menggunakan Immuneepitope dengan metode smm



Lampiran 9. Reverse Translasi *Conserved Region 13 Hemagglutinin (HA)*, *Conserved Region 12 Neuraminidase (NA)*, dan *Conserved Region 1 Protein matrik 2 (M2)*

Conserved Region 13 Hemagglutinin (HA)

CTGGAGCGCCGCATCGAGAACCTGAACAAGAAGATGGAGGACGGCTTC
CTGGACGTGTGGACCTACAACGCCGAGCTGCTGGTGCTGATGGAGAAC
GAGCGCACCCCTGGACTTCCACGACAGCAACGTGAAGAACCTGTACGAC
AAGGTGCGCCTGCAGCTGCGCGACAACGCCAAGGAGCTGGGCAACGG
CTGCTTCGAGTTCTACCACAAGTGCGACAACGAGTGC

Conserved Region 12 Neuraminidase (NA)

AGCCGCAGCGGCTTCGAGATGATCTGGGACCCCAACGGCTGGACCGGC
ACCGACAGCAGCTTCAGCGTGAAGCAGGACATCGTGGCCATCACCGAC
TGGAGCGGCTACAGCGGCAGCTTCGTGCAGCACCCCGAGCTGACCGG
CCTGGACTGCATCCGCCCTGCTTCTGGGTGGAGCTGATCCGCGGCCG
CCCCAAGGAGAGCACCATCTGGACCAGCGGCAGCAGCATCAGCTTCTG
CGGCGTGAACAGCGACACC

Conserved Region 1 Protein matrik 2 (M2)

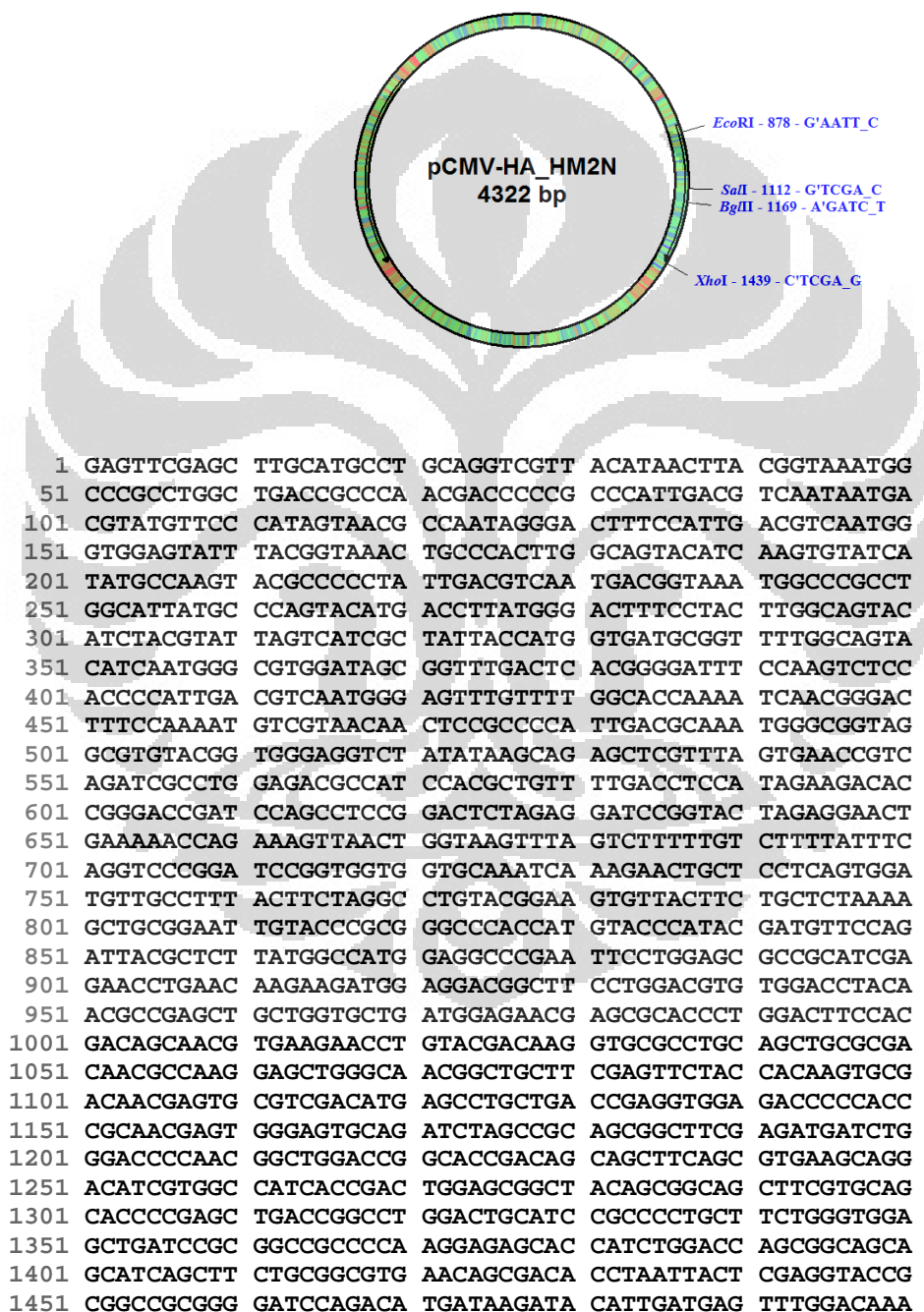
ATGAGCCTGCTGACCGAGGTGGAGACCCCCACCCGCAACGAGTGGGAG
TGC

Lampiran 10. Sekuen pCMV-HA

>Addgene Vectorpedia: pCMV-HA Sequence sequence, 3782 bp
GAGTTCGAGCTTGCATGCCTGCAGGTCGTTACATAAATTACGGTAAATGGCCCGCTGGCTGACCGCCCAACGACCCCGG
CCCATTGACGTCAATAATGACGTAATGTTCCCATAGTAACGCCAATAGGGACTTCCATTGACGTCAATGGGTGGAGTATT
TACGGTAAACTGCCCACTGGCAGTACATCAAGTGATCATATGCCAAGTACGCCCCCTATTGACGTCAATGACGGTAAA
TGGCCCGCTGGCATTATGCCAGTACATGACCTTATGGGACTTCTACTTGGCAGTACATCTACGTATTAGTCAATCGC
TATTACCATGGTGCATGCGGTTTTGGCAGTACATCAATGGCGTGGATAGCGGTTTGACTCACGGGGATTTCCAAGTCTCC
ACCCATTGACGTCAATGGGAGTTGTTTTGGCACCAAAATCAACGGGACTTCCAAAATGTCGTAAACAACCCGCCCA
TTGACGCAAAATGGCCGTAGCGGTACGGTGGGAGGTCATATAAGCAGAGCTCGTTAGTGAACCCGTACATCGCCTG
GAGACGCCATCCACGCTGTTTTGACCTCCA TAGAAGACACGGGACCGATCCAGCCTCCGGACTCTAGAGGATCCGGTAC
TAGAGGAAGTAAAAACCAGAAAGTAACTGGTAAAGTTAGTCTTTTTGTCTTTTATTTCAGGTCGCCGATCCGGTGGT
GTGCAAAATCAAAGAAGTGCCTCCTCAGTGGATGTTGCCCTTACTTCTAGGCTGTACGGAAGTGTACTTCTGCTCAAAA
GCTGCGGAATTGTACCCGCGGGCCACCATTGACCCATACGATGTTCCAGATTACGCTCTTATGGCCATGGAGGCCGAA
TTCCGGTGCACCGAGATCTCTCGAGGTACCGCGCCGCGGGGATCCAGACATGATAAGA TACATTTGATGAGTTTGGACAAA
CCACAAC TAGAATGCAGTGA AAAAATGCTTTATTTGTA AAAATTTGTGATGCTATTGCTTTATTTGTAACCATTAAGA
TGCAATAACAAGTTAAACAACAATTGCATTCATTTATGTTTCAGGTTACGGGGGAGGTGTGGGAGGTTTTTCGGA
TCCTCTAGAGTCGATCGACGGCATGCTAGCTTGGCGTAAATCATGGTCAATAGCTGTTTCTGTGTGAAATTTGTTATCCG
TCACAATTCACACAACATACGAGCCGGAAGCATAAAAGTGTAAAGCCTGGGGTCCATAATGAGTGAGCTAACTCACATTA
ATTGCGTTGCGCTCACTGCCCGCTTTCCAGTCGGGAAACCTGTCGTGCCAGCTGCATTAATGAATCGGCCAACCGCGGG
GAGAGGCGGTTGCGTATTGGGCGCTCTTCGCTTCTCGCTCACTGACTCGCTGCGCTCGGTCGTTGCGCTGCGGCGAG
CGGATCAGCTCACTCAAAGCGGTAATACGGTTATCCACAGAATCAGGGGATAACGCAGGAAAGAACATGTGAGCAAAA
GCCAGCAAAAGGCCAGGAACCGTAAAAAGGCCGCTGCTGGCGTTTTCCATAGGCTCCGCCCCCTGACGAGCATCA
CAAAAATCGACGCTCAAGTCAGAGTGGCGAAACCCGACAGGACTATAAAGATACCAGCGCTTCCCCCTGGAAGCTCCC
TCGTGCGCTCTCCTGTTCCGACCTGCCCCTTACCGGATACCTGTCCGCTTTCTCCCTTCGGGAAGCGTGGCGCTTTCT
CATAGCTCAGGCTGATAGGATCTCAGTTCGGGTAGGTCGTTCCGCTCCAAGCTGGGCTGTGTGCACGAACCCCGCTTCA
GCCGACCGCTGCGCTTATCCGGTAACTATCGTCTTGTAGTCCAACCCGTAAGACACGACTTATCGCCACTGGCAGCAG
CCACTGGTAACAGGATTAGCAGAGCGAGGTATGTAGGCGGTGCTACAGAGTCTTGAAGTGGTGGCTAACTACGGCTAC
ACTAGAAAGGACAGTATTTGGTATCTGCGCTCTGCTGAAGCCAGTTACCTTCGGAAAAAGAGTTGGTAGCTCTTGATCCGG
CAAACAACCCACCGCTGGTAGCGGTGGTTTTTTTTGTTTGCAAGCAGCAGATTACGCGCAGAAAAAAGGATCTCAAGAA
ATCCTTTGATCTTTTCTACGGGCTGACGCTCAGTGGAAACGAAACTCACGTTAAGGATTTTGGTCATGAGATTATCA
AAAAGGATCTTACCTAGATCCTTTAAATTA AAAATGAAGTTTAAA TCAATCTAAAGTATATATGAGTAACTTGGTC
TGACAGTTACCAATGCTTAA TCAGTGAGGCACCTATCTCAGCGATCTGTCTATTTCTGTTTCATCCATAGTTGCCTGACTCC
CGTCTGTAGATAACTACGATACGGGAGGCTTACCATTGGCCCGAGTGTGCAATGATACCGGAGACCCACGCTCA
CCGGCTCCAGATTTATCAGCAATAAACCAGCCAGCCGGAAGGGCCGAGCGCAGAAGTGGTCTGCAACTTTATCCGCTC
CATCCAGTCTATTAATGTTGCCGGGAAGC TAGAGTAAGTAGTTCCGCAAGTAAATAGTTGCGCAACGTTGTTGCCATTG
CTACAGGCATCGTGGTGTACGCTCGTCTGTTGGTATGGCTTCAATTCAGCTCCGGTTCCCAACGATCAAGGCGAGTTACA
TGATCCCCATGTTGTCAAAAAAGCGGTTAGCTCCTTCGGTCTCCGATCGTTGTGCAAGTAAAGTTGGCCGCAAGTGT
ATCACTCATGGTTATGGCAGCACTGCATAAATTCCTTACTGTGTCATGCCATCCGTAAGATGCTTTTCTGTGACTGGTGAGT
ACTCAACCAAGTCATTTCTGAGAAATAGTGTATGCGGCGACCGAGTTGCTCTTGCCCGGCTCAATACGGGATAATACCGCG
CCACATAGCAGAATTTAAAAGTGTCTCATCTATTGAAAACGTTCTCGGGCGAAAAC TCTCAAGGATCTTACCGCTGTT
GAGATCCAGTTTCGATGTAACCCACTCGTGCACCCAACTGATCTTACGATCTTTTACTTTTACCAGCGTTTTCTGGGTGAG
CAAAAAACGGAAGGCAAAATGCCGAAAAAAGGGAATAGGGCGACACGGAAAATGTGAATACTCATACTCTTCTTTTT
CAATATTTGAAGCAITTAACAGGTTATGTCTCATGAGCGGATACATATTTGAATGTATTTAGAAAAAATAACAAT
AGGGGTTCCGCGCACATTTCCCGAAAAAGT GCCACCTGACGCTAAGAAACCATTATTATCATGACATTAACCTATAAAA
ATAGGGGATACACGAGGCCCTTTCTGTCGCGCGTTTTCGGTGATGACGGTGA AACCTCTGACACATGCAGCTCCCGGAG
ACGGTACAGCTTGTCTGTAAGCGGATGCCGGGAGCAGACAAGCCCGT CAGGGCGCGT CAGCGGGTGTGGCGGGTGTG
GGGCTGGCTTAACTATGCGGCATCAGAGCAGATTGACTGAGAGTGCACCATATGCGGTGTGAAATACCGCACAGATGCG
TAAGGAGAAAA TACCGCATCAGGCGCCATTGCCTATTAGGCTGCGCAACTGTTGGGAAAGGGCGATCCGGTGGGGCTCT
TCGCTATTACGCCAGCTGCGAAAAAGGGGATGTGCTGCAAGCGGATTAAGTTGGGTAACGCCAGGTTTTCCAGTACAG
ACGTTGTA AACGACGCCAGT

Lampiran 11. Hasil Perancangan Vaksin DNA

Vaksin pCMV-HA_HM2N



```

1501 CCACAAC TAG AATGCAGTGA AAAAAATGCT TTATTTGTGA AATTTGTGAT
1551 GCTATTGCTT TATTTGTAAC CATTATAAGC TGCAATAAAC AAGTTAACAA
1601 CAACAATTGC ATTCATTTTA TGTTTTCAGGT TCAGGGGGAG GTGTGGGAGG
1651 TTTTTTCGGA TCCTCTAGAG TCGATCTGCA GGCATGCTAG CTTGGCGTAA
1701 TCATGGTCAT AGCTGTTTCC TGTGTGAAAT TGTTATCCGC TCACAATTCC
1751 ACACAACATA CGAGCCGGAA GCATAAAGTG TAAAGCCTGG GGTGCCTAAT
1801 GAGTGAGCTA ACTCACATTA ATTGCGTTGC GCTCACTGCC CGCTTTCCAG
1851 TCGGGAAACC TGTCGTGCCA GCTGCATTAA TGAATCGGCC AACGCGCGGG
1901 GAGAGGCGGT TTGCGTATTG GGCCTCTTTC CGCTTCCTCG CTCACTGACT
1951 CGCTGCGCTC GGTCGTTCGG CTGCGGCGAG CCGGTATCAGC TCACTCAAAG
2001 GCGGTAATAC GGTATCCAC AGAATCAGGG GATAACGCAG GAAAGAACAT
2051 GTGAGCAAAA GGCCAGCAA AGGCCAGGAA CCGTAAAAAG GCCGCGTTGC
2101 TGGCGTTTTT CCATAGGCTC CGCCCCCTG ACGAGCATCA CAAAAATCGA
2151 CGCTCAAGTC AGAGGTGGCG AAACCCGACA GGACTATAAA GATACCAGGC
2201 GTTTCCCCTT GGAAGCTCCC TCGTGCCTC TCCTGTTCCG ACCCTGCCGC
2251 TTACCGGATA CCTGTCCGCC TTTCTCCCTT CGGGAAGCGT GGCGCTTTCT
2301 CATAGCTCAC GCTGTAGGTA TCTCAGTTCG GTGTAGGTCG TTCGCTCCAA
2351 GCTGGGCTGT GTGCACGAAC CCCCCTTCA GCCCGCCGC TGCGCTTAT
2401 CCGGTAAC TA TCGTCTGAG TCCAACCCGG TAAGACACGA CTTATCGCCA
2451 CTGGCAGCAG CCACTGGTAA CAGGATTAGC AGAGCGAGGT ATGTAGGCGG
2501 TGCTACAGAG TTCTTGAAGT GGTGGCCTAA CTACGGCTAC ACTAGAAGGA
2551 CAGTATTTGG TATCTGCGCT CTGCTGAAGC CAGTTACCTT CGGAAAAAGA
2601 GTTGGTAGCT CTTGATCCGG CAAACAAACC ACCGCTGGTA GCGGTGGTTT
2651 TTTTGTGTTG AAGCAGCAGA TTACGCGCAG AAAAAAAGGA TCTCAAGAAG
2701 ATCCTTTGAT CTTTTCTACG GGGTCTGACG CTCAGTGGAA CGAAAAC TCA
2751 CGTTAAGGGA TTTTGGTCAT GAGATTATCA AAAAGGATCT TCACCTAGAT
2801 CCTTTTAAAT TAAAAATGAA GTTTTAAATC AATCTAAAGT ATATATGAGT
2851 AAAC TTGGTC TGACAGTTAC CAATGCTTAA TCAGTGAGGC ACCTATCTCA
2901 GCGATCTGTC TATTTGCTTC ATCCATAGTT GCCTGACTCC CCGTCGTGTA
2951 GATAACTACG ATACGGGAGG GCTTACCATC TGGCCCCAGT GTGCAATGA
3001 TACCGCGAGA CCCACGCTCA CCGGCTCCAG ATTTATCAGC AATAAAC CAG
3051 CCAGCCGGAA GGGCCGAGCG CAGAAAGTGGT CCTGCAACTT TATCCGCCTC
3101 CATCCAGTCT ATTAATTGTT GCCGGGAAGC TAGAGTAAGT AGTTCGCCAG
3151 TTAATAGTTT GCGCAACGTT GTTGCCATTG CTACAGGCAT CGTGGTGTCA
3201 CGCTCGTCTG TTGGTATGGC TTCATT CAGC TCCGGTTCCC AACGATCAAG
3251 GCGAGTTACA TGATCCCCA TGTGTGCAA AAAAGCGGTT AGCTCCTTCG
3301 GTCCTCCGAT CGTTGTCAGA AGTAAGTTGG CCGCAGTGTT ATCACTCATG
3351 GTTATGGCAG CACTGCATAA TTCTCTTACT GTCATGCCAT CCGTAAGATG
3401 CTTTTCTGTG ACTGGTGAGT ACTCAACCAA GTCATTCTGA GAATAGTGTA
3451 TGCGGCGACC GAGTTGCTCT TGCCC GCGT CAATACGGGA TAATACCGCG
3501 CCACATAGCA GAACTTTAAA AGTGCTCATC ATTGGAAAAC GTTCTTCGGG
3551 GCGAAAAC TCAAGGATCT TACCGCTGTT GAGATCCAGT TCGATGTAAC
3601 CCACTCGTGC ACCCAACTGA TCTTCAGCAT CTTTTACTTT CACCAGCGTT
3651 TCTGGGTGAG CAAAAACAGG AAGGCAAAAT GCCGCAAAA AGGGAATAAG
3701 GCGGACACGG AAATGTTGAA TACTCATACT CTTCTTTTT CAATATTATT
3751 GAAGCATTTA TCAGGGTTAT TGTCTCATGA GCGGATACAT ATTTGAATGT
3801 ATTTAGAAAA ATAAACAAAT AGGGGTTCCG CGCACATTT CCGGAAAAGT
3851 GCCACCTGAC GTCTAAGAAA CCATTATTAT CATGACATTA ACCTATAAAA
3901 ATAGGCGTAT CACGAGGCC TTTCTGCTCG CGCGTTTCGG TGATGACGGT
3951 GAAAACCTCT GACACATGCA GCTCCCGGAG ACGGTCACAG CTTGTCTGTA
4001 AGCGGATGCC GGGAGCAGAC AAGCCCGTCA GGGCGCGTCA GCGGGTGTG
4051 GCGGGTGTG GGGCTGGCTT AACTATGCGG CATCAGAGCA GATTGTACTG
4101 AGAGTGCACC ATATGCGGTG TGAAATACCG CACAGATGCG TAAGGAGAAA
4151 ATACCGCATC AGGCGCCATT CGCCATTCAG GCTGCGCAAC TGTTGGGAAG

```

```
4201 GCGGATCGGT GCGGGCCTCT TCGCTATTAC GCCAGCTGGC GAAAGGGGGA
4251 TGTGCTGCAA GGCGATTAAG TTGGGTAACG CCAGGGTTTT CCCAGTCACG
4301 ACGTTGTAAA ACGACGGCCA GT
```

pcMV-HA_HM2N, 4322 bp. (CIRCULAR)
Restriction analysis 21/05/2008
pDRAW32 revision 1.1.97
Rebase containing 262 enzymes.
4 enzymes match enzyme selection criteria.

BglII (A'GATC_T)

Cuts 1 time.
Cuts at position 1169.

EcoRI (G'AATT_C) [FunII]

Cuts 1 time.
Cuts at position 878.

SallI (G'TCGA_C)

Cuts 1 time.
Cuts at position 1112.

XhoI (C'TCGA_G) [BssHI, PaeR7I, Sfr274I, SlaI, StrI, TliI]

Cuts 1 time.
Cuts at position 1439.

pcMV-HA_HM2N, 4322 bp. (CIRCULAR)
ORF analysis 21/05/2008
pDRAW32 revision 1.1.97
Minimum Orf length = 400
Genetic code = Standard genetic code
Alternative initiation codons = None

Orf# = 1
Frame = 2
Start = 842
End = 1433
Length = 591 bp

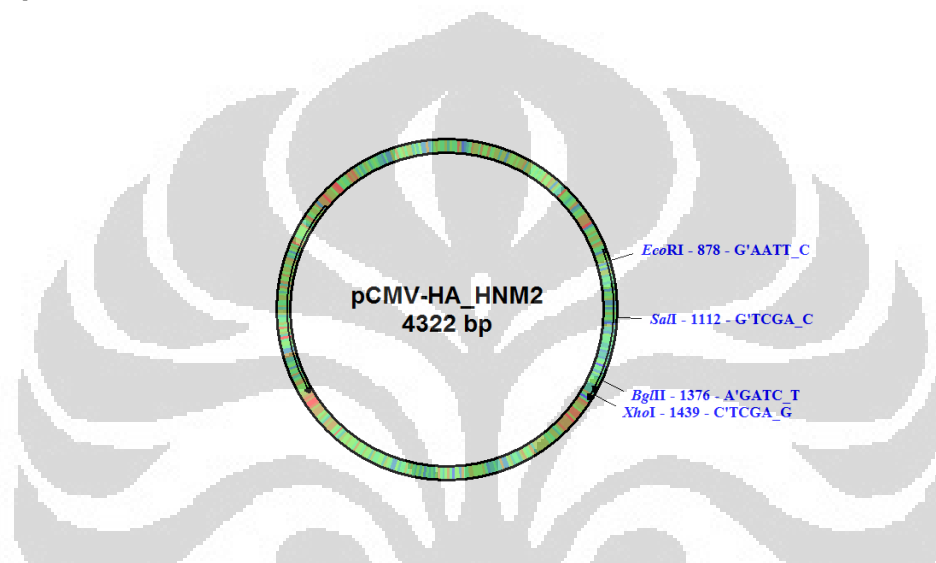
```
MFQITLLWPWRPEFLERRIENLNKKMEDGFLDVWITYNAELLVLMENERTL 50
DFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKDNECVDMSSLLEVE 100
TPTRNEWECRSSRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGS 150
FVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT*
```

Orf# = 2
Frame = 5
Start = 3725
End = 2867
Length = 858 bp


```

MSIQHFRVALIPFFAAFCPLVFAHPETLVKVKDAEDQLGARVGYIELDLN 50
SGKILESFRPEERFPMMSFKVLLCGAVLSRIDAGQEQLGRRRIHYSQNDL 100
VEYSPVTEKHLTDGMTVRELCSAAITMSDNTAANLLLTTIGGPKELTAFL 150
HNMGDHSVTRLDREWPELNEAIPNDERDITMPVAMATTLRKLTTGELLTLA 200
SRQQLIDWMEADKLVAGPLLRSALPAGWFIADKSGAGERGSRGIIAALGPD 250
GKPSRIVVIYTTGSQATMDERNRQIAEIGASLIKHW*
*****
    
```

Vaksin pCMV-HA_HNM2



```

1  GAGTTCGAGC  TTGCATGCCT  GCAGGTCGTT  ACATAACTTA  CGGTAAATGG
51  CCCGCCGTGG  TGACCGCCCA  ACGACCCCGG  CCCATTGACG  TCAATAATGA
101 CGTATGTTCC  CATAGTAACG  CCAATAGGGA  CTTTCCATTG  ACGTCAATGG
151 GTGGAGTATT  TACGGTAAAC  TGCCCACTTG  GCAGTACATC  AAGTGTATCA
201 TATGCCAAGT  ACGCCCCCTA  TTGACGTCAA  TGACGGTAAA  TGGCCCGCCT
251 GGCATTATGC  CCAGTACATG  ACCTTATGGG  ACTTTCCTAC  TTGGCAGTAC
301 ATCTACGTAT  TAGTCATCGC  TATTACCATG  GTGATGCGGT  TTTGGCAGTA
351 CATCAATGGG  CGTGGATAGC  GGTTTGACTC  ACGGGGATTT  CCAAGTCTCC
401 ACCCCATTGA  CGTCAATGGG  AGTTTGT TTT  GGCACCAAAA  TCAACGGGAC
451 TTTCCAAAAT  GTCGTAACAA  CTCCGCCCA  TTGACGCAAA  TGGGCGGTAG
501 GCGTGTACGG  TGGGAGGTCT  ATATAAGCAG  AGCTCGTTTA  GTGAACCGTC
551 AGATCGCCTG  GAGACGCCAT  CCACGCTGTT  TTGACCTCCA  TAGAAGACAC
601 CGGGACCGAT  CCAGCCTCCG  GACTCTAGAG  GATCCGGTAC  TAGAGGAAC
651 GAAAAACCAG  AAAGTAACT  GGTAAGTTTA  GTCTTTTTGT  CTTTTATTT
701 AGGTCCCGGA  TCCGGTGGTG  GTGCAAATCA  AAGAACTGCT  CCTCAGTGGA
751 TGTTGCCTTT  ACTTCTAGGC  CTGTACGGAA  GTGTTACTTC  TGCTCTAAAA
801 GCTGCGGAAT  TGTACCCGCG  GGCCCACCAT  GTACCCATAC  GATGTTCCAG
851 ATTACGCTCT  TATGGCCATG  GAGGCCCGAA  TTCCTGGAGC  GCCGCATCGA
901 GAACCTGAAC  AAGAAGATGG  AGGACGGCTT  CCTGGACGTG  TGGACCTACA
951 ACGCCGAGCT  GCTGGTGCTG  ATGGAGAACG  AGCGCACCTT  GGACTTCCAC
1001 GACAGCAACG  TGAAGAACCT  GTACGACAAG  GTGCGCCTGC  AGCTGCGCGA
1051 CAACGCCAAG  GAGCTGGGCA  ACGGCTGCTT  CGAGTTCTAC  CACAAGTGCG
1101 ACAACGAGTG  CGTCGACAGC  CGCAGCGGCT  TCGAGATGAT  CTGGGACCCC
1151 AACGGCTGGA  CCGGCACCGA  CAGCAGCTTC  AGCGTGAAGC  AGGACATCGT
    
```

1201 GGCCATCACC GACTGGAGCG GCTACAGCGG CAGCTTCGTG CAGCACCCCG
 1251 AGCTGACCGG CCTGGACTGC ATCCGCCCTT GCTTCTGGGT GGAGCTGATC
 1301 CGCGGCCGCC CCAAGGAGAG CACCATCTGG ACCAGCGGCA GCAGCATCAG
 1351 CTTCTGCGGC GTGAACAGCG ACACCAGATC TATGAGCCTG CTGACCGAGG
 1401 TGGAGACCCC CACCCGCAAC GAGTGGGAGT GCTAATTACT CGAGGTACCG
 1451 CGGCCGCGGG GATCCAGACA TGATAAGATA CATTGATGAG TTTGGACAAA
 1501 CCACAACCTAG AATGCAGTGA AAAAAATGCT TTATTTGTGA AATTTGTGAT
 1551 GCTATTGCTT TATTTGTAAC CATTATAAGC TGCAATAAAC AAGTTAACAA
 1601 CAACAATTGC ATTCATTTTA TGTTCAGGT TCAGGGGGAG GTGTGGGAGG
 1651 TTTTTTCGGA TCCTCTAGAG TCGATCTGCA GGCATGCTAG CTTGGCGTAA
 1701 TCATGGTCAT AGCTGTTTCC TGTGTGAAAT TGTTATCCGC TCACAATTCC
 1751 ACACAACATA CGAGCCGGAA GCATAAAGTG TAAAGCCTGG GGTGCCTAAT
 1801 GAGTGAGCTA ACTCACATTA ATTGCGTTGC GCTCACTGCC CGCTTCCAG
 1851 TCGGGAAAACC TGTCGTGCCA GCTGCATTAA TGAATCGGCC AACGC CGGG
 1901 GAGAGGCGGT TTGCGTATTG GCGCTCTTC CGCTTCCTCG CTCACTGACT
 1951 CGCTGCGCTC GGTCGTTCCG CTGCGGCGAG CCGTATCAGC TCACTCAAAG
 2001 GCGGTAATAC GGTTATCCAC AGAATCAGGG GATAACGCAG GAAAGAACAT
 2051 GTGAGCAAAA GGCCAGCAAA AGGCCAGGAA CCGTAAAAAG GCCCGTGTGC
 2101 TGGCGTTTTT CCATAGGCTC CGCCCCCTG ACGAGCATCA CAAAAATCGA
 2151 CGCTCAAGTC AGAGGTGGCG AAACCCGACA GGACTATAAA GATACCAGGC
 2201 GTTTCCCTCCT GGAAGCTCCC TCGTGCGCTC TCCTGTTCCG ACCCTGCCGC
 2251 TTACCGGATA CCTGTCCGCC TTTCTCCCTT CGGGAAGCGT GCGCTTTCT
 2301 CATAGCTCAC GCTGTAGGTA TCTCAGTTCG GTGTAGGTCG TTCGCTCAA
 2351 GCTGGGCTGT GTGCACGAAC CCCCCGTTCA GCCCGACCGC TGCCTTAT
 2401 CCGGTAACCTA TCGTCTTGAG TCCAACCCGG TAAGACACGA CTTATCGCCA
 2451 CTGGCAGCAG CCACTGGTAA CAGGATTAGC AGAGCGAGGT ATGTAGGCGG
 2501 TGCTACAGAG TTCTTGAAGT GGTGGCCTAA CTACGGCTAC ACTAGAAGGA
 2551 CAGTATTTGG TATCTGCGCT CTGCTGAAGC CAGTTACCTT CGGAAAAAGA
 2601 GTTGGTAGCT CTTGATCCGG CAAACAAACC ACCGCTGGTA GCGGTGGTTT
 2651 TTTTGTTCGC AAGCAGCAGA TTACGCGCAG AAAAAAAGGA TCTCAAGAAG
 2701 ATCCTTTGAT CTTTTCTACG GGGTCTGACG CTCAGTGGAA CGAAAACTCA
 2751 CGTTAAGGGA TTTTGGTCAT GAGATTATCA AAAAGGATCT TCACCTAGAT
 2801 CCTTTTAAAT TAAAAATGAA GTTTTAAATC AATCTAAAGT ATATATGAGT
 2851 AAACCTGGTC TGACAGTTAC CAATGCTTAA TCAGTGAGGC ACCTATCTCA
 2901 GCGATCTGTC TATTTGTTTC ATCCATAGTT GCCTGACTCC CCGTCGTGTA
 2951 GATAACTACG ATACGGGAGG GCTTACCATC TGGCCCCAGT GCTGCAATGA
 3001 TACCGCGAGA CCCACGCTCA CCGGCTCCAG ATTTATCAGC AATAAACAG
 3051 CCAGCCGGAA GGGCCGAGCG CAGAAGTGGT CCTGCAACTT TATCCGCCCTC
 3101 CATCCAGTCT ATTAATTGTT GCCGGGAAGC TAGAGTAAGT AGTTCGCCAG
 3151 TTAATAGTTT GCGCAACGTT GTTGCCATTG CTACAGGCAT CGTGGTGTCA
 3201 CGCTCGTCGT TTGGTATGGC TTCATTGAGC TCCGGTTCCC AACGATCAAG
 3251 GCGAGTTACA TGATCCCCCA TGTTGTGCAA AAAAGCGGTT AGCTCCTTCG
 3301 GTCCCTCCGAT CGTTGTGAGA AGTAAGTTGG CCGCAGTGTT ATCACTCATG
 3351 GTTATGGCAG CACTGCATAA TTCTCTTACT GTCATGCCAT CCGTAAGATG
 3401 CTTTTCTGTG ACTGGTGAGT ACTCAACCAA GTCATTCTGA GAATAGTGTA
 3451 TGCGGCGACC GAGTTGCTCT TGCCCGGCGT CAATACGGGA TAATACCGCG
 3501 CCACATAGCA GAACCTTAAA AGTGCTCATC ATTGAAAAAC GTTCTTCGGG
 3551 GCGAAAACTC TCAAGGATCT TACCGCTGTT GAGATCCAGT TCGATGTAAC
 3601 CCACTCGTGC ACCCAACTGA TCTTCAGCAT CTTTTACTTT CACCAGCGTT
 3651 TCTGGGTGAG CAAAAACAGG AAGGCAAAAT GCCGCAAAAA AGGGAATAAG
 3701 GGCGACACGG AAATGTTGAA TACTCATACT CTTCCTTTTT CAATATTATT
 3751 GAAGCATTTA TCAGGGTTAT TGTCTCATGA GCGGATACAT ATTTGAATGT
 3801 ATTTAGAAAA ATAAACAAAT AGGGGTTCCG CGCACATTTT CCCGAAAAAT
 3851 GCCACCTGAC GTCTAAGAAA CCATTATTAT CATGACATTA ACCTATAAAA

162

```
3901 ATAGGCGTAT CACGAGGCC TTTTCGTCTCG CGCGTTTCGG TGATGACGGT
3951 GAAAACCTCT GACACATGCA GCTCCCGGAG ACGGTCACAG CTTGTCTGTA
4001 AGCGGATGCC GGGAGCAGAC AAGCCCGTCA GGGCGCGTCA GCGGGTGTG
4051 GCGGGTGTCT GGGCTGGCTT AACTATGCGG CATCAGAGCA GATTGTACTG
4101 AGAGTGCACC ATATGCGGTG TGAAATACCG CACAGATGCG TAAGGAGAAA
4151 ATACCGCATC AGGCGCCATT CGCCATTCAG GCTGCGCAAC TGTTGGGAAG
4201 GGCGATCGGT GCGGGCCTCT TCGCTATTAC GCCAGCTGGC GAAAGGGGGA
4251 TGTGCTGCAA GCGGATTAAG TTGGGTAACG CCAGGGTTTT CCCAGTCACG
4301 ACGTTGTAAC ACACGCGCCA GT
```

pcMV-HA_HNM2, 4322 bp. (CIRCULAR)
Restriction analysis 21/05/2008
pDRAW32 revision 1.1.97
Rebase containing 262 enzymes.
4 enzymes match enzyme selection criteria.

BglII (A'GATC_T)

Cuts 1 time.
Cuts at position 1376.

EcoRI (G'AATT_C) [FunII]

Cuts 1 time.
Cuts at position 878.

SalI (G'TCGA_C)

Cuts 1 time.
Cuts at position 1112.

XhoI (C'TCGA_G) [BssHI, PaeR7I, Sfr274I, SlaI, StrI, TliI]

Cuts 1 time.
Cuts at position 1439.

pcMV-HA_HNM2, 4322 bp. (CIRCULAR)
ORF analysis 21/05/2008
pDRAW32 revision 1.1.97
Minimum Orf length = 400
Genetic code = Standard genetic code
Alternative initiation codons = None

Orf# = 1
Frame = 1
Start = 829
End = 1471
Length = 642 bp

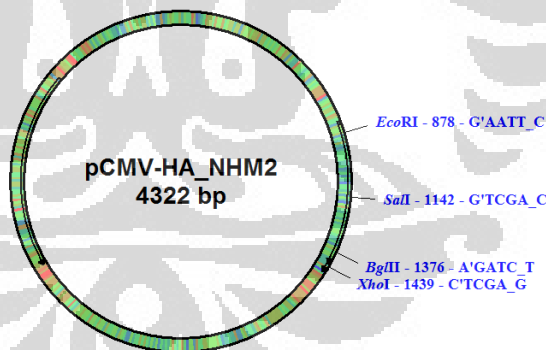
```
MYPYDVPDYALMAMEARIPGAPHRPEPEQEDGGRLPGRVLDLQRRRAAGADGE 50
RAHPGLPQQREEPVRRQGAPAAAARQFQAGQRLLRVLPQVRQVRRQPQR 100
LRDDLGPQRLDRHRQQLQREAGHRGHHRLERLQRLRAAPRADRPGLHPP 150
LLLGGADPRPPQGEHHLDRQHQHLLRREQRHQIYEPADRGGDPHPQVRV 200
VLITRGTAAGIQT*
```

```

Orf# = 2
Frame = 2
Start = 842
End = 1433
Length = 591 bp
MFQITLLWPWRPEFLERRIENLNKKMEDGFLDVWTYNAELLVLMENERTL 50
DFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKDNECVDSRSGFEMI 100
WDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPGLTGLDCIRPCFWV 150
ELIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDTRSMSLLTEVETPTRNEWEC*
*****
Orf# = 3
Frame = 5
Start = 3725
End = 2867
Length = 858 bp
MSIQHFRVALIPFFAAFCPLPVFAHPETLVKVKDAEDQLGARVGYIELDLN 50
SGKILESFRRPEERFPMSTFKVLLCGAVLSRIDAGQEQLRRIHYSQNDL 100
VEYSPVTEKHLTDGMTVRELCSAAITMSDNTAANLLLTIGGPKELTAF 150
HNMGDHSVIRLDRWEPLENEAIPNDERDTTMPVAMATTLRKLTLGELLTLA 200
SRQQLIDWMEADKLVAGPLLRSALPAGWFIADKSGAGERGSRGIIAALGPD 250
GKPSRIVVIYTTGSQATMDERNRQIAEIGASLIKHW*
*****

```

Vaksin pCMV-HA_NHM2



```

1 GAGTTCGAGC TTGCATGCCT GCAGGTCGTT ACATAACTTA CGGTAATGG
51 CCCGCCTGGC TGACCGCCCA ACGACCCCG CCCATTGACG TCAATAATGA
101 CGTATGTTCC CATAGTAACG CCAATAGGGA CTTTCCATTG ACGTCAATGG
151 GTGGAGTATT TACGGTAAAC TGCCCACTTG GCAGTACATC AAGTGATCA
201 TATGCCAAGT ACGCCCCCTA TTGACGTCAA TGACGGTAAA TGGCCCCCCT
251 GGCATTATGC CCAGTACATG ACCTTATGGG ACTTTCCTAC TTGGCAGTAC
301 ATCTACGTAT TAGTCATCGC TATTACCATG GTGATGCGGT TTTGGCAGTA
351 CATCAATGGG CGTGGATAGC GGTGTTGACTC ACGGGGATTT CCAAGTCTCC
401 ACCCCATTGA CGTCAATGGG AGTTTGTGTTT GGCACCAAAA TCAACGGGAC

```

```

451 TTTCCAAAAT GTCGTAACAA CTCCGCCCA TTGACGCAAA TGGGCGGTAG
501 GCGTGTACGG TGGGAGGTCT ATATAAGCAG AGCTCGTTTA GTGAACCGTC
551 AGATCGCCTG GAGACGCCAT CCACGCTGTT TTGACCTCCA TAGAAGACAC
601 CGGGACCGAT CCAGCCTCCG GACTCTAGAG GATCCGGTAC TAGAGGAAC
651 GAAAAACCAG AAAGTAACT GGTAAGTTTA GTCTTTTGT CTTTTATTT
701 AGGTCCCGGA TCCGGTGGTG GTGCAAATCA AAGAAGTCT CCTCAGTGA
751 TGTTGCCTTT ACTTCTAGGC CTGTACGGAA GTGTTACTTC TGCTCTAAAA
801 GCTGCGGAAT TGTACCCGCG GGCCACCAT GTACCCATAC GATGTTCCAG
851 ATTACGCTCT TATGGCCATG GAGGCCCGAA TTCAGCCGCA GCGGCTTCGA
901 GATGATCTGG GACCCCAACG GCTGGACCGG CACCGACAGC AGCTTCAGCG
951 TGAAGCAGGA CATCGTGGCC ATCACCAGCT GGAGCGGCTA CAGCGGCAGC
1001 TTCGTGCAGC ACCCCGAGCT GACCGGCCTG GACTGCATCC GCCCCTGCTT
1051 CTGGGTGGAG CTGATCCGCG GCCGCCCAA GGAGAGCACC ATCTGGACCA
1101 GCGGCAGCAG CATCAGCTTC TCGGGCGTGA ACAGCGACAC CGTCGACCTG
1151 GAGCGCCGCA TCGAAGACCT GAACAAGAAG ATGGAGGACG GCTTCCTGGA
1201 CGTGTGGACC TACAACGCCG AGCTGCTGGT GCTGATGGAG AACGAGCGCA
1251 CCCTGGACTT CCACGACAGC AACGTGAAGA ACCTGTACGA CAAGGTGCGC
1301 CTGCAGCTGC GCGACAACGC CAAGGAGCTG GGCAACGGCT GCTTCGAGTT
1351 CTACCACAAG TCGGACAACG AGTGCAGATC TATGAGCCTG CTGACCGAGG
1401 TGGAGACCCC CACCCGCAAC GAGTGGGAGT GCTAATTACT CGAGGTACCG
1451 CGGCCGCGGG GATCCAGACA TGATAAGATA CATTGATGAG TTTGGACAAA
1501 CCACAAC TAG AATGCAGTGA AAAAAATGCT TTATTTGTGA AATTTGTGAT
1551 GCTATTGCTT TATTTGTAAC CATTATAAGC TGCAATAAAC AAGTTAACAA
1601 CAACAATTGC ATTCATTTTA TGTTTCAGGT TCAGGGGGAG GTGTGGGAGG
1651 TTTTTTCGGA TCCTCTAGAG TCGATCTGCA GGCATGCTAG CTTGGCGTAA
1701 TCATGGTCAT AGCTGTTTCC TGTGTGAAAT TGTTATCCGC TCACAATTCC
1751 ACACAACATA CGAGCCGAA GCATAAAGTG TAAAGCCTGG GGTGCCTAAT
1801 GAGTGAGCTA ACTCACATTA ATTGCGTTGC GCTCACTGCC CGCTTCCAG
1851 TCGGAAACC TGTCGTGCCA GCTGCATTA TGAATCGGCC AACCGCGGG
1901 GAGAGCCGGT TTGCGTATTG GCGCCTTTC CGCTTCCCTG CTCACTGACT
1951 CGCTGCGCTC GGTCTTCGG CTGCGCGGAG CCGTATCAGC TCACTCAAAG
2001 GCGGTAATAC GGTATCCAC AGAATCAGGG GATAACGCAG GAAAGAACAT
2051 GTGAGCAAAA GGCCAGCAA AGGCCAGGAA CCGTAAAAAG GCCGCGTTGC
2101 TGGCGTTTTT CCATAGGCTC CGCCCCCTG ACGAGCATCA CAAAAATCGA
2151 CGCTCAAGTC AGAGGTGGCG AAACCCGACA GGAATAAAA GATACCAGGC
2201 GTTTCCCCCT GGAAGCTCCC TCGTGCCTC TCCTGTTCCG ACCCTGCCGC
2251 TTACCGGATA CCTGTCGCC TTTCTCCCTT CGGGAAGCGT GGCGCTTCT
2301 CATAGCTCAC GCTGTAGGTA TCTCAGTTCG GTGTAGGTCG TTCGCTCCAA
2351 GCTGGGCTGT GTGCACGAAC CCCCCTTCA GCCCGACCGC TGCGCCTTAT
2401 CCGGTAAC TA TCGTCTTGAG TCCAACCCGG TAAGACACGA CTTATCGCCA
2451 CTGGCAGCAG CCACTGGTAA CAGGATTAGC AGAGCGAGGT ATGTAGGCGG
2501 TGCTACAGAG TTCTTGAAGT GGTGGCCTAA CTACGGCTAC ACTAGAAGGA
2551 CAGTATTTGG TATCTGCGCT CTGCTGAAGC CAGTTACCTT CGGAAAAAGA
2601 GTTGGTAGCT CTTGATCCGG CAAACAAACC ACCGCTGGTA GCGGTGGTTT
2651 TTTTGTGTTG AAGCAGCAGA TTACGCGCAG AAAAAAAGGA TCTCAAGAAG
2701 ATCCTTTGAT CTTTCTACG GGGTCTGACG CTCAGTGGAA CGAAAAC TCA
2751 CGTTAAGGGA TTTTGGTCAT GAGATTATCA AAAAGGATCT TCACCTAGAT
2801 CCTTTTAAAT TAAAAATGAA GTTTTAAATC AATCTAAAGT ATATATGAGT
2851 AAAC TTGGTC TGACAGTTAC CAATGCTTAA TCAGTGAGGC ACCTATCTCA
2901 GCGATCTGTC TATTTCTGTT ATCCATAGTT GCCTGACTCC CCGTCTGTGA
2951 GATAACTACG ATACGGGAGG GCTTACCATC TGGCCCCAGT GCTGCAATGA
3001 TACCGCGAGA CCCACGCTCA CCGGCTCCAG ATTTATCAGC AATAAACCAG
3051 CCAGCCGGAA GGGCCGAGCG CAGAAGTGGT CCTGCAACTT TATCCGCCTC
3101 CATCCAGTCT ATTAATTGTT GCCGGGAAGC TAGAGTAAGT AGTTCGCCAG

```

```

3151 TTAATAGTTT GCGCAACGTT GTTGCCATTG CTACAGGCAT CGTGGTGTC
3201 CGCTCGTCGT TTGGTATGGC TTCATTGAGC TCCGGTCCC AACGATCAAG
3251 GCGAGTTACA TGATCCCCCA TGTTGTGCAA AAAAGCGGTT AGCTCCTTCG
3301 GTCCTCCGAT CGTTGTCAGA AGTAAGTTGG CCGCAGTGTT ATCACTCATG
3351 GTTATGGCAG CACTGCATAA TTCTCTTACT GTCATGCCAT CCGTAAGATG
3401 CTTTTCTGTG ACTGGTGAGT ACTCAACCAA GTCATTCTGA GAATAGTGTA
3451 TGCGGCGACC GAGTTGCTCT TGCCCGGCGT CAATACGGGA TAATACCGCG
3501 CCACATAGCA GAACTTTAAA AGTGCTCATC ATTGGAAAAC GTTCTTCGGG
3551 GCGAAAACTC TCAAGGATCT TACCGCTGTT GAGATCCAGT TCGATGTAAC
3601 CCACTCGTGC ACCCAACTGA TCTTCAGCAT CTTTTACTTT CACCAGCGTT
3651 TCTGGGTGAG CAAAAACAGG AAGGCAAAAT GCCGAAAAA AGGGAATAAG
3701 GCGGACACGG AAATGTTGAA TACTCATACT CTTCTTTTT CAATATTATT
3751 GAAGCATTTA TCAGGGTTAT TGTCTCATGA GCGGATACAT ATTTGAATGT
3801 ATTTAGAAAA ATAAACAAAT AGGGGTTCCG CGCACATTC CCCGAAAAGT
3851 GCCACCTGAC GTCTAAGAAA CCATTATTAT CATGACATTA ACCTATAAAA
3901 ATAGGCGTAT CACGAGGCC TTTTCGTCTCG CGCGTTTCGG TGATGACGGT
3951 GAAAACCTCT GACACATGCA GCTCCCGGAG ACGGTCACAG CTTGTCTGTA
4001 AGCGGATGCC GGGAGCAGAC AAGCCCGTCA GGGCGCGTCA GCGGGTGTG
4051 GCGGGTGTGCG GGGCTGGCTT AACTATGCGG CATCAGAGCA GATTGTACTG
4101 AGAGTGCACC ATATGCGGTG TGAAATACCG CACAGATGCG TAAGGAGAAA
4151 ATACCGCATC AGGCGCCATT CGCCATTCAG GCTGCGCAAC TGTGGGGAAG
4201 GCGGATCGGT GCGGGCCTCT TCGCTATTAC GCCAGCTGGC GAAAGGGGGA
4251 TGTGCTGCAA GCGGATTAAG TTGGGTAACG CCAGGGTTTT CCCAGTCACG
4301 ACGTTGTAAG ACGACGGCCA GT

```

pCMV-HA_NHM2, 4322 bp. (CIRCULAR)
 Restriction analysis 21/05/2008
 pDRAW32 revision 1.1.97
 Rebase containing 262 enzymes.
 4 enzymes match enzyme selection criteria.

BglII (A'GATC_T)

Cuts 1 time.
 Cuts at position 1376.

EcoRI (G'AATT_C) [FunII]

Cuts 1 time.
 Cuts at position 878.

SalI (G'TCGA_C)

Cuts 1 time.
 Cuts at position 1142.

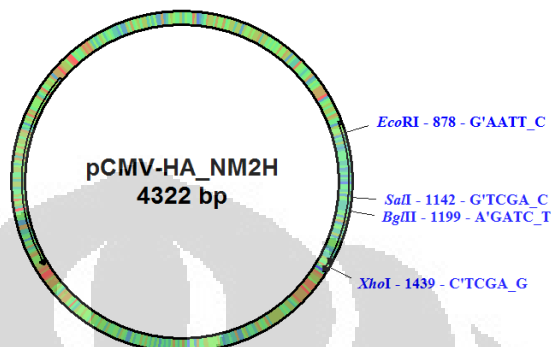
XhoI (C'TCGA_G) [BssHI,Paer7I,Sfr274I,SlaI,StrI,TliI]

Cuts 1 time.
 Cuts at position 1439.

pCMV-HA_NHM2, 4322 bp. (CIRCULAR)
 ORF analysis 21/05/2008
 pDRAW32 revision 1.1.97

```
Minimum Orf length = 400
Genetic code = Standard genetic code
Alternative initiation codons = None
*****
Orf#      =      1
Frame     =      1
Start     =     829
End       =    1471
Length    =     642 bp
MYPYDVPDYALMAMEARIQPQLRDDLGPQLDRHRQQLQREAGHRGHHR  50
LERLQRQLRAAPRADRPGLHPPLLLGGADFRPPQGEHHLDRQQHQLLRR 100
EQRHRRPGAPHREPEQEDGGRLPGRVDLQRRAGADGERAHPGLPRQORE 150
EPVRQGAPAAARQRQGAGQRLLRVLPQVRQVQIYEPADRGGDPHPQRVG 200
VLITRGTAAGIQT*
*****
Orf#      =      2
Frame     =      2
Start     =     842
End       =    1433
Length    =     591 bp
MFQITLLWPWRPEFSRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGY  50
SGSFVQHPVELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 100
VDLERRIENLNKKMEDGFLDVWTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYD 150
KVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKCDNECRSMLLTEVETPTRNEWEC*
*****
Orf#      =      3
Frame     =      5
Start     =    3725
End       =    2867
Length    =     858 bp
MSIQHFRVALIPFFAAFCLPVFAHPE TLVKVKAEDQLGARVGYIELDLN  50
SGKILESFRPEERFPMMSTFKVLLCGAVLSRIDAGQEQLGRRIHYSQNDL 100
VEYSPVTEKHLTDGMTVRELCSAAITMSDNTAANLLTTIGGPKELTAFL 150
HNMGDHVTRLDRWEPELNEAIPNDERDTTMPVAMATTLRKLTTGELLTLA 200
SRQQLIDWMEADKVAGPLLR SALPAGWFIADKSGAGERGSRGIIAALGPD 250
GKPSRIVVIYTTGSQATMDERNRQIAEIGASLIKHW*
*****
```

Vaksin pCMV-HA_NM2H



```

1  GAGTTCGAGC TTGCATGCCT GCAGGTCGTT ACATAACTTA CGGTAAATGG
51  CCCGCCGTGGC TGACCGCCCA ACGACCCCGG CCCATTGACG TCAATAATGA
101 CGTATGTTCC CATAGTAACG CCAATAGGGA CTTTCCATTG ACGTCAATGG
151 GTGGAGTATT TACGGTAAAC TGCCCACTTG GCAGTACATC AAGTGTATCA
201 TATGCCAAGT ACGCCCCCTA TTGACGTCAA TGACGGTAAA TGGCCCCCCT
251 GGCATTATGC CCAGTACATG ACCTTATGGG ACTTTCCTAC TTGGCAGTAC
301 ATCTACGTAT TAGTCATCGC TATTACCATG GTGATGCGGT TTTGGCAGTA
351 CATCAATGGG CGTGGATAGC GGTTTGACTC ACGGGGATTT CCAAGTCTCC
401 ACCCATTGA CGTCAATGGG AGTTTGTTTT GGCACCAAAA TCAACGGGAC
451 TTTCCAAAAT GTCGTAACAA CTCCGCCCCA TTGACGCAAA TGGGCGGTAG
501 GCGTGACGG TGGGAGGTCT ATATAAGCAG AGCTCGTTTA GTGAACCGTC
551 AGATCGCCTG GAGACGCCAT CCACGCTGTT TTGACCTCCA TAGAAGACAC
601 CGGGACCGAT CCAGCCTCCG GACTCTAGAG GATCCGGTAC TAGAGGAACT
651 GAAAAACCAG AAAGTAACT GGTAAGTTTA GTCTTTTTGT CTTTTATTTT
701 AGGTCCCGGA TCCGGTGGTG GTGCAAATCA AAGAAGTGT CCTCAGTGGA
751 TGTTGCCTTT ACTTCTAGGC CTGTACGGAA GTGTTACTTC TGCTCTAAAA
801 GCTGCGGAAT TGTACCCGCG GGCCACCAT GTACCCATAC GATGTCCAG
851 ATTACGCTCT TATGGCCATG GAGGCCCGAA TTCAGCCGCA GCGGCTTCGA
901 GATGATCTGG GACCCCAACG GCTGGACCGG CACCGACAGC AGCTTCAGCG
951 TGAAGCAGGA CATCGTGGCC ATCACCGACT GGAGCGGCTA CAGCGGCAGC
1001 TTCGTGCAGC ACCCCGAGCT GACCGGCCTG GACTGCATCC GCCCTGCTT
1051 CTGGGTGGAG CTGATCCGCG GCCGCCCAA GGAGAGCACC ATCTGGACCA
1101 GCGGCAGCAG CATCAGCTTC TCGGCGTGA ACAGCGACAC CGTCCGACATG
1151 AGCCTGCTGA CCGAGGTGGA GACCCCCACC CGCAACGAGT GGGAGTGCAG
1201 ATCTCTGGAG CGCCGCATCG AGAACCTGAA CAAGAAGATG GAGGACGGCT
1251 TCCTGGACGT GTGGACCTAC AACGCCGAGC TGCTGGTGCT GATGGAGAAC
1301 GAGCGCACCC TGGACTTCCA CGACAGCAAC GTGAAGAACC TGTACGACAA
1351 GGTGCGCCTG CAGCTGCGCG ACAACGCCAA GGAGCTGGGC AACGGTGCT
1401 TCGAGTTCTA CCACAAGTGC GACAACGAGT GCTAATTACT CGAGGTACCG
1451 CGGCCGCGGG GATCCAGACA TGATAAGATA CATTGATGAG TTTGGACAAA
1501 CCACAAC TAG AATGCAGTGA AAAAAATGCT TTATTTGTGA AATTTGTGAT
1551 GCTATTGCTT TATTTGTAAC CATTATAAGC TGCAATAAAC AAGTTAACAA
1601 CAACAATTGC ATTCATTTTA TGTTTCAGGT TCAGGGGGAG GTGTGGGAGG
    
```


1651 TTTTTTCGGA TCCTCTAGAG TCGATCTGCA GGCATGCTAG CTTGGCGTAA
 1701 TCATGGTCAT AGCTGTTTCC TGTGTGAAAT TGTTATCCGC TCACAATTCC
 1751 ACACAACATA CGAGCCGGAA GCATAAAGTG TAAAGCCTGG GGTGCCTAAT
 1801 GAGTGAGCTA ACTCACATTA ATTGCGTTGC GCTCACTGCC CGCTTTCAG
 1851 TCGGGAACC TGTCGTGCCA GCTGCATTAA TGAATCGGCC AACGCGCGGG
 1901 GAGAGCGGTT TGTGCTATTG GCGCTCTTC CGCTTCCCTG CTCCTGACT
 1951 CGCTGCGCTC GGTCGTTCCG CTGCGGCGAG CGGTATCAGC TCACTCAAAG
 2001 GCGGTAATAC GGTATCCAC AGAATCAGGG GATAACGCAG GAAAGAACAT
 2051 GTGAGCAAAA GGCCAGCAAA AGGCCAGGAA CCGTAAAAAG GCCGCGTTGC
 2101 TGGCGTTTTT CCATAGGCTC CGCCCCCTG ACGAGCATCA CAAAAATCGA
 2151 CGCTCAAGTC AGAGGTGGCG AAACCCGACA GGAATAAAA GATACCAGGC
 2201 GTTTCCCCCT GGAAGTCCC TCGTGCCTC TCCTGTTCCG ACCCTGCCGC
 2251 TTACCGGATA CCTGTCGGCC TTTCTCCCTT CGGGAAGCGT GGCGCTTCT
 2301 CATAGCTCAC GCTGTAGGTA TCTCAGTTCG GTGTAGGTCG TTCGCTCCAA
 2351 GCTGGGCTGT GTGCACGAAC CCCCCTTCA GCCCGACCGC TGCGCCTTAT
 2401 CCGGTAAC TA TCGTCTTGAG TCCAACCCGG TAAGACACGA CTTATCGCCA
 2451 CTGGCAGCAG CCACTGGTAA CAGGATTAGC AGAGCGAGGT ATGTAGGCGG
 2501 TGCTACAGAG TTCTTGAAGT GGTGGCTTAA CTACGGCTAC ACTAGAAGGA
 2551 CAGTATTTGG TATCTGCGCT CTGCTGAAGC CAGTTACCTT CGGAAAAAGA
 2601 GTTGGTAGCT CTTGATCCGG CAAACAAACC ACCGCTGGTA GCGGTGGTTT
 2651 TTTTGTGTTG AAGCAGCAGA TTACGCGCAG AAAAAAAGGA TCTCAAGAAG
 2701 ATCCTTTGAT CTTTCTACG GGGTCTGACG CTCAGTGGAA CGAAAACCTA
 2751 CGTTAAGGGA TTTTGGTCAT GAGATTATCA AAAAGGATCT TCACCTAGAT
 2801 CCTTTTAAAT TAAAAATGAA GTTTTAAATC AATCTAAAGT ATATATGAGT
 2851 AAACCTGGTC TGACAGTTAC CAATGCTTAA TCAGTGAGGC ACCTATCTCA
 2901 GCGATCTGTC TATTTTCGTT ATCCATAGTT GCCTGACTCC CCGTCGTGTA
 2951 GATAACTACG ATACGGGAGG GCTTACCATC TGGCCCCAGT GCTGCAATGA
 3001 TACCGCGAGA CCCACGCTCA CCGGCTCCAG ATTTATCAGC AATAAACCAG
 3051 CCAGCCGGAA GGGCCGAGCG CAGAAGTGGT CCTGCAACTT TATCCGCCTC
 3101 CATCCAGCT ATTAATTGTT GCCGGGAAGC TAGAGTAAGT AGTTCCGCAG
 3151 TTAATAGTTT GCGCAACGTT GTTGCCATTG CTACAGGCAT CGTGGTGTCA
 3201 CGCTCGTCTG TTGGTATGGC TTCATTACAGC TCCGGTTCCC AACGATCAAG
 3251 GCGAGTTACA TGATCCCCCA TGTTGTGCAA AAAAGCGGTT AGCTCCTTCG
 3301 GTCCTCCGAT CGTTGTCAGA AGTAAGTTGG CCGCAGTGTT ATCACTCATG
 3351 GTTATGGCAG CACTGCATAA TTCTCTTACT GTCATGCCAT CCGTAAGATG
 3401 CTTTTCTGTG ACTGGTGAGT ACTCAACCAA GTCATTCTGA GAATAGTGTA
 3451 TGCGGCGACC GAGTTGCTCT TGCCCCGCGT CAATACGGGA TAATACCGCG
 3501 CCACATAGCA GAACTTTAAA AGTGCTCATC ATTGGAAAAC GTTCTTCGGG
 3551 GCGAAAAC TC AAGGATCT TACCGCTGTT GAGATCCAGT TCGATGTAAC
 3601 CCACTCGTGC ACCCAACTGA TCTTACGAT CTTTTACTTT CACCAGCGTT
 3651 TCTGGGTGAG CAAAAACAGG AAGGCAAAAT GCCGAAAAA AGGGAATAAG
 3701 GCGGACACGG AAATGTTGAA TACTCATACT CTTCTTTTT CAATATTATT
 3751 GAAGCATT TA TCAGGGTTAT TGTCTCATGA GCGGATACAT ATTTGAATGT
 3801 ATTTAGAAAA ATAAACAAAT AGGGGTTCCG CGCACATTT CCGGAAAAGT
 3851 GCCACCTGAC GTCTAAGAAA CCATTATTAT CATGACATTA ACCTATAAAA
 3901 ATAGGCGTAT CACGAGGCC TTTGCTCTCG CGGTTTCGG TGATGACGGT
 3951 GAAAACCTCT GACACATGCA GCTCCCGGAG ACGGTCACAG CTTGTCTGTA
 4001 AGCGGATGCC GGGAGCAGAC AAGCCCGTCA GGGCGCGTCA GCGGGTGTG
 4051 GCGGGTGTG GGGCTGGCTT AACTATGCGG CATCAGAGCA GATTGTACTG
 4101 AGAGTGCACC ATATGCGGTG TGAAATACCG CACAGATGCG TAAGGAGAAA
 4151 ATACCGCATC AGGCGCCATT CGCCATTAC GCTGCGCAAC TGTTGGGAAG
 4201 GCGGATCGGT GCGGGCTCT TCGCTATTAC GCCAGCTGGC GAAAGGGGGA
 4251 TGTGCTGCAA GCGGATTAAG TTGGGTAAAC CCAGGGTTTT CCCAGTCACG
 4301 AC GTTGTAAA AC GACGCGCCA GT

pcMV-HA_NM2H, 4322 bp. (CIRCULAR)
Restriction analysis 21/05/2008
pDRAW32 revision 1.1.97
Rebase containing 262 enzymes.
4 enzymes match enzyme selection criteria.

BglII (A'GATC_T)

Cuts 1 time.
Cuts at position 1199.

EcoRI (G'AATT_C) [FunII]

Cuts 1 time.
Cuts at position 878.

SalI (G'TCGA_C)

Cuts 1 time.
Cuts at position 1142.

XhoI (C'TCGA_G) [BssHI,Paer7I,Sfr274I,SlaI,StrI,TliI]

Cuts 1 time.
Cuts at position 1439.

pcMV-HA_NM2H, 4322 bp. (CIRCULAR)
ORF analysis 21/05/2008
pDRAW32 revision 1.1.97
Minimum Orf length = 400
Genetic code = Standard genetic code
Alternative initiation codons = None

Orf# = 1
Frame = 1
Start = 829
End = 1471
Length = 642 bp

MYPYDVPDYALMAMEARIQ**PQRLRDDLG**PQRLDRHRQQLQREAGHRG**** 50
L**ERLQRLRAAPRADRPGLHPPLLLGGADPRPPQGEHHL**DQRQHQ**** 100
EQRRRHEPADRGDPHQVRVQISGAPHREPEQEDGGRLPGRV**** 150
AAGADGERAH**PGLPRQQR**EEPVRQ****GAPAAAR**Q**RQ****GAG**QRLLRVLPQVR** 200
VLI**TRGTA**AAAGIQT*

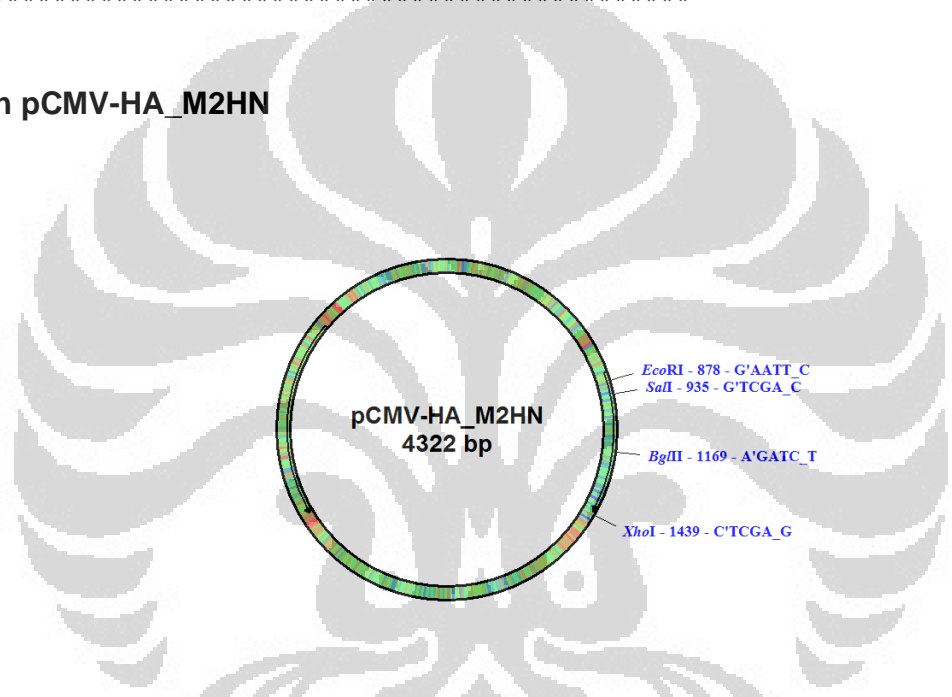
Orf# = 2
Frame = 2
Start = 842
End = 1433
Length = 591 bp

MFQITLLWP**RF**EF****SRSG**F**EMI****WDPNGWTGT**DSSFSV**KQ****DIVAIT**DWSGY** 50
SGSFVQ**HEL**TGL**DCIR**PCFW**ELIRGR**PKE****STIWTSGSSISFCGVNS**DT** 100
VDMSLL**TEV**ET****PT**RN**EW****ECRSL**ERRI**ENLN****K**MED**GFLDVW**TYNA**ELLVL**** 150
M**EN**ER****TL**DFH**DS****NV**KNLY**DKVRLQ****LR**DN**AKEL****GNGCF**EFY**HK****CD**NEC***

```

*****
Orf#      =      3
Frame    =      5
Start    =    3725
End      =    2867
Length   =    858 bp
MSIQHFRVALIPFFAAFLPVFVAHPETLVKVKDAEDQLGARVGYIELDLN  50
SGKILESFRPEERFPMMSDFKVLCCGAVLSRIDAGQEQLGRRRIHYSQNDL 100
VEYSPVTEKHLTDGMTVRELCSAAITMSDNTAANLLLTIGGPKELTAFL  150
HNMGDHSVTRLDREPELNEAIPNDERDITMPVAMATTLRKLTTGELLTLA 200
SRQQLIDWMEADKLVAGPLLRSALPAGWFIADKSGAGERGSRGIIAALGPD 250
GKPSRIVVIYTTGSQATMDERNRQIAEIGASLIKHW*
*****
    
```

Vaksin pCMV-HA_M2HN



```

1  GAGTTCGAGC  TTGCATGCCT  GCAGGTCGTT  ACATAACTTA  CGGTAAATGG
51  CCCGCCGTGC  TGACCGCCCA  ACGACCCCG  CCCATTGACG  TCAATAATGA
101 CGTATGTTCC  CATAGTAACG  CCAATAGGGA  CTTTCCATTG  ACGTCAATGG
151 GTGGAGTATT  TACGGTAAAC  TGCCCACTTG  GCAGTACATC  AAGTGTATCA
201 TATGCCAAGT  ACGCCCCCTA  TTGACGTCAA  TGACGGTAAA  TGGCCCGCCT
251 GGCATTATGC  CCAGTACATG  ACCTTATGGG  ACTTTCCTAC  TTGGCAGTAC
301 ATCTACGTAT  TAGTCATCGC  TATTACCATG  GTGATGCGGT  TTTGGCAGTA
351 CATCAATGGG  CGTGGATAGC  GGTTTGACTC  ACGGGGATTT  CCAAGTCTCC
401 ACCCCATTGA  CGTCAATGGG  AGTTTGTTTT  GGCACCAAAA  TCAACGGGAC
451 TTTCCAAAAT  GTCGTAACAA  CTCCGCCCAA  TTGACGCAAA  TGGGCGGTAG
501 GCGTGTACGG  TGGGAGGTCT  ATATAAGCAG  AGCTCGTTTA  GTGAACCGTC
551 AGATCGCCTG  GAGACGCCAT  CCACGCTGTT  TTGACCTCCA  TAGAAGACAC
601 CGGGACCGAT  CCAGCTCCG  GACTCTAGAG  GATCCGGTAC  TAGAGGAACT
651 GAAAAACCAG  AAAGTAACT  GGTAAGTTTA  GTCTTTTTGT  CTTTTATTTT
701 AGGTCCCGGA  TCCGGTGGTG  GTGCAAATCA  AAGAACTGCT  CCTCAGTGGA
751 TGTTGCCTTT  ACTTCTAGGC  CTGTACGGAA  GTGTTACTTC  TGCTCTAAAA
801 GCTGCGGAAT  TGTACCCGCG  GGCCACCAT  GTACCCATAC  GATGTTCCAG
851 ATTACGCTCT  TATGGCCATG  GAGGCCCGAA  TTCATGAGCC  TGCTGACCGA
    
```

901 GGTGGAGACC CCCACCCGCA ACGAGTGGGA GTGCGTCGAC CTGGAGCGCC
 951 GCATCGAGAA CCTGAACAAG AAGATGGAGG ACGGCTTCCT GGACGTGTGG
 1001 ACCTACAACG CCGAGCTGCT GGTGCTGATG GAGAACGAGC GCACCCCTGGA
 1051 CTTCCACGAC AGCAACGTGA AGAACCTGTA CGACAAGGTG CGCCTGCAGC
 1101 TGCGCGACAA CGCCAAGGAG CTGGGCAACG GCTGCTTCGA GTTCTACCAC
 1151 AAGTGCAGCA ACGAGTGCAG ATCTAGCCGC AGCGGCTTCG AGATGATCTG
 1201 GGACCCCAAC GGCTGGACCG GCACCGACAG CAGCTTCAGC GTGAAGCAGG
 1251 ACATCGTGGC CATCACCGAC TGGAGCGGCT ACAGCGGCAG CTTCTGTCAG
 1301 CACCCCGAGC TGACCGGCCT GGACTGCATC CGCCCTGCT TCTGGGTGGA
 1351 GCTGATCCGC GGCCGCCCA AGGAGAGCAC CATCTGGACC AGCGGCAGCA
 1401 GCATCAGCTT CTGCGGCGTG AACAGCGACA CCTAATTACT CGAGGTACCG
 1451 CGGCCGCGGG GATCCAGACA TGATAAGATA CATTGATGAG TTTGGACAAA
 1501 CCACAACCTAG AATGCAGTGA AAAAAATGCT TTATTTGTGA AATTTGTGAT
 1551 GCTATTGCTT TATTTGTAAC CATTATAAGC TGCAATAAAC AAGTTAACAA
 1601 CAACAATTGC ATTCATTTTA TGTTCAGGT TCAGGGGGAG GTGTGGGAGG
 1651 TTTTTTCGGA TCCTCTAGAG TCGATCTGCA GGCATGCTAG CTTGGCGTAA
 1701 TCATGGTCAT AGCTGTTTCC TGTGTGAAAT TGTTATCCGC TCACAATTCC
 1751 ACACAACATA CGAGCCGGAA GCATAAAGTG TAAAGCCTGG GGTGCCTAAT
 1801 GAGTGAGCTA ACTCACATTA ATTGCGTTGC GCTCACTGCC CGTTTCCAG
 1851 TCGGGAACC TGTCGTGCCA GCTGCATTAA TGAATCGGCC AACCGCGGGG
 1901 GAGAGGCGGT TTGCGTATTG GCGCCTCTTC CGCTTCCTCG CTCACTGACT
 1951 CGCTGCGCTC GGTGTTCCGG CTGCGGCGAG CGGTATCAGC TCACTCAAAG
 2001 GCGGTAATAC GGTATCCAC AGAATCAGGG GATAACGCAG GAAAGAACAT
 2051 GTGAGCAAAA GGCCAGCAAA AGGCCAGGAA CCGTAAAAAG GCCCGTTCG
 2101 TGGCGTTTTT CCATAGGCTC CGCCCCCTG ACGAGCATCA CAAAAATCGA
 2151 CGCTCAAGTC AGAGGTGGCG AAACCCGACA GGACTATAAA GATACCAGGC
 2201 GTTCCCCCT GGAAGCTCCC TCGTGCCTC TCCTGTTCCG ACCCTGCCGC
 2251 TTACCGGATA CCTGTCCGCC TTTCTCCCTT CGGGAAGCGT GCGCTTFTCT
 2301 CATAGCTCAC GCTGTAGGTA TCTCAGTTCG GTGTAGGTCG TTCGCTCCAA
 2351 GCTGGGCTGT GTGCACGAAC CCCCCTTCA GCCCGACCGC TCGCCTTAT
 2401 CCGGTAACTA TCGTCTTGAG TCCAACCCGG TAAGACACGA CTTATCGCCA
 2451 CTGGCAGCAG CCACTGGTAA CAGGATTAGC AGAGCGAGGT ATGTAGGCGG
 2501 TGCTACAGAG TTCTTGAAGT GGTGGCCTAA CTACGGCTAC ACTAGAAGGA
 2551 CAGTATTTGG TATCTGCGCT CTGCTGAAGC CAGTTACCTT CGGAAAAAGA
 2601 GTTGGTAGCT CTTGATCCGG CAAACAAACC ACCGCTGGTA GCGGTGGTTT
 2651 TTTTGTTCG AAGCAGCAGA TTACGCGCAG AAAAAAGGA TCTCAAGAAG
 2701 ATCCTTTGAT CTTTTCTACG GGGTCTGACG CTCAGTGGAA CGAAAATCA
 2751 CGTTAAGGGA TTTTGGTCAT GAGATTATCA AAAAGGATCT TCACCTAGAT
 2801 CCTTTTAAAT TAAAAATGAA GTTTTAAATC AATCTAAAGT ATATATGAGT
 2851 AACTTGGTC TGACAGTTAC CAATGCTTAA TCAGTGAGGC ACCTATCTCA
 2901 GCGATCTGTC TATTTGTTTC ATCCATAGTT GCCTGACTCC CCGTCGTGTA
 2951 GATAACTACG ATACGGGAGG GCTTACCATC TGGCCCCAGT GCTGCAATGA
 3001 TACCGCGAGA CCCACGCTCA CCGGCTCCAG ATTTATCAGC AATAAACCAG
 3051 CCAGCCGGAA GGGCCGAGCG CAGAAGTGGT CCTGCAACTT TATCCGCCCTC
 3101 CATCCAGTCT ATTAATTGTT GCCGGGAAGC TAGAGTAAGT AGTTCGCCAG
 3151 TTAATAGTTT GCGCAACGTT GTTGCCATTG CTACAGGCAT CGTGGTGTCA
 3201 CGCTCGTCGT TTGGTATGGC TTCATTGAGC TCCGGTTCCT AACGATCAAG
 3251 GCGAGTTACA TGATCCCCCA TGTTGTGCAA AAAAGCGGTT AGCTCCTTCG
 3301 GTCTCCGAT CGTTGTGAGA AGTAAGTTGG CCGCAGTGT ATCACTCATG
 3351 GTTATGGCAG CACTGCATAA TTCTCTTACT GTCATGCCAT CCGTAAGATG
 3401 CTTTTCTGTG ACTGGTGAGT ACTCAACCAA GTCATTCTGA GAATAGTGTA
 3451 TGCGGCGACC GAGTTGCTCT TGCCCGGCGT CAATACGGGA TAATACCGCG
 3501 CCACATAGCA GAACTTTAAA AGTGCTCATC ATTGGAAAAC GTTCTTCGGG
 3551 GCGAAAACCTC TCAAGGATCT TACCGCTGTT GAGATCCAGT TCGATGTAAC

172

```
3601 CCACTCGTGC ACCCAACTGA TCTTCAGCAT CTTTTACTTT CACCAGCGTT
3651 TCTGGGTGAG CAAAAACAGG AAGGCAAAAAT GCCGCAAAAAG AGGGAATAAG
3701 GCGGACACGG AAATGTTGAA TACTCATACT CTTCTTTTTT CAATATTATT
3751 GAAGCATTTA TCAGGGTTAT TGTCTCATGA GCGGATACAT ATTTGAATGT
3801 ATTTAGAAAA ATAAACAAAT AGGGGTTCCG CGCACATTTT CCCGAAAAGT
3851 GCCACCTGAC GTCTAAGAAA CCATTATTAT CATGACATTA ACCTATAAAA
3901 ATAGGCGTAT CACGAGGCC CTTTCGTCTCG CGCGTTTCGG TGATGACGGT
3951 GAAAACCTCT GACACATGCA GCTCCCGGAG ACGGTCACAG CTTGTCTGTA
4001 AGCGGATGCC GGGAGCAGAC AAGCCCGTCA GGGCGCGTCA GCGGGTGTG
4051 GCGGGTGTTC GGGCTGGCTT AACTATGCGG CATCAGAGCA GATTGTACTG
4101 AGAGTGCACC ATATGCGGTG TGAAATACCG CACAGATGCG TAAGGAGAAA
4151 ATACCGCATC AGGCGCCATT CGCCATTCAG GCTGCGCAAC TGTTGGGAAG
4201 GCGGATCGGT GCGGGCTCT TCGCTATTAC GCCAGCTGGC GAAAGGGGGA
4251 TGTGCTGCAA GCGGATTAAG TTGGGTAACG CCAGGGTTTT CCCAGTCACG
4301 ACGTTGTAAG ACGACGGCCA GT
```

pcMV-HA_M2HN, 4322 bp. (CIRCULAR)
Restriction analysis 21/05/2008
pDRAW32 revision 1.1.97
Rebase containing 262 enzymes.
4 enzymes match enzyme selection criteria.

BglII (A'GATC_T)

Cuts 1 time.
Cuts at position 1169.

EcoRI (G'AATT_C) [FunII]

Cuts 1 time.
Cuts at position 878.

SalI (G'TCGA_C)

Cuts 1 time.
Cuts at position 935.

XhoI (C'TCGA_G) [BssHI, PaeR7I, Sfr274I, SlaI, StrI, TliI]

Cuts 1 time.
Cuts at position 1439.

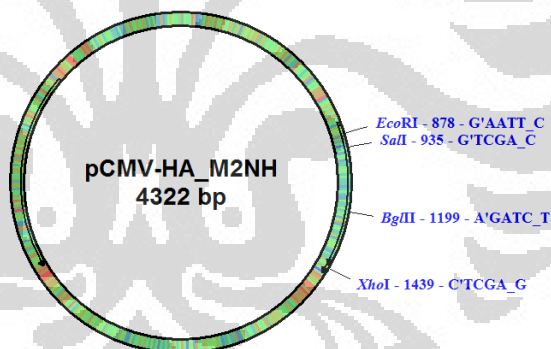
pcMV-HA_M2HN, 4322 bp. (CIRCULAR)
ORF analysis 21/05/2008
pDRAW32 revision 1.1.97
Minimum Orf length = 400
Genetic code = Standard genetic code
Alternative initiation codons = None

Orf# = 1
Frame = 2
Start = 842
End = 1433
Length = 591 bp

```

MFQITLLWPWRPEFMSLLTEVETPTRNEWECVDLERRIENLNKKMEDGFL 50
DVWYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFE 100
FYHKCDNECRSSRSRGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGS 150
FVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT*
*****
Orf#      =      2
Frame     =      5
Start     = 3725
End       = 2867
Length    = 858 bp
MSIQHFVALIPFFAAFLPVFHAHPETLVKVKDAEDQLGARVGYIELDLN 50
SGKILESFRRPEERFPMMSDFKVLVLLCGAVLSRIDAGQEQLGRRRIHYSQNDL 100
VEYSPVTEKHLTDGMTVRELCSAAITMSDNNTAANLLLTIGGPKELTAFL 150
HNMGDHVTRLDRWEPENEAIPNDERDITMPVAMATTLRKLTLGELLTLA 200
SRQQLIDWMEADKLVAGPLLRSALPAGWFIADKSGAGERGSRGIIAALGPD 250
GKPSRIVVIYTTGSQATMDERNRQIAEIGASLIKHW*
*****
    
```

Vaksin pCMV-HA_M2NH



```

1  GAGTTCGAGC  TTGCATGCCT  GCAGGTCGTT  ACATAACTTA  CGGTAATGG
51  CCCGCTGGC  TGACCGCCCA  ACGACCCCG  CCCATTGACG  TCAATAATGA
101 CGTATGTTCC  CATAGTAACG  CCAATAGGGA  CTTTCCATTG  ACGTCAATGG
151 GTGGAGTATT  TACGGTAAAC  TGCCCACTTG  GCAGTACATC  AAGTGTATCA
201 TATGCCAAGT  ACGCCCCCTA  TTGACGTCAA  TGACGGTAAA  TGGCCCGCCT
251 GGCATTATGC  CCAGTACATG  ACCTTATGGG  ACTTTCCTAC  TTGGCAGTAC
301 ATCTACGTAT  TAGTCATCGC  TATTACCATG  GTGATGCGGT  TTTGGCAGTA
351 CATCAATGGG  CGTGGATAGC  GGTTTGACTC  ACGGGGATTT  CCAAGTCTCC
401 ACCCCATTGA  CGTCAATGGG  AGTTTGTTTT  GGCACCAAAA  TCAACGGGAC
451 TTTCCAAAAT  GTCGTAACAA  CTCCGCCCCA  TTGACGCAA  TGGGCGGTAG
501 GCGTGTACGG  TGGGAGGTCT  ATATAAGCAG  AGCTCGTTTA  GTGAACCGTC
551 AGATCGCCTG  GAGACGCCAT  CCACGCTGTT  TTGACCTCCA  TAGAAGACAC
601 CGGGACCGAT  CCAGCCTCCG  GACTCTAGAG  GATCCGGTAC  TAGAGGAAC
651 GAAAAACCAG  AAAGTAACT  GGTAAGTTTA  GTCTTTTTGT  CTTTTATTTC
    
```

```

701 AGGTCCCGGA TCCGGTGGTG GTGCAAATCA AAGAACTGCT CCTCAGTGGG
751 TGTTCGCTTT ACTTCTAGGC CTGTACGGAA GTGTTACTTC TGCTCTAAAA
801 GCTGCGGAAT TGTACCCGCG GGCCACCAT GTACCCATAC GATGTTCCAG
851 ATTACGCTCT TATGGCCATG GAGGCCCGAA TTCATGAGCC TGCTGACCGA
901 GGTGGAGACC CCCACCCGCA ACGAGTGGGA GTGCGTCGAC AGCCGCAGCG
951 GCTTCGAGAT GATCTGGGAC CCCAACGGCT GGACCCGCAC CGACAGCAGC
1001 TTCAGCGTGA AGCAGGACAT CGTGGCCATC ACCGACTGGA GCGGCTACAG
1051 CGGCAGCTTC GTGCAGCACC CCGAGCTGAC CGGCCTGGAC TGCATCCGCC
1101 CCTGCTTCTG GGTGGAGCTG ATCCGCGGCC GCCCCAAGGA GAGCACCATC
1151 TGGACCAGCG GCAGCAGCAT CAGCTTCTGC GGCCTGAACA GCGACACCAG
1201 ATCTCTGGAG CGCCGCATCG AGAACCTGAA CAAGAAGATG GAGGACGGCT
1251 TCCTGGACGT GTGGACCTAC AACGCCGAGC TGCTGGTGCT GATGGAGAAC
1301 GAGCGCACCC TGGACTTCCA CGACAGCAAC GTGAAGAACC TGTACGACAA
1351 GGTGCGCCTG CAGCTGCGCG ACAACGCCAA GGAGCTGGGC AACGGCTGCT
1401 TCGAGTTCTA CCACAAGTGC GACAACGAGT GCTAATTACT CGAGGTACCG
1451 CGGCCGCGGG GATCCAGACA TGATAAGATA CATTGATGAG TTTGGACAAA
1501 CCACAACCTAG AATGCAGTGA AAAAAATGCT TTATTTGTGA AATTTGTGAT
1551 GCTATTGCTT TATTTGTAAC CATTATAAGC TGCAATAAAC AAGTTAACAA
1601 CAACAATTGC ATTCATTTTA TGTTCAGGT TCAGGGGGAG GTGTGGGAGG
1651 TTTTTTCGGA TCCTCTAGAG TCGATCTGCA GGCATGCTAG CTTGGCGTAA
1701 TCATGGTCAT AGCTGTTTCC TGTGTGAAAT TGTATCCGC TCACAATTC
1751 ACACAACATA CGAGCCGGAA GCATAAAGTG TAAAGCCTGG GGTGCCTAAT
1801 GAGTGAGCTA ACTCACATTA ATTGCGTTGC GCTCACTGCC CGCTTCCAG
1851 TCGGGAACC TGTCGTGCCA GCTGCATTAA TGAATCGGCC AACGCGCGGG
1901 GAGAGGCGGT TTGCGTATTG GGCCTCTTTC CGCTTCCTCG CTCACTGACT
1951 CGCTGCGCTC GGTCTCCGG CTGCGGCGAG CGGTATCAGC TCACTCAAAG
2001 GCGGTAATAC GGTATCCAC AGAATCAGGG GATAACGCAG GAAAGAACAT
2051 GTGAGCAAAA GGCCAGCAA AGGCCAGGAA CCGTAAAAAG GCCGCGTTGC
2101 TGGCGTTTTT CCATAGGCTC CGCCCCCTG ACGAGCATCA CAAAAATCGA
2151 CGCTCAAGTC GAGAGTGGCG AAACCCGACA GGACTATAAA GATACCAGGC
2201 GTTTCGCCCT GGAAGCTCCC TCGTGCCTC TCCTGTTCCG ACCCTGCCGC
2251 TTACCGGATA CCTGTCCGCC TTTCTCCCTT CGGGAAGCGT GGCGCTTCT
2301 CATAGCTCAC GCTGTAGGTA TCTCAGTTCG GTGTAGGTCG TTCGCTCCAA
2351 GCTGGGCTGT GTGCACGAAC CCCCCGTTCA GCCCGACCGC TGCGCCTTAT
2401 CCGGTAAC TAAGTCTGAG TCCAACCCGG TAAGACACGA CTTATCGCCA
2451 CTGGCAGCAG CCACTGGTAA CAGGATTAGC AGAGCGAGGT ATGTAGGCGG
2501 TGCTACAGAG TTCTTGAAGT GGTGGCCTAA CTACGGCTAC ACTAGAAGGA
2551 CAGTATTTGG TATCTGCGCT CTGCTGAAGC CAGTTACCTT CGGAAAAAGA
2601 GTTGGTAGCT CTTGATCCGG CAAACAAACC ACCGCTGGTA GCGGTGGTTT
2651 TTTTGTTTTG AAGCAGCAGA TTACGCGCAG AAAAAAGGA TCTCAAGAAG
2701 ATCCTTTGAT CTTTTCTACG GGGTCTGACG CTCAGTGGAA CGAAAAC TCA
2751 CTTAAAGGGA TTTTGGTCAT GAGATTATCA AAAAGGATCT TCACCTAGAT
2801 CCTTTTAAAT TAAAAATGAA GTTTTAAATC AATCTAAAGT ATATATGAGT
2851 AAAC TTGGTGC TGACAGTTAC CAATGCTTAA TCAGTGAGGC ACCTATCTCA
2901 GCGATCTGTC TATTTCTGTT ATCCATAGTT GCCTGACTCC CCGTCGTGTA
2951 GATAACTACG ATACGGGAGG GCTTACCATC TGGCCCCAGT GCTGCAATGA
3001 TACCGCGAGA CCCACGCTCA CCGGCTCCAG ATTTATCAGC AATAAACCAG
3051 CCAGCCGGAA GGGCCGAGCG CAGAAGTGGT CCTGCAACTT TATCCGCCTC
3101 CATCCAGTCT ATTAATGTTT GCCGGGAAGC TAGAGTAAGT AGTTCCGCCAG
3151 TTAATAGTTT GCGCAACGTT GTTGCCATTG CTACAGGCAT CGTGGTGTCA
3201 CGCTCGTCGT TTGGTATGGC TTCATT CAGC TCCGTTCCC AACGATCAAG
3251 GCGAGTTACA TGATCCCCCA TGTTGTGCAA AAAAGCGGTT AGCTCCTTCG
3301 GTCCTCCGAT CGTTGTCAGA AGTAAGTTGG CCGCAGTGTT ATCACTCATG
3351 GTTATGGCAG CACTGCATAA TTCTCTTACT GTCATGCCAT CCGTAAGATG

```

```

3401 CTTTTCTGTG ACTGGTGAGT ACTCAACCAA GTCATTCTGA GAATAGTGTA
3451 TGCGGCGACC GAGTTGCTCT TGCCCGGCGT CAATACGGGA TAATACCGCG
3501 CCACATAGCA GAACTTTAAA AGTGCTCATC ATTGGAAAAC GTTCTTCGGG
3551 GCGAAAAC TC AAGGATCT TACCGCTGTT GAGATCCAGT TCGATGTAAC
3601 CCACTCGTGC ACCCAACTGA TCTTCAGCAT CTTTTACTTT CACCAGCGTT
3651 TCTGGGTGAG CAAAAACAGG AAGGCCAAAAT GCCGCAAAAA AGGGAATAAG
3701 GGCGACACGG AAATGTTGAA TACTCATACT CTTCCTTTTT CAATATTAT
3751 GAAGCATTTA TCAGGGTTAT TGTCTCATGA GCGGATACAT ATTTGAATGT
3801 ATTTAGAAAA ATAAACAAAAT AGGGGTTCCG CGCACATTTC CCCGAAAAGT
3851 GCCACCTGAC GTCTAAGAAA CCATTATTAT CATGACATTA ACCTATAAAA
3901 ATAGGCGTAT CACGAGGCC TTTTCGTCTCG CGCGTTTCGG TGATGACGGT
3951 GAAAACCTCT GACACATGCA GCTCCCGGAG ACGGTCACAG CTTGTCTGTA
4001 AGCGGATGCC GGGAGCAGAC AAGCCCCTCA GGGCGCGTCA GCGGGTGTG
4051 GCGGGTGTG GGGCTGGCTT AACTATGCGG CATCAGAGCA GATTGTA CTG
4101 AGAGTGCACC ATATGCGGTG TGAATACCG CACAGATGCG TAAGGAGAAA
4151 ATACCGCATC AGGCGCCATT CGCCATT CAG GCTGCGCAAC TGTGGGGAAG
4201 GCGGATCGGT GCGGGCCTCT TCGCTATTAC GCCAGCTGGC GAAAGGGGGA
4251 TGTGCTGCAA GCGGATTAAG TTGGGTAACG CCAGGGTTTT CCCAGTCACG
4301 ACGTTGTAAA ACGACGGCCA GT
    
```

pCMV-HA_M2NH, 4322 bp. (CIRCULAR)
 Restriction analysis 21/05/2008
 pDRAW32 revision 1.1.97
 Rebase containing 262 enzymes.
 4 enzymes match enzyme selection criteria.

BglIII (A'GATC_T)

Cuts 1 time.
 Cuts at position 1199.

ECORI (G'AATT_C) [FunII]

Cuts 1 time.
 Cuts at position 878.

SalI (G'TCGA_C)

Cuts 1 time.
 Cuts at position 935.

XhoI (C'TCGA_G) [BssHI,Paer7I,Sfr274I,SlaI,StrI,TliI]

Cuts 1 time.
 Cuts at position 1439.

pCMV-HA_M2NH, 4322 bp. (CIRCULAR)

ORF analysis 21/05/2008

pDRAW32 revision 1.1.97

Minimum Orf length = 400

Genetic code = Standard genetic code

Alternative initiation codons = None

Orf# = 1

176

```
Frame = 1
Start = 829
End = 1471
Length = 642 bp
MYPYDVPDYALMAMEARIHEPADRGGDPHPQVGVRRQPQLRDDLGPQR 50
LDRHRQQLQREAGHRGHRLERLQLRAAPRADRPGLHPPLLLGGADPR 100
PPQGEHHLDQRQQHQLLRREQRHQISGAPHREPEQEDGGRLPGRVDLQRR 150
AAGADGERAHPGLPRQQREEPVRQGAPAAARQRQGAGQRLLRVLPQVRQR 200
VLITRGTAAGIQT*
*****
Orf# = 2
Frame = 2
Start = 842
End = 1433
Length = 591 bp
MFQITLLWPWRPEFMSLLTEVETPTRNEWECVDSRSGFEMIWDPNGTGT 50
DSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHP ELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKE 100
STIWTSGSISIFCGVNSDTRSLERRIENLNKKMEDGFLDVWVTYNAELLVL 150
MENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKCDNEC*
*****
Orf# = 3
Frame = 5
Start = 3725
End = 2867
Length = 858 bp
MSIQHFVALIPFFAAFCLPVFAHPE TLVVKDAEDQLGARVGYIELDLN 50
SGKILESFRPEERFPMMSTFKVLLCGAVLSRIDAGQEQLGRRIHYSQNDL 100
VEYSPVTEKHLTDGMTVRELCSAAITMSDNTAANLLLTIGGPKELTAF 150
HNMGDHVTRLDRWEPELNEAIPNDERDTTMPVAMATTLRKLTTGELLTLA 200
SRQQLIDWMEADKVAGPLLR SALPAGWFIADKSGAGERGSRGIIAALGPD 250
GKPSRIVVIYTTGSQATMDERNRQIAEIGASLIKHW*
*****
```

Lampiran 12. Alignment Protein Translasi Vaksin DNA

pCMV-HA_HM2N

Alignment: F:\balairung_akudatang\sekuens_M2\test HA1.txt

```

      5      15      25      35      45      55
pCMV-HA_HM MFQITLLLPW RPEFLERRIE NLNKKMEDGF LDVWTYNAEL LVL MENERTL DFHDSNVKNL
conserved-  -----LERRIE NLNKKMEDGF LDVWTYNAEL LVL MENERTL DFHDSNVKNL
Clustal Co  *****
      65      75      85      95     105     115
pCMV-HA_HM YDKVRLQLRD NAKELGNGCF EFYHKCDNEC VMSLLTEVE TPTRNEWECR SSRSGFEMI W
conserved-  YDKVRLQLRD NAKELGNGCF EFYHKCDNEC
Clustal Co  *****
      125     135     145     155     165     175
pCMV-HA_HM DPNWGTGDS SFSVKODI VA ITDWSGYSGS FVOHP ELTGL DCI RPCFWVE LI RGRPKEST
conserved-  -----
Clustal Co
      185     195
pCMV-HA_HM IWTSGSSI SF CGVNSDT
conserved-  -----
Clustal Co
    
```

Alignment: F:\balairung_akudatang\sekuens_M2\test M21.txt

```

      5      15      25      35      45      55
pCMV-HA_HM MFQITLLLPW RPEFLERRIE NLNKKMEDGF LDVWTYNAEL LVL MENERTL DFHDSNVKNL
conserved-  -----
Clustal Co
      65      75      85      95     105     115
pCMV-HA_HM YDKVRLQLRD NAKELGNGCF EFYHKCDNEC VMSLLTEVE TPTRNEWECR SSRSGFEMI W
conserved-  YDKVRLQLRD NAKELGNGCF EFYHKCDNEC VMSLLTEVE TPTRNEWECR
Clustal Co  -----
      125     135     145     155     165     175
pCMV-HA_HM DPNWGTGDS SFSVKODI VA ITDWSGYSGS FVOHP ELTGL DCI RPCFWVE LI RGRPKEST
conserved-  -----
Clustal Co
      185     195
pCMV-HA_HM IWTSGSSI SF CGVNSDT
conserved-  -----
Clustal Co
    
```

Alignment: F:\balairung_akudatang\sekuens_M2\test NA1.txt

```

      5      15      25      35      45      55
pCMV-HA_HM MFQITLLLPW RPEFLERRIE NLNKKMEDGF LDVWTYNAEL LVL MENERTL DFHDSNVKNL
conserved-  -----
Clustal Co
    
```



```

pCMV-HA_HN      185      195
conserved-      MSLLTEVETP TRNEWEC
Clustal Co      *****
    
```

Alignment: F:\balairung_akudatang\sekuens_M2\test_NA2.txt

```

      5      15      25      35      45      55
pCMV-HA_HN      MFQITLLLPW RPEFLERRI E NLNKKMEDGF LDVWTYNAEL LVL MENERTL DFHDSNVKNL
conserved-      -----
Clustal Co

      65      75      85      95     105     115
pCMV-HA_HN      YDKVRLQLRD NAKELGNGCF EFYHKCDNEC VDSRSGFEMI WDPNGWTGTD SSFSVKQDIV
conserved-      -----SRSRGFEMI WDPNGWTGTD SSFSVKQDIV
Clustal Co      *****

      125     135     145     155     165     175
pCMV-HA_HN      AITDWSGYSG SFVQHPCLTG LDCI RPCFWW ELI RGRPKE S TI WTSGSSIS FCGVNSDTRS
conserved-      AITDWSGYSG SFVQHPCLTG LDCI RPCFWW ELI RGRPKE S TI WTSGSSIS FCGVNSDT--
Clustal Co      *****

      185     195
pCMV-HA_HN      MSLLTEVETP TRNEWEC
conserved-      -----
Clustal Co
    
```

pCMV-HA_NHM2

Alignment: F:\balairung_akudatang\sekuens_M2\test_HA3.txt

```

      5      15      25      35      45      55
pCMV-HA_NH      MFQITLLLPW RPEFSRSGFE MI WDPNGWTG TDSSFSVKQD I VAI TDWSGY SGSFVQHPCL
conserved-      -----
Clustal Co

      65      75      85      95     105     115
pCMV-HA_NH      TGLDCI RPCF WVELI RGRPKE ESTI WTSGSS I SFCGVNSDT VDLERRI ENL NKKMEDGFLD
conserved-      -----LERRI ENL NKKMEDGFLD
Clustal Co      *****

      125     135     145     155     165     175
pCMV-HA_NH      VWTYNAELLV LMENERTLDF HDSNVKNLYD KVRQLQLRDNA KELGNGCFEF YHKCDNECRS
conserved-      VWTYNAELLV LMENERTLDF HDSNVKNLYD KVRQLQLRDNA KELGNGCFEF YHKCDNEC--
Clustal Co      *****

      185     195
pCMV-HA_NH      MSLLTEVETP TRNEWEC
conserved-      -----
Clustal Co
    
```

Alignment: F:\balairung_akudatang\sekuens_M2\test_M23.txt

```

      5      15      25      35      45      55
pCMV-HA_NH      MFQITLLLPW RPEFSRSGFE MI WDPNGWTG TDSSFSVKQD I VAI TDWSGY SGSFVQHPCL
    
```

180

```

conserved-
Clustal Co
-----
      65      75      85      95     105     115
pCMV-HA_NH TGLDCI RPCF WVELI RGRPK ESTI WTSGSS I SFCGVNSDT VDLERRI ENL NKKMEDGF LD
conserved-
Clustal Co
-----
      125     135     145     155     165     175
pCMV-HA_NH WTYNAELLV LMENERTLDF HDSNVKNLYD KVRQLQRDNA KELGNGCFEF YHKCDNECRS
conserved-
Clustal Co
-----
      185     195
pCMV-HA_NH MSLLTEVETP TRNEWEC
conserved-
Clustal Co MSLLTEVETP TRNEWEC
*****

```

Alignment: F:\balai rung_akudatang\sekuens_M2\test NA3.txt

```

      5      15      25      35      45      55
pCMV-HA_NH MFOI TLLWPW RPEFSRSGFE MI WDPNGWTG TDSSFSVKOD I VAI TDWSGY SGSFVQHP EL
conserved-
Clustal Co -----
      65      75      85      95     105     115
pCMV-HA_NH TGLDCI RPCF WVELI RGRPK ESTI WTSGSS I SFCGVNSDT VDLERRI ENL NKKMEDGF LD
conserved-
Clustal Co -----
      125     135     145     155     165     175
pCMV-HA_NH WTYNAELLV LMENERTLDF HDSNVKNLYD KVRQLQRDNA KELGNGCFEF YHKCDNECRS
conserved-
Clustal Co -----
      185     195
pCMV-HA_NH MSLLTEVETP TRNEWEC
conserved-
Clustal Co -----

```

pCMV-HA_NM2H

Alignment: F:\balai rung_akudatang\sekuens_M2\test HA4.txt

```

      5      15      25      35      45      55
pCMV-HA_NM MFOI TLLWPW RPEFSRSGFE MI WDPNGWTG TDSSFSVKOD I VAI TDWSGY SGSFVQHP EL
conserved-
Clustal Co -----
      65      75      85      95     105     115
pCMV-HA_NM TGLDCI RPCF WVELI RGRPK ESTI WTSGSS I SFCGVNSDT VDMSLLTEVE TPTRNEWECR
conserved-
Clustal Co -----
      125     135     145     155     165     175
pCMV-HA_NM SLERRI ENLN KKMEDGF LDV WTYNAELLVL MENERTLDFH DSNVKNLYDK VRLQLRDN AK
conserved-
Clustal Co -LERRI ENLN KKMEDGF LDV WTYNAELLVL MENERTLDFH DSNVKNLYDK VRLQLRDN AK

```

```

Clustal Co      *****
                |
                |
                |
pCMV-HA_NM     ELGNGCFEFY HKCDNEC
conserved-    ELGNGCFEFY HKCDNEC
Clustal Co     *****
    
```

Alignment: F:\balai rung_akudatang\sekuens_M2\test M24.txt

```

                | 5 | 15 | 25 | 35 | 45 | 55 |
pCMV-HA_NM     MFQITLLWPW RPEFSRSGFE MIWDPNGWTG TDSSFSVKQD IVAITDWSGY SGSFVQHPEL
conserved-    -----
Clustal Co

                | 65 | 75 | 85 | 95 | 105 | 115 |
pCMV-HA_NM     TGLDCIRPCF WVELIRGRP ESTIWTSGSS ISFCGVNSDT VDMSLLTEVE TPTRNEWECR
conserved-    TGLDCIRPCF WVELIRGRP ESTIWTSGSS ISFCGVNSDT VDMSLLTEVE TPTRNEWECR
Clustal Co     -----
                | 125 | 135 | 145 | 155 | 165 | 175 |
pCMV-HA_NM     SLERRIENLN KKMEDGFLDV WTYNAELLVL MENERTLDFH DSNVKNLYDK VRLQLRDNAAK
conserved-    SLERRIENLN KKMEDGFLDV WTYNAELLVL MENERTLDFH DSNVKNLYDK VRLQLRDNAAK
Clustal Co

                | 185 | 195 |
pCMV-HA_NM     ELGNGCFEFY HKCDNEC
conserved-    ELGNGCFEFY HKCDNEC
Clustal Co     -----
    
```

Alignment: F:\balai rung_akudatang\sekuens_M2\test NA4.txt

```

                | 5 | 15 | 25 | 35 | 45 | 55 |
pCMV-HA_NM     MFQITLLWPW RPEFSRSGFE MIWDPNGWTG TDSSFSVKQD IVAITDWSGY SGSFVQHPEL
conserved-    -----
Clustal Co     *****

                | 65 | 75 | 85 | 95 | 105 | 115 |
pCMV-HA_NM     TGLDCIRPCF WVELIRGRP ESTIWTSGSS ISFCGVNSDT VDMSLLTEVE TPTRNEWECR
conserved-    TGLDCIRPCF WVELIRGRP ESTIWTSGSS ISFCGVNSDT VDMSLLTEVE TPTRNEWECR
Clustal Co     *****

                | 125 | 135 | 145 | 155 | 165 | 175 |
pCMV-HA_NM     SLERRIENLN KKMEDGFLDV WTYNAELLVL MENERTLDFH DSNVKNLYDK VRLQLRDNAAK
conserved-    SLERRIENLN KKMEDGFLDV WTYNAELLVL MENERTLDFH DSNVKNLYDK VRLQLRDNAAK
Clustal Co

                | 185 | 195 |
pCMV-HA_NM     ELGNGCFEFY HKCDNEC
conserved-    ELGNGCFEFY HKCDNEC
Clustal Co     -----
    
```

pCMV-HA_M2HN

Alignment: F:\balai rung_akudatang\sekuens_M2\test HA5.txt


```

                185      195
pCMV-HA_M2      IWTSGSSI SF CGVNSDT
conserved-     IWTSGSSI SF CGVNSDT
Clustal Co     *****
    
```

pCMV-HA_M2NH

Alignment: F:\balairung_akudatang\sekuens_M2\test HA6.txt

```

      5      15      25      35      45      55
pCMV-HA_M2      MFQITLLWPW RPEFMSLLTE VETPTRNEWE CVDSRSGFEM I WDPNGWTGT DSSFVSKQDI
conserved-     -----
Clustal Co

      65      75      85      95     105     115
pCMV-HA_M2      VAI TDWSGYS GSFVQHPFLT GLDCI RPCFW VELI RGRPKE STI WTSGSSI SFCGVNSDTR
conserved-     -----
Clustal Co

      125     135     145     155     165     175
pCMV-HA_M2      SLERRI ENLN KKMEDGFLDV WTYNAELLVL MENERTLDFH DSNVKNLYDK VRLQLRDNAK
conserved-     -LERRI ENLN KKMEDGFLDV WTYNAELLVL MENERTLDFH DSNVKNLYDK VRLQLRDNAK
Clustal Co     *****

      185     195
pCMV-HA_M2      ELGNGCFEFY HKCDNEC
conserved-     ELGNGCFEFY HKCDNEC
Clustal Co     *****
    
```

Alignment: F:\balairung_akudatang\sekuens_M2\test M26.txt

```

      5      15      25      35      45      55
pCMV-HA_M2      MFQITLLWPW RPEFMSLLTE VETPTRNEWE CVDSRSGFEM I WDPNGWTGT DSSFVSKQDI
conserved-     -----
Clustal Co     *****

      65      75      85      95     105     115
pCMV-HA_M2      VAI TDWSGYS GSFVQHPFLT GLDCI RPCFW VELI RGRPKE STI WTSGSSI SFCGVNSDTR
conserved-     -----
Clustal Co

      125     135     145     155     165     175
pCMV-HA_M2      SLERRI ENLN KKMEDGFLDV WTYNAELLVL MENERTLDFH DSNVKNLYDK VRLQLRDNAK
conserved-     -----
Clustal Co

      185     195
pCMV-HA_M2      ELGNGCFEFY HKCDNEC
conserved-     -----
Clustal Co
    
```

Alignment: F:\balairung_akudatang\sekuens_M2\test NA6.txt

```

      5      15      25      35      45      55
pCMV-HA_M2      MFQITLLWPW RPEFMSLLTE VETPTRNEWE CVDSRSGFEM I WDPNGWTGT DSSFVSKQDI
    
```


Lampiran 13. BLASTp Protein Translasi Vaksin DNA

[gb|ABW06357.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/175H/2005(H5N1))]
Length=449

Score = 182 bits (463), Expect = 8e-45, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 87/87 (100%), Positives = 87/87 (100%), Gaps = 0/87 (0%)

Query 111 SSRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVE 170
SSRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVE
Sbjct 346 SSRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVE 405

Query 171 LIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
LIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 406 LIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABI36097.1](#) neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC194P/2005(H5N1))]
Length=444

Score = 182 bits (463), Expect = 9e-45, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 87/87 (100%), Positives = 87/87 (100%), Gaps = 0/87 (0%)

Query 111 SSRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVE 170
SSRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVE
Sbjct 346 SSRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVE 405

Query 171 LIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
LIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 406 LIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABO47848.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/chicken/Egypt/1129N3-
HK9/2007(H5N1))]
Length=449

Score = 182 bits (462), Expect = 1e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 87/87 (100%), Positives = 87/87 (100%), Gaps = 0/87 (0%)

Query 111 SSRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVE 170
SSRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVE
Sbjct 346 SSRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVE 405

Query 171 LIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
LIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 406 LIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABU99064.1](#) neuraminidase [Influenza A virus
(A/Duck/Madiun/BBVW1358/2005(H5N1))]
Length=433

Score = 182 bits (461), Expect = 1e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT

Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABU99051.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Chicken/Salam/BBPV11/2005(H5N1))]
[gb|ABU99054.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Chicken/Rokan Hilli/BPPV11/2005(H5N1))]
Length=432

Score = 182 bits (461), Expect = 1e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABU99047.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Chicken/Medan/BBPV1-534/2005(H5N1))]
[gb|ABU99048.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Chicken/Pidie/BBPV1/2005(H5N1))]
Length=432

Score = 182 bits (461), Expect = 1e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABU99055.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Chicken/Siak/BPPV11/2005(H5N1))]
Length=433

Score = 182 bits (461), Expect = 1e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABU99053.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/chicken/Duma/BPPV11/2005(H5N1))]
Length=433

Score = 182 bits (461), Expect = 1e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL

```
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPGLTGLDCIRPCFWVEL 406
Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

```


> gb|ABU99046.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Chicken/Deli
Derdang/BBPV1/2005(H5N1))]
Length=432

```

```
Score = 182 bits (461), Expect = 1e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)
```

```
Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPGLTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPGLTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPGLTGLDCIRPCFWVEL 406
Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

```


> gb|ABH09781.1 neuraminidase [Influenza A virus
(A/chicken/Indonesia/77/2005(H5N1))]
gb|ABU98996.1 neuraminidase [Influenza A virus
(A/Chicken/Indonesia/Wates77/2005(H5N1))]
Length=435

```

```
Score = 182 bits (461), Expect = 1e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)
```

```
Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPGLTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPGLTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPGLTGLDCIRPCFWVEL 406
Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

```


> gb|ABU99052.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Chicken/Murao
Jambi/BPPV11/2005(H5N1))]
Length=432

```

```
Score = 182 bits (461), Expect = 1e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)
```

```
Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPGLTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPGLTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPGLTGLDCIRPCFWVEL 406
Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

```


> gb|ABU99012.1 neuraminidase [Influenza A virus
(A/Duck/IBufeleng/BPPV1/2005(H5N1))]
Length=433

```

```
Score = 182 bits (461), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)
```

188

```

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
    
```

```


> gb|ACA28788.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Cygnus olor/Czech
Republic/10662/06(H5N1))]
   gb|ACA28789.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Cygnus olor/Czech
Republic/10814/06(H5N1))]
Length=430

Score = 182 bits (461), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)
    
```

```

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 344 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 403

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 404 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 429
    
```

```


> gb|ABU99062.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Chicken/Bandar
Lampung/BPPV111/2006(H5N1))]
Length=440

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)
    
```

```

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
    
```

```


> gb|ABU99042.1 neuraminidase [Influenza A virus
(A/Chicken/Taput/BBPV1/2005(H5N1))]
Length=436

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)
    
```

```

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
    
```

```


> gb|ABU99059.1 neuraminidase [Influenza A virus
(A/Chicken/Palembang/BPPV111/2005(H5N1))]
Length=432
    
```

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

```
Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

[gb|ABO13922.1](#) neuraminidase [Influenza A virus
(A/goose/Hungary/3413/2007(H5N1))]
Length=429

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

```
Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 342 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 401

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 402 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 427
```

[gb|ABI94755.1](#) neuraminidase [Influenza A virus
(A/chicken/Hubei/wh/1997(H5N1))]
Length=469

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

```
Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 367 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 426

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 427 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 452
```

[gb|ABW06210.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/538H/2006(H5N1))]
[gb|ABW06232.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/534H/2006(H5N1))]
Length=446

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

```
Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

[gb|ABU99136.1](#) neuraminidase [Influenza A virus
(A/Chicken/Indonesia/Padang1631-1/2006(H5N1))]

[gb|ABU99138.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Chicken/Indonesia/Agam1631-3/2006(H5N1))]
[gb|ABU99139.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Pigeon/Indonesia/Rohkit1631-6/2006(H5N1))]
Length=446

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABU99145.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Chicken/Indonesia/Lampung1631-23/2006(H5N1))]
Length=436

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABU99144.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Chicken/Indonesia/Rejang Lebong1631-22/2006(H5N1))]
Length=446

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABU99141.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Chicken/Indonesia/Belitung Timor1631-18/2006(H5N1))]
Length=446

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

```


> gb|ABO44225.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/chicken/Afghanistan/1573-92/2006(H5N1))]
gb|ABO52723.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/chicken/Afghanistan/1573-7/2006(H5N1))]
Length=449

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/87 (98%), Positives = 87/87 (100%), Gaps = 0/87 (0%)

Query 111  SSRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVE 170
+SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVE
Sbjct 346  TSRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVE 405

Query 171  LIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
LIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 406  LIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432


> gb|ABW06177.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/546H/2006(H5N1))]
gb|ABW06199.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/535H/2006(H5N1))]
Length=448

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112  SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347  SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172  IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407  IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432


> gb|ABW73799.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/chicken/Korea/IS2/2006(H5N1))]
Length=449

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112  SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347  SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172  IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407  IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432


> gb|ABW06159.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/560H/2006(H5N1))]
Length=449

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112  SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347  SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172  IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197

```


192

IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
 Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABU99147.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Quail/Indonesia/Sleman1631-25/2006(H5N1))]
 Length=446

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
 Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
 Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
 Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABU99142.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Chicken/Indonesia/Bangka Seletan1631-20/2006(H5N1))]
[gb|ABU99143.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Chicken/Indonesia/Bangka Seletan1631-21/2006(H5N1))]
 Length=446

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
 Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
 Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
 Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABL07032.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC940/2006(H5N1))]
 Length=449

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
 Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
 Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
 Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABI36146.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC594/2006(H5N1))]
[gb|ABI36157.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC595/2006(H5N1))]
[gb|ABI36168.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC596/2006(H5N1))]
[gb|ABI36179.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC597/2006(H5N1))]
[gb|ABI36189.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC599/2006(H5N1))]
[gb|ABI36369.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC625/2006(H5N1))]
[gb|ABI36413.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC625L/2006(H5N1))]
[gb|ABW06149.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/546bH/2006(H5N1))]

Length=449

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

```
Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

[gb|ABU99146.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Muscovy Duck/Indonesia/Kedri1631-24/2006(H5N1))]
Length=446

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

```
Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

[gb|ABU99041.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Chicken/Karo/BBPV1/2006(H5N1))]
Length=441

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

```
Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

[gb|ABI49409.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC742/2006(H5N1))]
Length=449

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

```
Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

194

```

> gb|ABI36087.1 neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC357/2006(H5N1))]
Length=444

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

> gb|ABW73755.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/quail/Korea/KJ4/2006(H5N1))]
gb|ABW73810.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/chicken/Korea/IS/2006(H5N1))]
Length=449

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

> gb|ABU99056.1 neuraminidase [Influenza A virus
(A/Chicken/Pakunbaru/BPPV11/2005(H5N1))]
Length=436

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

> gb|ABU99140.1 neuraminidase [Influenza A virus
(A/Chicken/Indonesia/Pekenbaru1631-11/2006(H5N1))]
Length=446

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

```


> gb|ABI36465.1 neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC644T/2006(H5N1))]
gb|ABI36476.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC644/2006(H5N1))]
gb|ABW06221.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/567H/2006(H5N1))]
Length=449

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432


> gb|ABP51965.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/5/2005(H5N1))]
Length=436

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432


> gb|ABI36314.1 neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC610/2006(H5N1))]
Length=449

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432


> gb|ABW06254.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/321H/2006(H5N1))]
Length=448

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

```

[gb|ABW06188.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/536H/2006(H5N1))]
Length=440

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNWGTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNWGTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNWGTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABO30348.1](#) neuraminidase [Influenza A virus
(A/chicken/Indonesia/7/2003(H5N1))]
Length=449

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNWGTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNWGTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNWGTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ACA47683.1](#) neuraminidase [Influenza A virus
(A/chicken/Shantou/3900/2002(H5N1))]
Length=442

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNWGTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNWGTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNWGTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABL31746.1](#) neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC835/2006(H5N1))]
Length=449

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNWGTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNWGTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNWGTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

```


> gb|ABI36200.1 neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC523/2006(H5N1))]
gb|ABI36278.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC523E/2006(H5N1))]
gb|ABI36287.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC523T/2006(H5N1))]
gb|ABI36298.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC582/2006(H5N1))]
gb|ABI36457.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC699/2006(H5N1))]
Length=449

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432


> gb|ABM90480.1 neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC1032/2007(H5N1))]
gb|ABM90491.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC1032N/2007(H5N1))]
gb|ABM90502.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC1032T/2007(H5N1))]
Length=449

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432


> gb|ABW06243.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/341H/2006(H5N1))]
Length=448

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432


> gb|ABW06127.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/569H/2006(H5N1))]
Length=439

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL

```

198

```
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406
Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

```
> gb|ABU99148.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Chicken/Indonesia/Gunung
Kidul1631-33/2006(H5N1))]
Length=444
```

```
Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)
```

```
Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406
Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

```
> gb|ABL31782.1 neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC887/2006(H5N1))]
gb|ABM90436.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC1031/2007(H5N1))]
gb|ABM90447.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC1031T/2007(H5N1))]
gb|ABM90458.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC1031T2/2007(H5N1))]
gb|ABM90469.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC1031RE2/2007(H5N1))]
Length=449
```

```
Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)
```

```
Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406
Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

```
> gb|ABL07010.1 neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC938/2006(H5N1))]
gb|ABL07021.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC938E/2006(H5N1))]
Length=449
```

```
Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)
```

```
Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406
Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

```
> gb|ABI23981.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/duck/Tuva/01/2006(H5N1))]
Length=449
```

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

> [gb|ABW06303.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/283H/2006(H5N1))]
Length=449

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

> [gb|ABW06294.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/286H/2006(H5N1))]
Length=449

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

> [gb|ABU99065.1](#) neuraminidase [Influenza A virus
(A/Duck/Indramayu/BBVW109/2006(H5N1))]
Length=440

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

> [gb|ABI49398.1](#) neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC739/2006(H5N1))]
[gb|ABL31757.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC836/2006(H5N1))]
[gb|ABL31768.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC836T/2006(H5N1))]
[gb|ABW06168.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/542H/2006(H5N1))]

200

[gb|ABW06265.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/292H/2006(H5N1))]
[gb|ABW06346.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/160H/2005(H5N1))]
[gb|ABW06366.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/7/2005(H5N1))]
Length=449

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABI36089.1](#) neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC370E/2006(H5N1))]
Length=444

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABI36435.1](#) neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC669/2006(H5N1))]
[gb|ABI36446.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC669P/2006(H5N1))]
Length=449

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABW06116.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/583H/2006(H5N1))]
Length=444

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABU99153.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Swan/Indonesia/Magelang1631-57/2007(H5N1))]
Length=441

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ACA47650.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/quail/Shantou/3054/2002(H5N1))]
[gb|ACA47661.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/quail/Shantou/3071/2002(H5N1))]
Length=449

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABW06286.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/298H/2006(H5N1))]
Length=435

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 333 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 392

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 393 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 418

[gb|ABW06276.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/304H/2006(H5N1))]
Length=435

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 333 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 392

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 393 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 418

[gb|ABI36090.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC390/2006(H5N1))]
Length=444

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABI36086.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC326T/2006(H5N1))]
[gb|ABI36092.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC329/2006(H5N1))]
[gb|ABI36093.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC326N/2006(H5N1))]
[gb|ABI36096.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC326/2006(H5N1))]
Length=444

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABI36025.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/chicken/Indonesia/CDC25/2005(H5N1))]
[gb|ABI36035.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/chicken/Indonesia/CDC24/2005(H5N1))]
Length=444

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABV53561.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/chicken/Nigeria/1071-23/2007(H5N1))]
Length=449

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL

```
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406
Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

```


> gb|ABI36014.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC7/2005(H5N1))]
gb|ABI36091.1 neuraminidase [Influenza A virus
(A/feline/Indonesia/CDC1/2006(H5N1))]
gb|ABI36094.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC184/2005(H5N1))]
Length=444
```

```
Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

```


> gb|ABY86500.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/turkey/Islamabad-
Pakistan/NARC-7871/02/2007(H5N1))]
Length=449
```

```
Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

```


> gb|ABW06107.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/5/2005(H5N1))]
Length=449
```

```
Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

```


> gb|ABW37348.1 neuraminidase [Influenza A virus
(A/chicken/Surat/Gujrat/India/9257/2006(H5N1))]
Length=449
```

```
Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)
```

204

```
Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

```
☐
> gb|ABW06138.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/604H/2006(H5N1))]
Length=440
```

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

```
Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

```
☐
> gb|ABU99117.1 neuraminidase [Influenza A virus
(A/Chicken/Indonesia/Soppeng1631-71/2007(H5N1))]
Length=444
```

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

```
Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

```
☐
> gb|ABM90513.1 neuraminidase [Influenza A virus
(A/Indonesia/CDC1046/2007(H5N1))]
gb|ABM90524.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC1046T/2007(H5N1))]
gb|ABM90535.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC1047/2007(H5N1))]
gb|ABM90546.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC1047S/2007(H5N1))]
Length=449
```

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

```
Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

```
☐
> gb|ABJ15721.1 neuraminidase [Influenza A virus
(A/swine/Guangxi/wz/2004(H5N1))]
Length=449
```

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

```
Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

[gb|ABI36347.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC624/2006(H5N1))]
[gb|ABI36358.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC624E/2006(H5N1))]
Length=449

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

```
Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

[gb|ABU99137.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Chicken/Indonesia/Siak1631-2/2006(H5N1))]
Length=445

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

```
Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

[gb|ABU98999.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Chicken/Indonesia/Wates83/2005(H5N1))]
Length=442

Score = 181 bits (460), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

```
Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

[gb|ABI36088.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/CDC370/2006(H5N1))]

206

Length=444

Score = 181 bits (459), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

```
Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

> [gb|ABV53521.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/chicken/Nigeria/1071-9/2007(H5N1))]
Length=449

Score = 181 bits (459), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

```
Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

> [gb|ABW06335.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Indonesia/195H/2005(H5N1))]
Length=445

Score = 181 bits (459), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

```
Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

> [gb|ABO30349.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/chicken/Indonesia/11/2003(H5N1))]
Length=449

Score = 181 bits (459), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

```
Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432
```

> [gb|ABU99057.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Chicken/Padang/BPPV11/2006(H5N1))]

[gb|ABU99058.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Chicken/Paulau Rampang/BPPV11/2006(H5N1))]
Length=439

Score = 181 bits (459), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ACC61060.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/turkey/Saudi Arabia/6732-6/2007(H5N1))]
Length=449

Score = 181 bits (459), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABJ16832.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/cygnus color/Croatia/1/2005(H5N1))]
Length=449

Score = 181 bits (459), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABI94742.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/chicken/Hubei/wf/2002(H5N1))]
Length=469

Score = 181 bits (459), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 367 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 426

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 427 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 452


```


> gb|ABU99043.1 neuraminidase [Influenza A virus
(A/Chicken/Langkat/BBPV1/2005(H5N1))]
Length=440

Score = 181 bits (459), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432


> gb|ACA47903.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/duck/Hunan/533/2004(H5N1))]
Length=449

Score = 181 bits (459), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432


> gb|ABU99149.1 neuraminidase [Influenza A virus (A/Chicken/Indonesia/Kulon1631-
47/2006(H5N1))]
Length=446

Score = 181 bits (459), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432


> gb|ABI96733.1 neuraminidase [Influenza A virus
(A/chicken/Hubei/wk/1997(H5N1))]
Length=449

Score = 181 bits (459), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
          SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
          IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

```

[gb|ABG75617.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/grebe/Tyva/Tyv06-2/06(H5N1))]

[gb|ABI18102.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Grebe/Tyva/Tyv06-8/2006(H5N1))]

[gb|ABI34125.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/grebe/Tyva/Tyv06-1/2006(H5N1))]

[dbj|BAF37389.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/common goldeneye/Mongolia/12/2006(H5N1))]

 Length=449

Score = 181 bits (459), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
 Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
 Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABY86501.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/goose/Lahore-Pakistan/NARC-3321/4/2006(H5N1))]

 Length=449

Score = 181 bits (459), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
 Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
 Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABR13965.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/duck/Hunan/15/2004(H5N1))]

 Length=449

Score = 181 bits (459), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
 Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 406

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
 Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABJ52568.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/chicken/Jilin/h1/2004(H5N1))]

 Length=469

Score = 181 bits (459), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL
 Sbjct 367 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPHPELTGLDCIRPCFWVEL 426

Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197

210

IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
 Sbjct 427 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 452

[gb|ACA21568.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/chicken/Kuwait/KISR2/2007(H5N1))]
 > [gb|ACA21579.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/chicken/Kuwait/KISR3/2007(H5N1))]
[gb|ACA21590.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/chicken/Kuwait/KISR5/2007(H5N1))]
[gb|ACA21601.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/chicken/Kuwait/KISR6/2007(H5N1))]
[gb|ACA21634.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/chicken/Kuwait/KISR9/2007(H5N1))]
 Length=449

Score = 181 bits (459), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
 Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
 Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406
 Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
 Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ACA04689.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/duck/Eastern China/304/2002(H5N1))]
 >
 Length=449

Score = 181 bits (459), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
 Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
 Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406
 Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
 Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABV53531.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/chicken/Nigeria/1071-10/2007(H5N1))]
 >
 Length=449

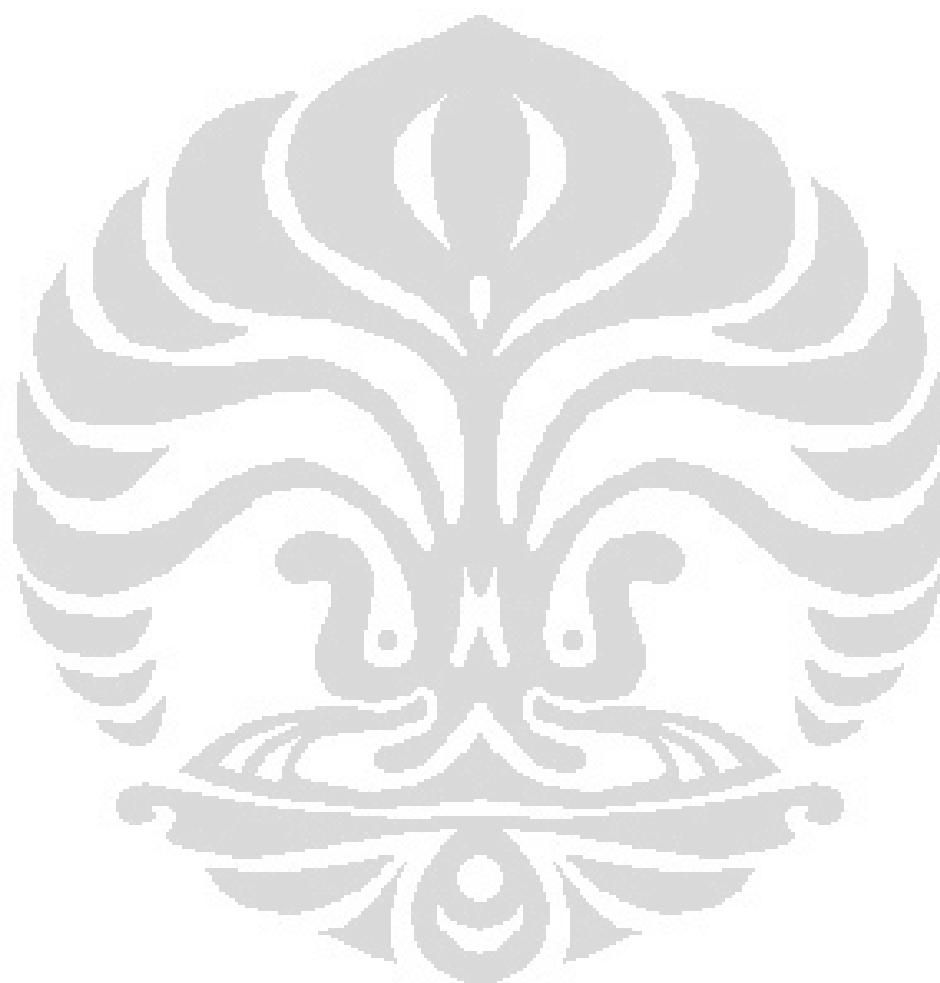
Score = 181 bits (459), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
 Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query 112 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 171
 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL
 Sbjct 347 SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVEL 406
 Query 172 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 197
 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT
 Sbjct 407 IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT 432

[gb|ABU99154.1](#) neuraminidase [Influenza A virus (A/Chicken/Indonesia/Semerang1631-62/2007(H5N1))]
 >
 Length=441

Score = 181 bits (459), Expect = 2e-44, Method: Compositional matrix adjust.
 Identities = 86/86 (100%), Positives = 86/86 (100%), Gaps = 0/86 (0%)

Query	112	SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHP ELTGLDCIRPCFWVEL	171
Sbjct	347	SRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHP ELTGLDCIRPCFWVEL	406
Query	172	IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT	197
Sbjct	407	IRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDT	432



Lampiran 14. Proteasomal Cleavage Protein Translasi Vaksin DNA

Epitope pada Protein Conserved Region Awal	
HA	IENLNKKME-NKKMEDGFL-LDVWTYNAE-DVWTYNAEL-VWTYNAELL-WTYNAELLV-ELLVLMENE-LLVLMENER-LVLMENERT-VLMENERTL-YDKVRLQLR-QLRDNAKEL
NA	WDPNGWTGT-WTGTDSSFS-DSSFSVKQD-SSFSVKQDI-VKQDIVAIT-KQDIVAITD-DWSGYSGSF-WSGYSGSFV-SGSFVQHPE-VQHPELTGL-DCIRPCFWV-LIRGRPKES-SSISFCGVN
M2	MSLLTEVET

pCMV-HA_HM2N	
HA	IENLNKKME -NKKMEDGFL-LDVWTYNAE-DVWTYNAEL-VWTYNAELL-WTYNAELLV-ELLVLMENE-LLVLMENER-LVLMENERT-VLMENERTL-YDKVRLQLR-QLRDNAKEL
NA	WDPNGWTGT-WTGTDSSFS-DSSFSVKQD-SSFSVKQDI-VKQDIVAIT-KQDIVAITD-DWSGYSGSF-WSGYSGSFV-SGSFVQHPE-VQHPELTGL-DCIRPCFWV-LIRGRPKES- SSISFCGVN
M2	MSLLTEVET

pCMV-HA_HNM2	
HA	IENLNKKME -NKKMEDGFL-LDVWTYNAE-DVWTYNAEL-VWTYNAELL-WTYNAELLV-ELLVLMENE-LLVLMENER-LVLMENERT-VLMENERTL-YDKVRLQLR-QLRDNAKEL
NA	WDPNGWTGT-WTGTDSSFS-DSSFSVKQD-SSFSVKQDI-VKQDIVAIT-KQDIVAITD-DWSGYSGSF-WSGYSGSFV-SGSFVQHPE-VQHPELTGL-DCIRPCFWV-LIRGRPKES-SSISFCGVN
M2	MSLLTEVET

pCMV-HA_NHM2	
HA	IENLNKKME-NKKMEDGFL-LDVWTYNAE-DVWTYNAEL-VWTYNAELL-WTYNAELLV-ELLVLMENE-LLVLMENER-LVLMENERT-VLMENERTL-YDKVRLQLR-QLRDNAKEL
NA	WDPNGWTGT -WTGTDSSFS-DSSFSVKQD-SSFSVKQDI-VKQDIVAIT-KQDIVAITD-DWSGYSGSF-WSGYSGSFV-SGSFVQHPE-VQHPELTGL-DCIRPCFWV-LIRGRPKES-SSISFCGVN
M2	MSLLTEVET

pCMV-HA_NM2H	
HA	IENLNKKME-NKKMEDGFL-LDVWTYNAE-DVWTYNAEL-VWTYNAELL-WTYNAELLV-ELLVLMENE-LLVLMENER-LVLMENERT-VLMENERTL-YDKVRLQLR-QLRDNAKEL
NA	WDPNGWTGT -WTGTDSSFS-DSSFSVKQD-SSFSVKQDI-VKQDIVAIT-KQDIVAITD-DWSGYSGSF-WSGYSGSFV-SGSFVQHPE-VQHPELTGL-DCIRPCFWV-LIRGRPKES-SSISFCGVN
M2	MSLLTEVET

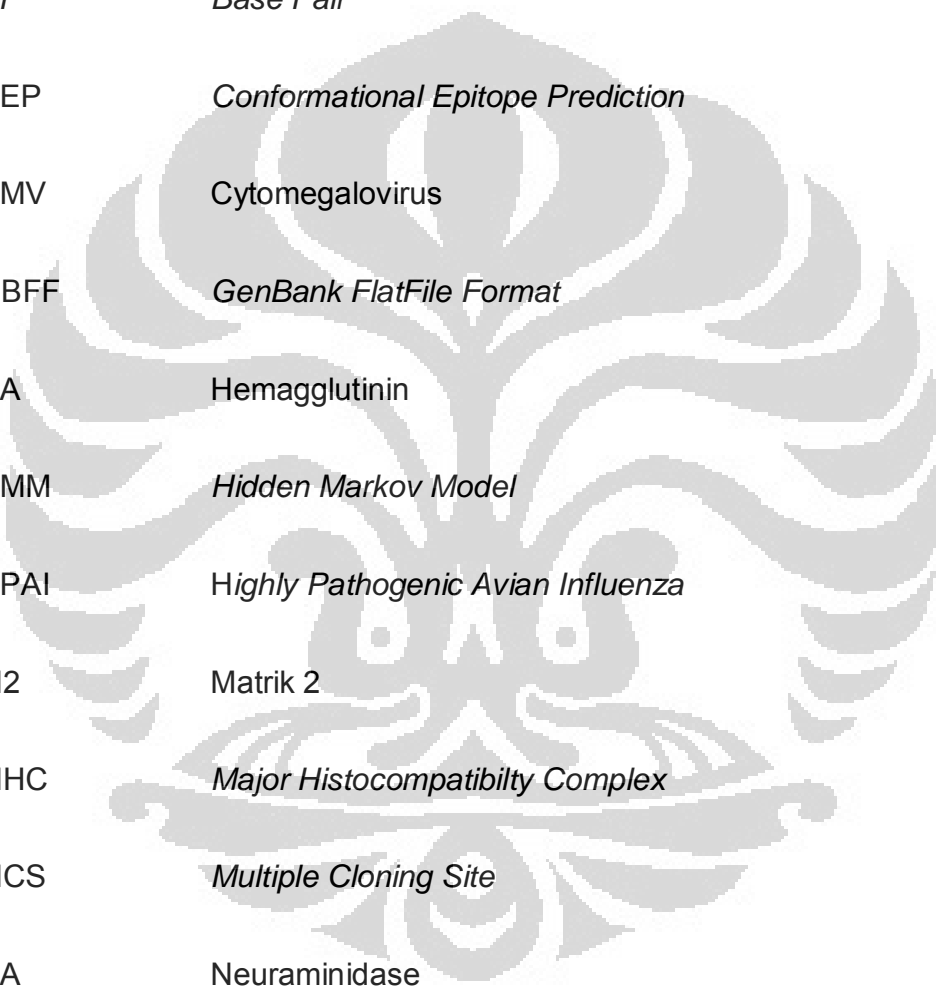
pCMV-HA_M2HN	
HA	IENLNKKME-NKKMEDGFL-LDVWTYNAE-DVWTYNAEL-VWTYNAELL-WTYNAELLV-ELLVLMENE-LLVLMENER-LVLMENERT-VLMENERTL-YDKVRLQLR-QLRDNAKEL
NA	WDPNGWTGT-WTGTDSSFS-DSSFSVKQD-SSFSVKQDI-VKQDIVAIT-KQDIVAITD-DWSGYSGSF-WSGYSGSFV-SGSFVQHPE-VQHPELTGL-DCIRPCFWV-LIRGRPKES- SSISFCGVN
M2	MSLLTEVET

pCMV-HA_M2NH	
HA	IENLNKKME-NKKMEDGFL-LDVWTYNAE-DVWTYNAEL-VWTYNAELL-WTYNAELLV-ELLVLMENE-LLVLMENER-LVLMENERT-VLMENERTL-YDKVRLQLR-QLRDNAKEL
NA	WDPNGWTGT-WTGTDSSFS-DSSFSVKQD-SSFSVKQDI-VKQDIVAIT-KQDIVAITD-DWSGYSGSF-WSGYSGSFV-SGSFVQHPE-VQHPELTGL-DCIRPCFWV-LIRGRPKES-SSISFCGVN
M2	MSLLTEVET

Keterangan:

Tidak muncul pada prediksi MAPPP: **IENLNKKME**, **SSISFCGVN** (pCMV-HA_HM2N). **IENLNKKME**, **MSLLTEVET** (pCMV-HA_HNM2). **WDPNGWTGT** (pCMV-HA_NHM2). **WDPNGWTGT** (pCMV-HA_NM2H). **SSISFCGVN** (pCMV-HA_M2HN).

Lampiran 15. Daftar Singkatan



BLAST	<i>Basic Local Alignment and Search Tool</i>
BP	<i>Base Pair</i>
CEP	<i>Conformational Epitope Prediction</i>
CMV	Cytomegalovirus
GBFF	<i>GenBank FlatFile Format</i>
HA	Hemagglutinin
HMM	<i>Hidden Markov Model</i>
HPAI	<i>Highly Pathogenic Avian Influenza</i>
M2	Matrik 2
MHC	<i>Major Histocompatibilty Complex</i>
MCS	<i>Multiple Cloning Site</i>
NA	Neuraminidase
SMM	<i>Stabilized Matrix Method</i>

Lampiran 16. Bagan Kerja Penelitian

